Universidad Complutense de Madrid
Facultad de Informática
Aprendizaje Automático y Big Data

Memoria Proyecto Final: Indicadores Personales de Problemas Cardiovasculares

Profesor:
- Alberto Díaz Esteban.

Alumnos:
- Marina de la Cruz López.
- Diego Alejandro Rodríguez Pereira.

Tabla de Contenidos

Introducción

El objetivo de este proyecto es la predicción temprana de enfermedades cardiovasculares mediante factores personales obtenidos con una serie de preguntas básicas y sencillas en forma de cuestionario.

Las enfermedades cardiovasculares es una de las mayores causas de muertes. En Estados Unidos, donde ha sido realizada la encuesta, la mitad de la población tiene al menos uno de los tres factores claves de riesgo cardiovascular: alta presión arterial, alto colesterol y fumar. Otros factores principales incluyen: diabetes, obesidad, no hacer ejercicio y tomar mucho alcohol. Por lo que detectar y prevenir los factores que tienen un mayor impacto en enfermedades cardiovasculares es importante para la salud pública.

La información utilizada en este proyecto se ha obtenido originalmente de una encuesta realizada por la CDC con el Behavioral Risk Factor Surveliance System (BRFSS), la cual realiza una encuesta telefónica anual para recabar datos personales de los residentes de EE.UU. Este sistema de encuestas de salud es el mayor realizado en el mundo, obteniendo en 2020 resultados de alrededor de 400.000 personas junto con 279 variables, que corresponde a las preguntas realizadas. Esta cantidad de datos se redujo a 319.796 personas y unas 18 variables, las cuales se consideraron más relevantes.

Personal Key Indicators of Heart Disease | Kaggle

Descripción de las variables.

El dataframe consiste en 18 columnas y un total de 319.796 filas, donde cada variable es un dato del paciente. Dentro de las 18 columnas tenemos como información, por un lado, la variable de salida, que es si el paciente ha tenido o no una enfermedad cardiovascular, que se llama: “HeartDisease” y es una variable binaria “yes” “no” (1,0).

Por otro lado, tenemos las variables de entrada que nuestro algoritmo usará para realizar la predicción:

Tabla 1. Variables del dataset

Nombre	Tipo	Rango	Descripción
BMI	Numérica continua	12.02 - 94.85	Representa el valor de BMI de la persona.
Smoking	Categórica	“yes”, “no” (1,0)	Representa si la persona ha fumado más de 100 cigarrillos (5 paquetes) durante su vida.
AlcoholDrinking	Categórica	“yes”, “no” (1,0)	Representa si la persona toma alcohol en exceso. Hombres más de 14 copas a la semana y en mujeres más de 7.
Stroke	Categórica	“yes”, “no” (1,0)	Representa si la persona ha tenido un accidente cerebrovascular.

PhysicalHealth	Numérica discreta	0- 30	Define cuántos días de los últimos 30 ha tenido la persona una enfermedad física o una herida.
MentalHealth	Numérica discreta	0- 30	Define cuántos días de los últimos 30 considera la persona que su salud mental fue mala.
DiffWalking	Categórica	“yes”, “no” (1,0)	Representa si la persona tiene dificultades severas al andar o subir escaleras.
Sex	Categórica	“Female”, “Male”	Sexo biológico de la persona, masculino o femenino.
AgeCategory	Categórica de rango	'18-24', '25-29' '30-34', '35-39' '40-44', '45-49' '50-54', '55-59' '60-64', '65-69', '70-74' '75-79', '80 or older'	Rango de edad en el que se encuentra la persona dentro de los 14 niveles mostrados previamente.
Race	Categórica	'American Indian/Alaskan Native', 'Asian' 'Black', 'Hispanic', 'Other,' 'White'	Raza de la persona.
Diabetic	Categórica	'No' 'No, borderline diabetes' 'Yes' 'Yes (during pregnancy)'	Representa si alguna vez le han dicho a la persona que tenía diabetes.
PhysicalActivity	Categórica	“yes” “no” (1,0)	Representa si la persona ha realizado ejercicio (fuera de su trabajo) en los últimos 30 días.
GenHealth	Categórica	'Excellent' 'Fair' 'Good' 'Poor' 'Very good'	Representa la percepción personal de cada una de las personas sobre cómo describiría su salud general.
SleepTime	Numérica continua	1 - 24	Cantidad de horas de sueño en un periodo de 24 horas

Asthma	Categórica	“yes” “no” (1,0)	Representa si alguna vez le han dicho a la persona que tenía asma.
KidneyDisease	Categórica	“yes” “no” (1,0)	Representa si alguna vez le han dicho a la persona que tenía una enfermedad de riñones sin incluir cálculos renales, infección de la vejiga o incontinencia.
SkinCancer	Categórica	“yes” “no” (1,0)	Representa si alguna vez le han dicho a la persona que tenía cáncer de piel.

Preprocesamiento

Adecuación de las variables para su uso en los algoritmos.

Lo primero que se ha realizado en el procesamiento es comprobar y eliminar cualquier fila que contuviese un valor nulo, es decir, un ‘nan’. Para esta operación se puede realizar una llamada a la función dropna() sobre el dataframe. No obstante, debido a que el dataframe utilizado ha sido previamente limpiado, es decir, se han eliminado los pacientes (filas) que tuviesen algún valor nulo, entonces la operación no ha tenido efecto sobre el dataframe.

De la tabla anterior, se puede observar que la mayoría de las variables con las que se trabaja en el proyecto son categóricas. A su vez, gran parte de los valores de estas variables son binarias, del estilo de sí o no. Por lo que, para este dataset se ha decidido transformar estos valores para que puedan funcionar en los algoritmos que se van a ejecutar. Para esto se ha transformado simplemente de los valores, de yes a 1 y de no a 0, es decir, “yes”: 1 “no”:0. Esto también ocurre para el parámetro “Sex”, ya que esta columna solo contiene dos valores, lo cuales son “female” y “male”, los lo que estos valores se pueden transformar en: “female”: 1, “male”:0.

En el caso de la variable “GenHealth”, la cual indica la salud general de la persona, también es una variable categórica, pero que contiene 5 valores distintos: 'Excellent', 'Very good', 'Good', 'Fair', 'Poor'. A su vez, y como se puede observar en la tabla anterior, estos posibles valores de la variable tienen un orden entre ellos, el cual se debe de preservar. Es decir: 'Excellent' > 'Very good' > 'Good' > 'Fair' > 'Poor'. Por lo que, al realizar la transformación de los valores de la variable, simplemente les vamos a dar valores de entre 0 y 4, dejando de esta manera el orden que existe de por sí entre las variables: 'Excellent': 4, 'Very good':3, 'Good':2, 'Fair':1, 'Poor':0.

En el caso de la variable “Race”, es al igual, una variable categórica la cual contiene 8 valores distintos, pero al contrario que en la variable “GenHealth”, no existe ningún tipo de orden entre ellos. Por lo que para hacer la transformación de esta variable hemos optado por la representación one-hot de los valores. Es decir, para cada una de las razas que aparecen

metemos una nueva columna donde el 0 representa no pertenecer a esa raza y el 1 que sí pertenece.

Para la variable “Diabetic” es un poco más difícil, ya que 3 de los 4 valores sí que se les podría asumir un orden: 'No' , 'No, borderline diabetes', 'Yes'; pero al último valor, que es: 'Yes (during pregnancy)', no se le puede otorgar un orden. Finalmente hemos optado por la representación one-hot, igual que en el caso anterior, porque incluso en los valores en los que sí se puede inferir un orden se necesitarían más datos para realmente poder ordenar a los individuos (ej.: HAB1c) y nos ha parecido más correcto no hacerlo.

La variable “AgeCategory” es una variable categórica nominal donde cada valor representa un rango de edades. Para transformar esta variable hemos generado un diccionario con valores del 0 al 12 que representan los valores de los rangos de edades y los hemos asignado a cada rango de menor a mayor.

Las variables que nos faltan por procesar son las variables numéricas, las cuales en este punto no tenemos que adecuar porque ya se encuentran de forma numérica.

Distribución de valores

La distribución de los valores numéricos los podemos ver en esta gráfica (Figura 1):

	BMI	PhysicalHealth	MentalHealth	SleepTime
count	319795.000000	319795.00000	319795.000000	319795.000000
mean	28.325399	3.37171	3.898366	7.097075
std	6.356100	7.95085	7.955235	1.436007
min	12.020000	0.00000	0.000000	1.000000
25%	24.030000	0.00000	0.000000	6.000000
50%	27.340000	0.00000	0.000000	7.000000
75%	31.420000	2.00000	3.000000	8.000000
max	94.850000	30.00000	30.000000	24.000000

Figura 1. Distribución de las variables numéricas

De esta gráfica podemos sacar bastante información. Por ejemplo, la media del BMI de los participantes es de 28.32, valor que se encuentra dentro del rango de lo que se considera sobrepeso. Más aún, es que el 50% de los datos se encuentra en 27.34, lo cual nos indica que los participantes del estudio en su gran mayoría se encuentran dentro de este rango de sobrepeso.

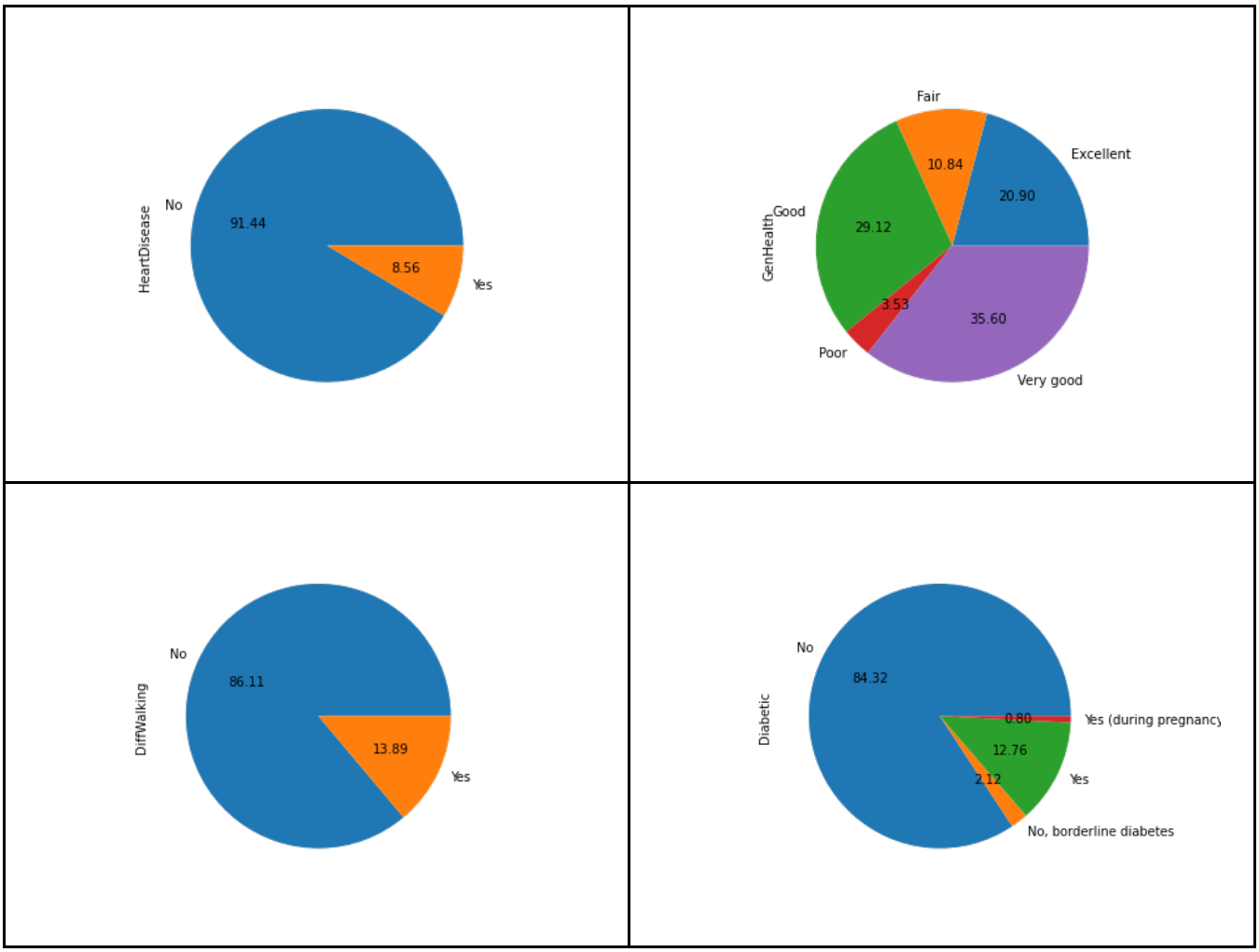
Para las variables de “PhysicalHealth” y “MentalHealth” observamos que la mayoría

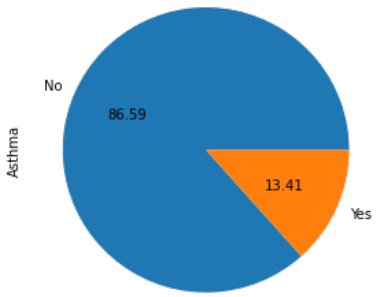
de los participantes no han tenido problemas físicos o mentales en los últimos 30 días pero que existen una pequeña cantidad de outliers que hace que el máximo para ambas variables sea de 30.

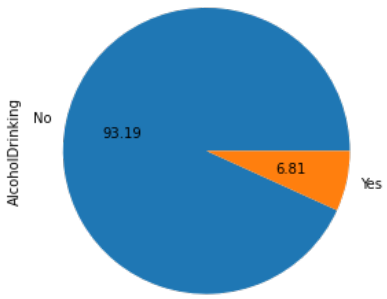
Lo mismo ocurre con las horas de sueño, el 50% se encuentra en 7 horas pero algún individuo del estudio respondió 24 poniendo el máximo a este valor.

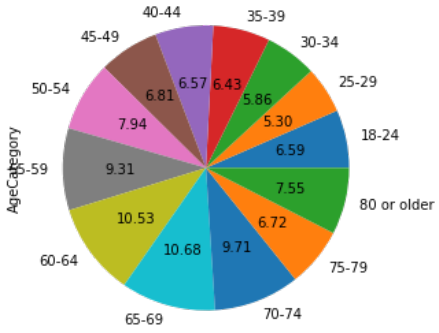
La distribución de las variables categóricas se puede observar en las siguientes gráficas:

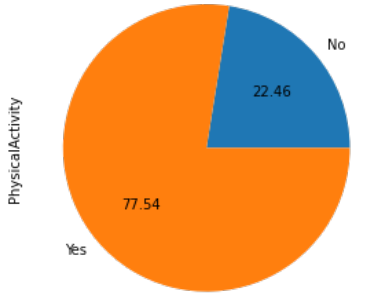
Tabla 2. Distribución de las variables categóricas

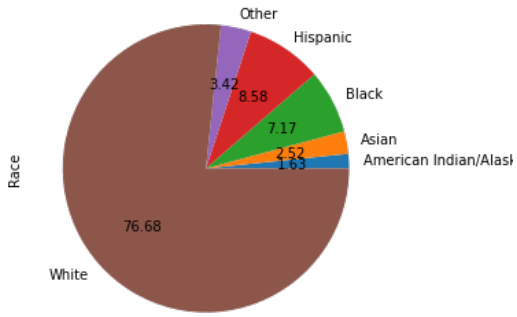


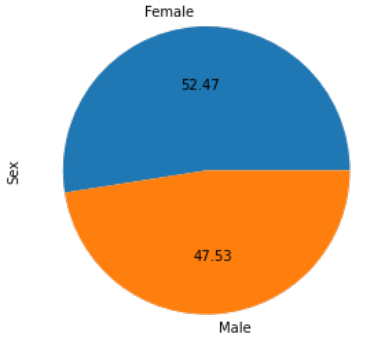

Asthma
No
86.59
13.41
Yes

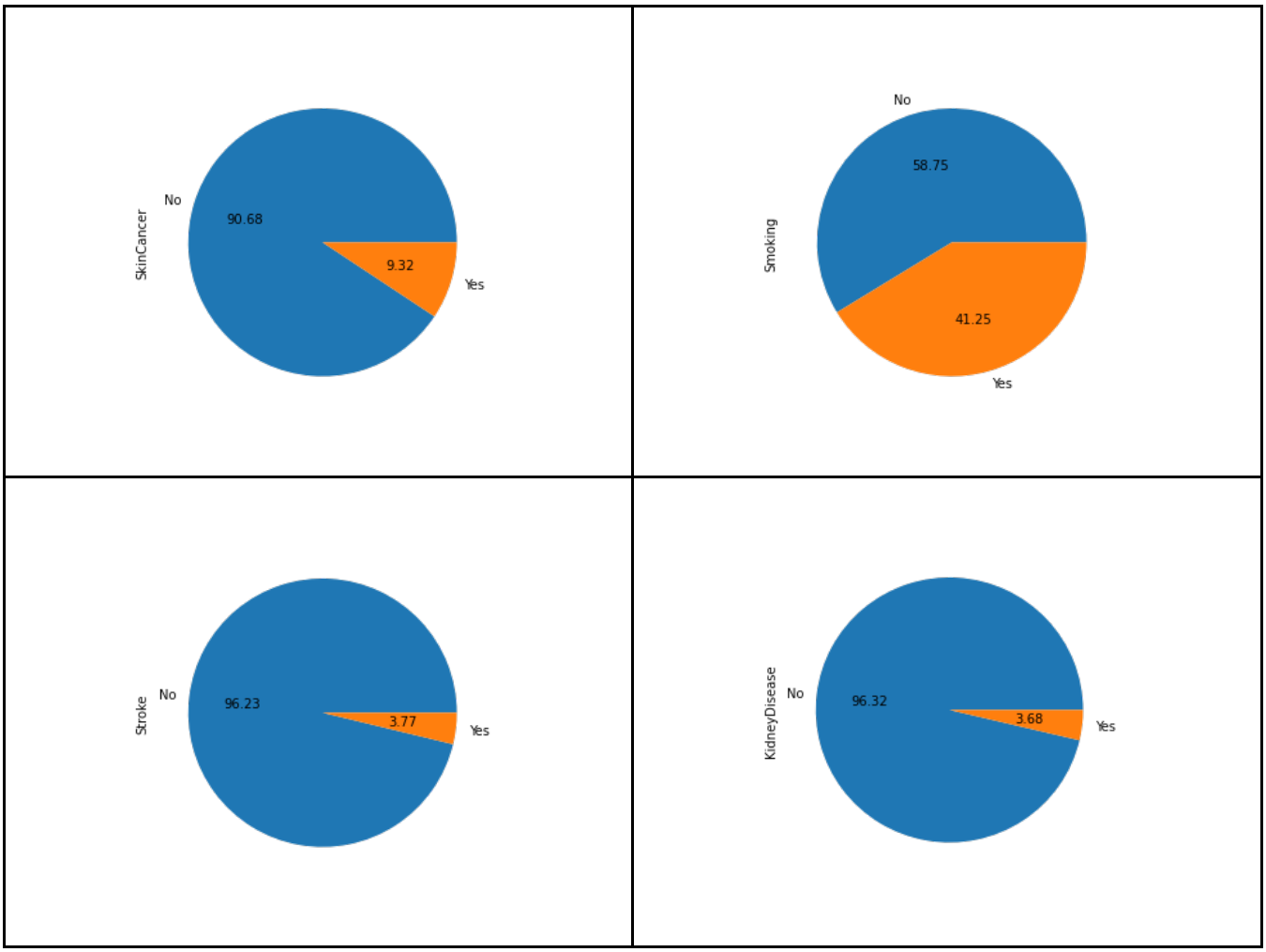

AlcoholDrinking
No
93.19
6.81
Yes


AgeCategory
40-44
35-39
45-49
30-34
50-54
25-29
6.57
6.43
6.81
5.86
7.94
5.30
18-24
6.59
55-59
9.31
7.55
80 or older
10.53
6.72
60-64
10.68
9.71
75-79
65-69
70-74


PhysicalActivity
No
22.46
77.54
Yes


Race
Other
Hispanic
3.42
8.58
Black
7.17
Asian
2.52
American Indian/Alasl
1.63
76.68
White


Sex
Female
52.47
47.53
Male



Vemos que para la mayoría de las variables la distribución no es 50-50, siendo la más equilibrada la del sexo. Las variables de salida, "HeartDisease" tiene una distribución muy desequilibrada, como resultado para hacer el entrenamiento de los datos vamos a tener que balancear los datos y usar otras métricas distintas del Accuracy para determinar lo bueno que es nuestro modelo.

Correlaciones.

Para poder visualizar las variables que tienen mayor relevancia, para luego elegir aquellas que se van a utilizar en nuestros algoritmos, miraremos las correlaciones entre cada par de variables. Estas correlaciones nos ayudarán y nos proporcionarán pistas acerca de qué variables son las mejores para realizar la predicción con nuestros modelos.

Por ejemplo, en este dataset podemos visualizar la correlación que existe entre la variable de salida "HeartDisease" con el resto de las variables del conjunto de datos, y seleccionar aquellas variables/columnas que estén más correlacionadas con la variable de salida.

A su vez, también podemos visualizar las correlaciones de entre todas las variables, y buscar aquellas variables cuya correlación es muy alta, lo que significaría que para la predicción de nuestro modelo no tendrán relevancia alguna utilizar ambas, sino que bastaría con utilizar una de ellas, por ejemplo, quedarnos con aquella que tenga una correlación un

poco mayor con la variable de salida y descartar la otra variable. En el caso de este dataset, esto ocurre con las variables “Diabetes” y “No_Diabetes”, ya que ambas variables determinan lo mismo, que una persona tenga o no diabetes, es decir, una variable podría ser deducida a través de la otra, por lo que una de estas variables puede ser descartada mientras que la otra variable se mantenga.

Para el cálculo de las correlaciones entre cada par de variables se ha utilizado el método “spearman”, el cual se puede obtener utilizando la función de la librería de Pandas: df.corr(method='spearman'). El método “spearman” ha sido escogido porque este no solo determina las correlaciones lineales de las variables, sino que también las correlaciones monótonas entre ellas, por lo que lo convierte en un método más potente que el método de “pearson” que es otro de los métodos disponibles para el cálculo de las correlaciones.

Para la visualización de las correlaciones hemos creado un gráfico de heatMap que se muestra en la siguiente figura:

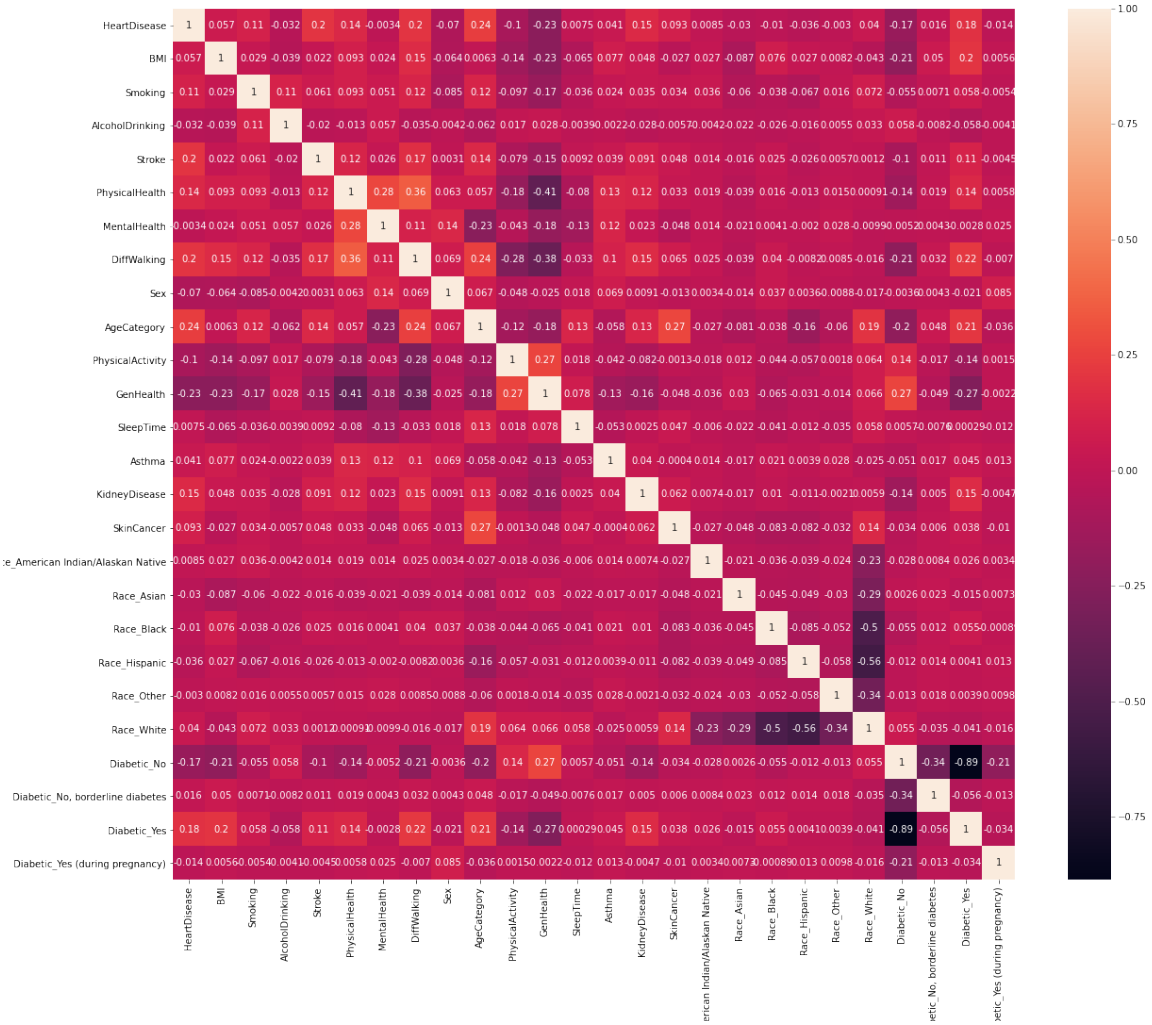


Figura 2. Gráfico de correlación

En este gráfico se puede observar que las correlaciones entre la mayoría de las variables del conjunto de datos son muy pequeñas.

Para un mejor entendimiento, si a partir de esta table de correlaciones sacamos únicamente aquellas variables que tienen una correlación cuyo valor es mayor a 0.5 entonces se obtendrían solamente 3 pares de variables que son las siguientes:

['Race_Black && Race_White: -0.5040402992221741',
'Race_Hispanic && Race_White: -0.5555711160223381' ,
'Diabetic_No && Diabetic_Yes: -0.886841227138652']

Estos tres pares de variables son las columnas que han sido obtenidas mediante la transformación one_hot, por lo que tiene sentido que sean estas variables las que estén más correlacionadas entre sí, debido a que originalmente pertenecían a la misma variable/columna. Por ejemplo, para las variables “Diabetic_No” y “Diabetic_Yes”, en la mayor parte de los casos, si un individuo no es diabético tendrá en la variable “Diabetic_No” un 1, y a su vez, en la variable “Diabetic_Yes” tendrá un 0, y viceversa, porque a pesar de que existen otras dos categorías, que son “Diabetic_No, bordeline diabetes” y “Diabetic_Yes (during pregnancy)” son clases minoritarias de la variable original.

Si continuamos, y limitamos el valor de la correlación entre variables a 0.4 en valor absoluto obtenemos adicionalmente a las anteriores par de variables, un cuarto par que sería 'PhysicalHealth && GenHealth' con una correlación de -0.41.

['PhysicalHealth && GenHealth: -0.40792639880573317'
'Race_Black && Race_White: -0.5040402992221741',
'Race_Hispanic && Race_White: -0.5555711160223381' ,
'Diabetic_No && Diabetic_Yes: -0.886841227138652']

En el caso de “PhysicalHealth” y “GenHealth”, a pesar de que no provienen de una transformación de one_hot, tienen mucha similitud entre sí, ya que la salud general (“GenHealth”) está muy correlacionada al esfuerzo físico que realice la persona (“PhysicalHealth”). Por lo que una persona que realice mucho ejercicio seguramente tenga una salud general buena, como a su vez, una persona que realice poco ejercicio es propensa a tener una salud general peor. Por esta razón es que existe una cierta relación entre este par de variables.

En general lo que podemos obtener de este estudio es que las variables de entrada de este dataset no se encuentran prácticamente correlacionadas entre sí excepto por algunos casos donde se ha producido la transformación one_hot o en el caso de PhysicalHealth && GenHealth donde ambas están relacionadas con la salud de la persona (física o general).

Correlaciones con la variable de salida

Una vez realizado la correlación entre cada par de variables, vamos a observar cuál es la correlación lineal de las variables de entrada con la variable de salida. Esto nos puede ayudar y nos puede dar una pista acerca de qué variables son más relevantes y cuáles escoger para realizar la predicción con los algoritmos y también nos puede indicar si la predicción va a ser sencilla o no de realizar.

El heatMap con todas las variables frente a la de salida es:

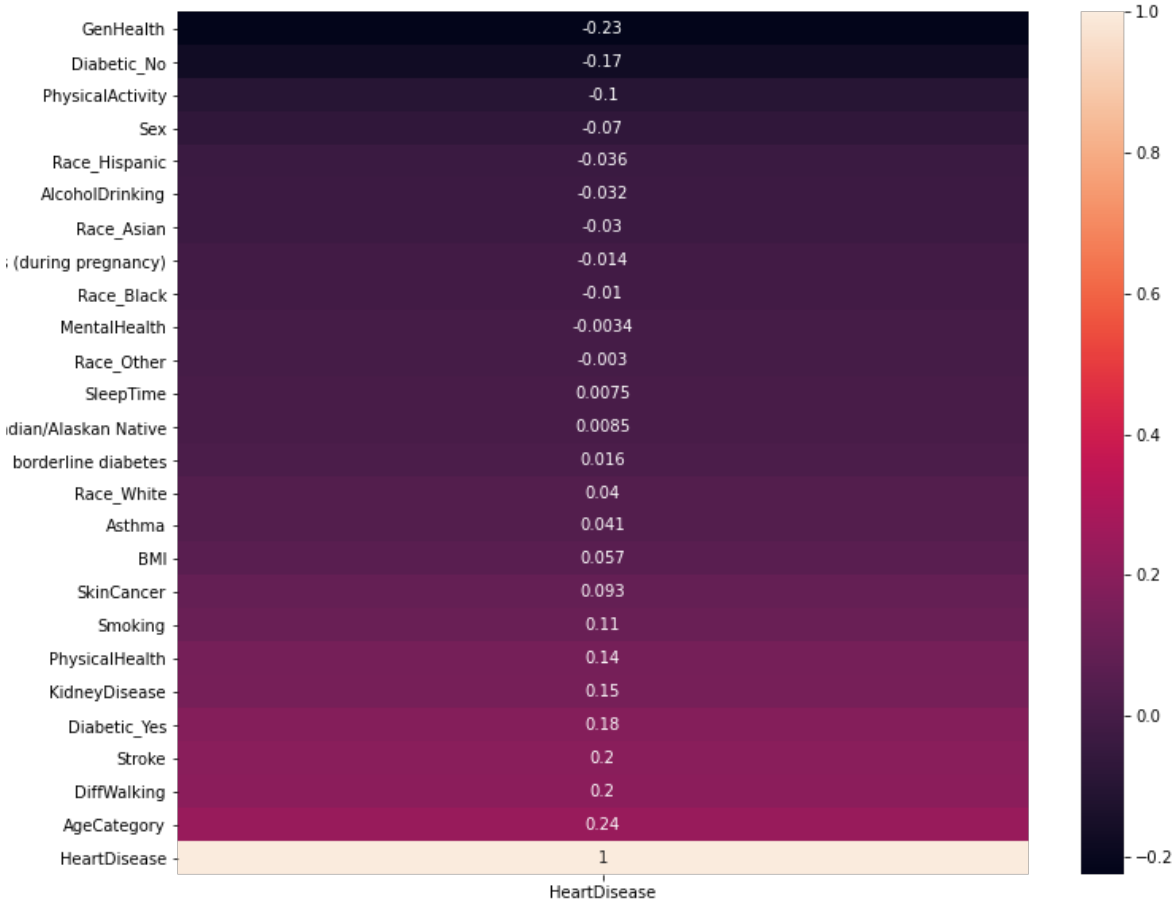


Figura 3. HeatMap de la correlación respecto a la variable de salida

En la gráfica se puede observar que la correlación lineal de las variables frente a la de salida es muy baja, siendo la variable con mayor correlación un 0.24. Debido a esto parece que hacer una selección de variables no nos va a ser de mucha ayuda porque no existe ningún subconjunto de variables que sean mucho mejores para realizar la predicción que otro. No obstante, podemos probar a usar sólo aquellas cuya correlación sea mayor que 0.1 en valor absoluto, obteniendo así:

GenHealth	-0.225173
Diabetic_No	-0.170977
PhysicalActivity	-0.100030
Smoking	0.107764
PhysicalHealth	0.143064
KidneyDisease	0.145197
Diabetic_Yes	0.183072
Stroke	0.196835
DiffWalking	0.201258

AgeCategory 0.239298

Obtenemos así un subconjunto de 10 variables de las 26 originales. Luego podemos comparar los valores obtenidos en la predicción y los tiempos de ejecución del algoritmo.

Eliminación de outliers

Nuestro dataset se encuentra muy disperso y esto hace que la eliminación de los outliers sea difícil porque hay muchos valores que eliminar. Hemos probado a quitar los outliers usando la técnica del rango interquartil (IQR) donde eliminamos todos aquellos valores que se separen 1.5 veces por arriba del tercer quartil o 1.5 veces del primer cuartil. Esto se ha realizado para todas las columnas numéricas. El resultado es que reducimos la cantidad de personas con HeartDisease a casi la mitad, No: 292422 - Yes: 27373 a No: 215159 - Yes: 15861.

Normalizado de los datos

Dado que nuestros datos tienen rangos distintos, algunos se encuentran entre 0 y 30, otros entre 0 y 1, previamente a la ejecución de los algoritmos vamos a realizar un escalado de los datos. Para ello hacemos uso de StandardScaler() el cual realiza esta fórmula de transformación: X - mean(X) / std_dev(X), que es la que hemos visto en clase para escalar datos.

Balanceado de datos

Finalmente, previamente a ejecutar los algoritmos, hemos realizado un balanceado de nuestros datos, ya que cómo hemos visto previamente la cantidad de valores de salida que tienen “HeartDisease” a 1 son mucho menores que los que están a 0 (proporción: No: 91% Yes: 8%)

Como tenemos una gran cantidad de datos podemos hacer el balanceo mediante: Underbalancing, nos quedamos con todos los datos de la clase minoritaria y un subconjunto de la misma cantidad de datos de la clase mayoritaria, hay varias técnicas está la forma aleatoria que elige los datos de forma aleatoria y el NearMiss que realiza el balanceado quedándose con los valores de que clase mayoritaria que más se alejan de los de la clase minoritaria.
El resultado del Underbalancing será un dataset con un total de 54746 datos de entrada balanceado al 50% ([27373, 27373]).

Overbalancing, en este caso lo que obtenemos al final es un dataset con todos los datos de la clase mayoritaria y datos extra generados de forma sintética de la clase minoritaria. Se puede hacer de varias formas, por ejemplo, duplicando datos, o con el método

SMOTE. En este método los ejemplos sintéticos se crean haciendo medias con otros ejemplos de la clase que existen en el propio dataset.
El resultado de hacer Overbalancing en nuestro dataset será un dataset con un total de 584844 datos de entrada balanceado al 50% ([292422, 292422]).
Ya que tenemos bastantes datos de entrada para nuestro algoritmo consideramos que haciendo un Underbalancing de los datos no vamos a perder información en exceso y obtenemos un subconjunto para no usar todos los datos, que son muchos.

División training, validación y test.

Hemos realizado una división en training, validación y test para realizar las ejecuciones de nuestros algoritmos. Dado que tenemos bastantes datos de entrada hemos considerado que no hace falta realizar k-fold validación cruzada, que además nos añade tiempo de ejecución. La división será 60% training, 20% validación y 20% test, la hemos realizado usando *train_test_split* dos veces con stratify para la variable de salida para mantener la proporción original del dataframe. En los datos en entrenamiento hacemos el balanceado de datos, mientras que para hacer la validación y el test usamos la distribución original de los datos, ya que es lo que se va a encontrar el algoritmo y por lo tanto para asignar los parámetros es lo más correcto.

El resultado para por ejemplo Underbalancing es:

Training (array([0., 1.]), array([16424, 16424], dtype=int64))
Validación: (array([0., 1.]), array([58484, 5475], dtype=int64))
Test: (array([0., 1.]), array([58485, 5474], dtype=int64))

Función de coste.

Como estamos tratando de predecir, a partir de unos datos obtenidos mediante encuestas de salud, si las personas van a padecer de problemas cardiovasculares o no, entonces, para la elección de nuestra función de coste primero debemos plantearnos qué es lo que queremos medir. Lo más importante es el poder reconocer personas que puedan padecer problemas cardiovasculares, es decir, cuán cierto es que van a tener problemas vasculares todas aquellas personas que los tienen, mientras que la precisión en la predicción no es tan importante. Ya que si predecimos que una persona va a tener problemas vasculares y luego resulta que la persona no los tiene, entonces lo único que puede suceder es que la persona tendrá un aviso para hacerse pruebas médicas para comprobar la predicción y comprobar su estado de salud a nivel médico, ya que el conjunto de datos proviene puramente de respuestas de una encuesta, pero no es información médica precisa de la persona.

Dado que la precisión y el recall suelen ser medidas opuestas para testear lo bueno que es nuestro algoritmo en validación y test usaremos el valor de recall de la clase 1 (aquella que predice que la persona va a tener problemas cardiovasculares.)

Regresión logística no regularizada.

Una vez tenemos los datos preparados ya podemos hacer la regresión logística sobre el dataframe. Ya que nuestra variable de salida solo tiene 2 valores 0 y 1 podemos usar regresión logística normal mediante la función *opt.fmin_tnc* a la cual le hemos pasado nuestra función de coste y gradiente programadas en prácticas anteriores.

Los primeros tests los vamos a realizar con el término de regularización a 0 (lmb=0), con esto lo que vamos a tratar de visualizar es si el dataset con las variables dadas tiende al sobreajuste, para ello visualizamos la curva de aprendizaje donde en el eje Y tenemos el valor del recall del modelo y en el eje X cantidad de datos de entrenamiento.
Los datos de entrenamiento empiezan en 10 y se van sumando de 1000 en 1000. Ya que los datos devueltos del *RandomUnderSampler* se encuentran ordenados vamos a hacer un shuffle previo de la matriz X de training y la salida Y (con el mismo orden).

El resultado obtenido en las curvas de aprendizaje para lambda= 0 es.

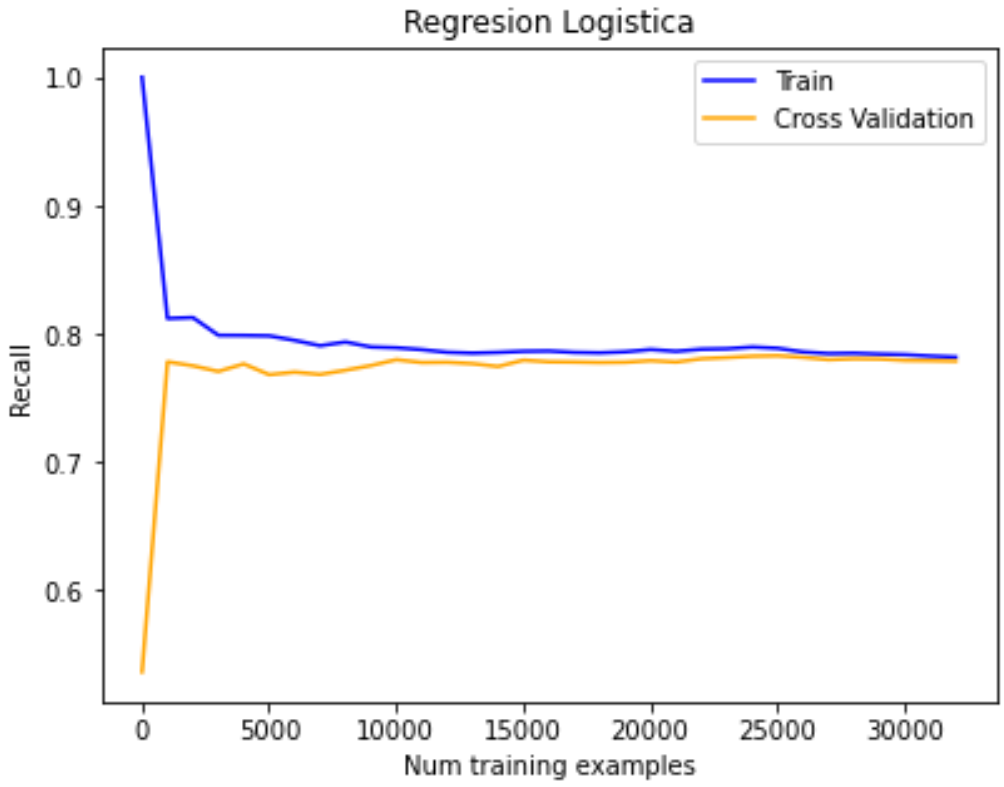


Figura 4. Curva de aprendizaje para lambda = 0

Es decir, no parece que el dataset tienda a sobreaprender, especialmente con la cantidad total de ejemplos de entrenamiento considerados.

Para comprobar esto vamos a generar las PolynomialFeatures de las 26 variables hasta el grado 3, dándonos en total 3276 variables, para lambda= 0 generamos la curva de aprendizaje con el recall frente a la cantidad de ejemplos. El resultado en el siguiente:

Figura 5. Curva de aprendizaje para polinomio de grado 3

Observamos que, aunque las curvas se separan un poco más que para el caso donde solo tenemos las 26 variables la diferencia no es muy grande, considerando la cantidad de variables que estamos introduciendo, 3276, la diferencia en el valor del Recall para entrenamiento y validación es de alrededor de un 3%.

El recall en test para todos los ejemplos de entrenamiento es:

```
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.97      0.73      0.84     58485
          si       0.21      0.77      0.33      5474

    accuracy                           0.74     63959
   macro avg       0.59      0.75      0.58     63959
weighted avg       0.91      0.74      0.79     63959

Recall para la clase 1: 0.7709170624771647
```

Regresión logística regularizada.

En este apartado vamos a explicar la implementación y mostrar resultados de la regresión logística regularizada.

En primer lugar, vamos a probar a ejecutar la regresión logística regularizada, con distintos valores para lambda.

Hemos ejecutado el algoritmo inicialmente con un rango muy amplio de lmb: lmb = [0.1,0.25, 0.5,0.75,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100,150,200] para ver qué valor es el mejor en validación y con todas las columnas del dataframe sin editar.

Esto nos va a dar una idea del valor de Recall que obtenemos con el dataframe tal cual y posteriormente podemos añadir o quitar variables.

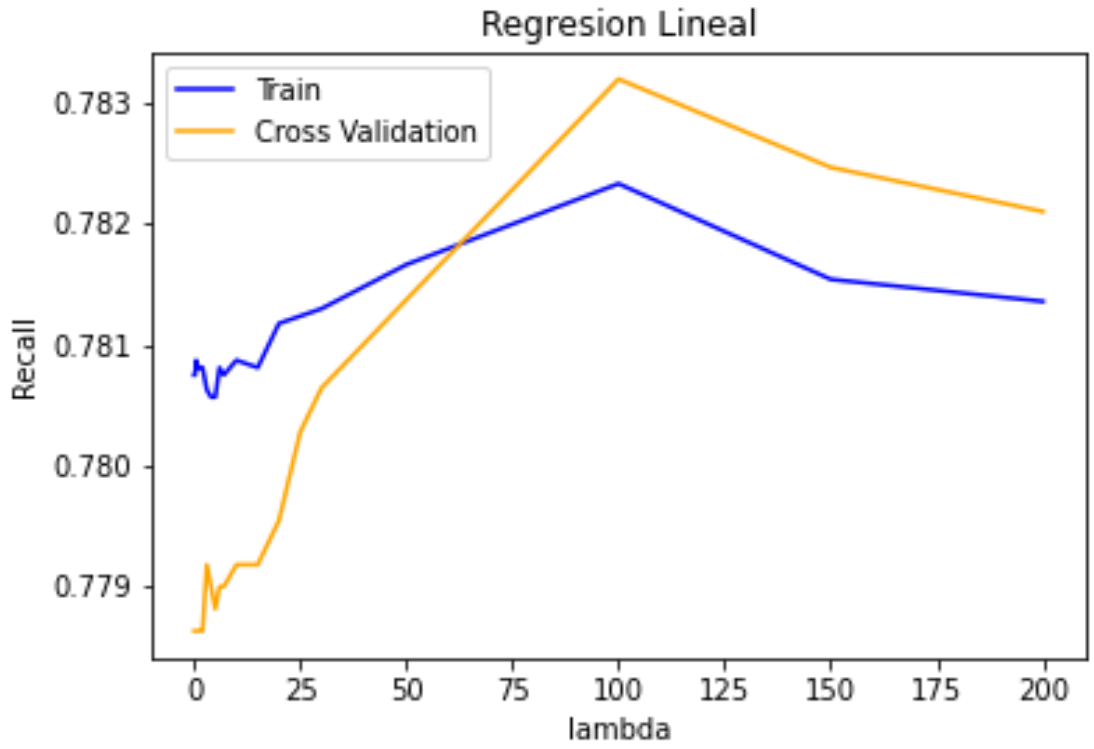


Figura 6. Recall respecto a lambda

Obtenemos que el mejor valor nos da para lambda: 100. Los resultados de la matriz de confusión son:

	precision	recall	f1-score	support
no	0.97	0.75	0.84	58485
si	0.22	0.78	0.35	5474
accuracy			0.75	63959
macro avg	0.60	0.76	0.59	63959
weighted avg	0.91	0.75	0.80	63959

```
Recall para la clase 1: 0.7776762879064669
```

Una vez sabemos el mejor valor para lambda vamos a intentar probar con valores más parecidos para ver si existe un valor mejor de entre los cercanos a 100.

Probamos con lmb = [50,60,70,80,90,95,100,105,110,120]

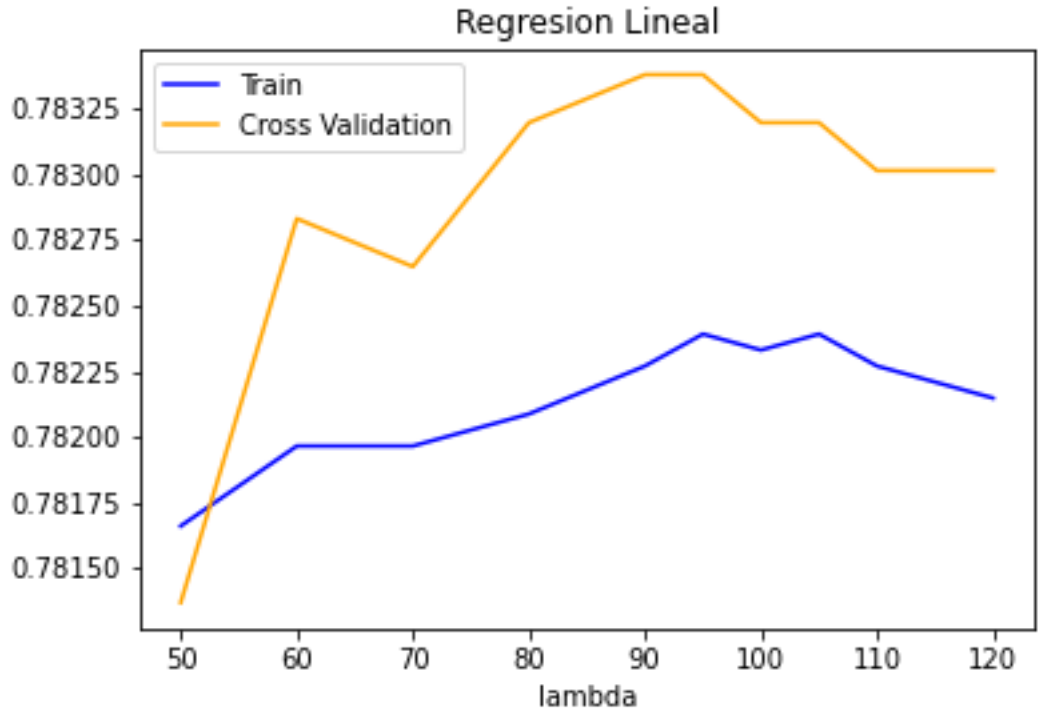


Figura 7. Conjunto de lambdas distinto

El mejor valor nos da para lambda= 90

```
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.97      0.75      0.84     58485
          si       0.22      0.78      0.35      5474

    accuracy                           0.75     63959
   macro avg       0.60      0.76      0.59     63959
weighted avg       0.91      0.75      0.80     63959

[[43589 14896]
 [ 1219  4255]]
Recall para la clase 1: 0.7773109243697479
```

Se puede observar en el gráfico que la diferencia de los valores de recall para las diferentes lambdas es bastante pequeña, alrededor de un 0.2%.

Overfitting del modelo añadiendo grados.

Una vez que tenemos estos resultados base vamos a realizar un overfitting de los parámetros, metiendo variables extra (elevadas a un número) y después hacemos la regularización normal.

Para las variables elevadas a 3 estamos tratando con 3277 variables en total, si ejecutamos el algoritmo con la lista de valores de lambda original obtenemos:

lmb = [0,0.1,0.25,0.5,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100,150,200]

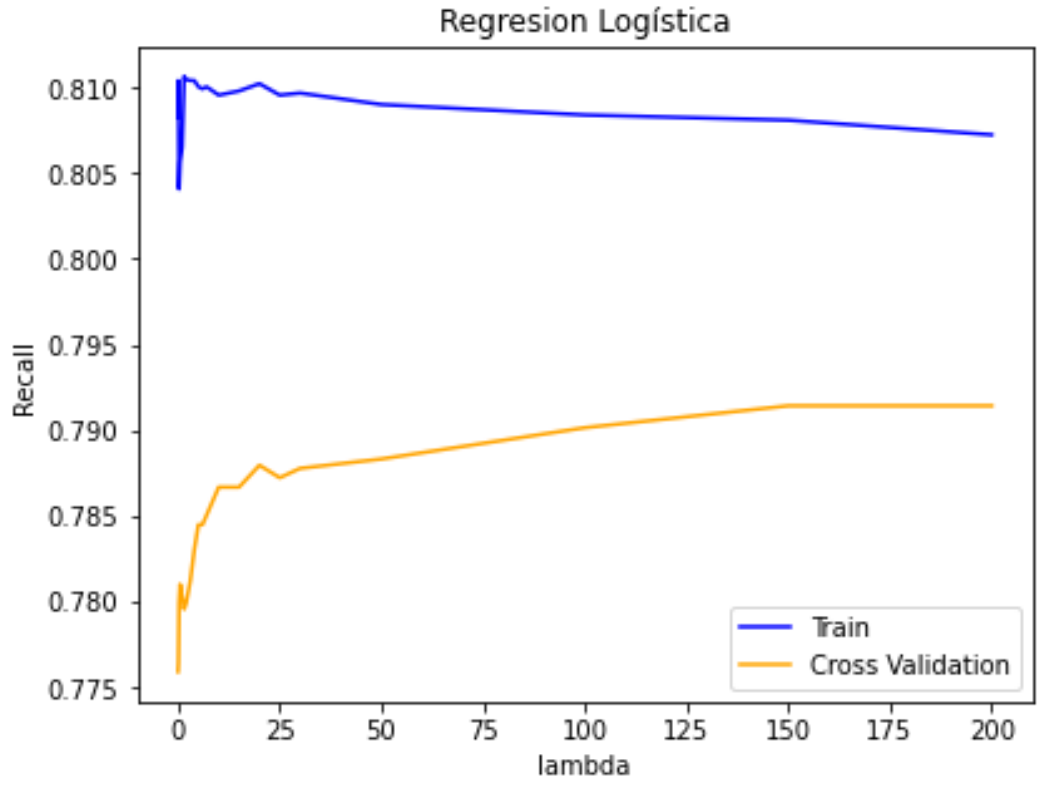


Figura 8. Overfitting del modelo

Donde en este caso el mejor valor nos da para lambda es lmb = 150.

```
Valores en test
Para lambda: 150
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.97      0.73      0.84     58485
          si       0.22      0.79      0.34      5474

    accuracy                           0.74     63959
   macro avg       0.60      0.76      0.59     63959
weighted avg       0.91      0.74      0.79     63959

[[42938 15547]
 [ 1165  4309]]
Recall para la clase 1: 0.7871757398611618
```

Vamos a probar ahora con valores de lambda cercanos a 150 para ajustar al mejor valor posible.
lmb = [145,150,155,160]

Obtenemos el mismo valor en validación para lambda 145, 150 y 155 que es el que mostramos antes

Variables Limitadas (10 variables con más correlación)

Vamos a considerar solo las 10 variables con mayor correlación entre ellas y la variable de salida para realizar la predicción. Si repetimos el proceso que realizamos en el dataset con todas las variables elevándose al cubo, para obtener un total de 286 variables, los resultados del Recall son:

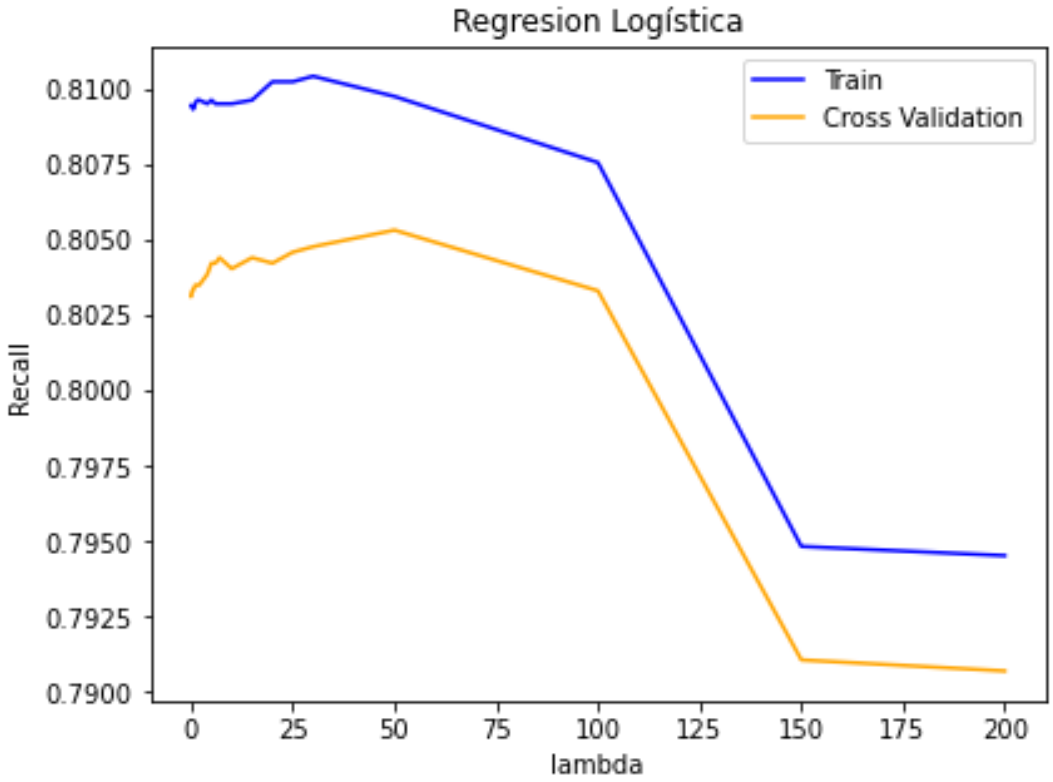


Figura 9. Usando variables limitadas

Con lambda = 50 la mejor en validación.

```
Valores en test
Para lambda: 50
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.97      0.70      0.82     58485
          si       0.20      0.80      0.32      5474

    accuracy                           0.71     63959
   macro avg       0.59      0.75      0.57     63959
weighted avg       0.91      0.71      0.77     63959

[[41163 17322]
 [ 1097  4377]]
Recall para la clase 1: 0.7995981001096091
```

Si probamos con valores cercanos para ajustar el resultado:

lmb = [40,45, 50,55,60,70]
Nos sigue dando que el mejor valor es lambda = 50

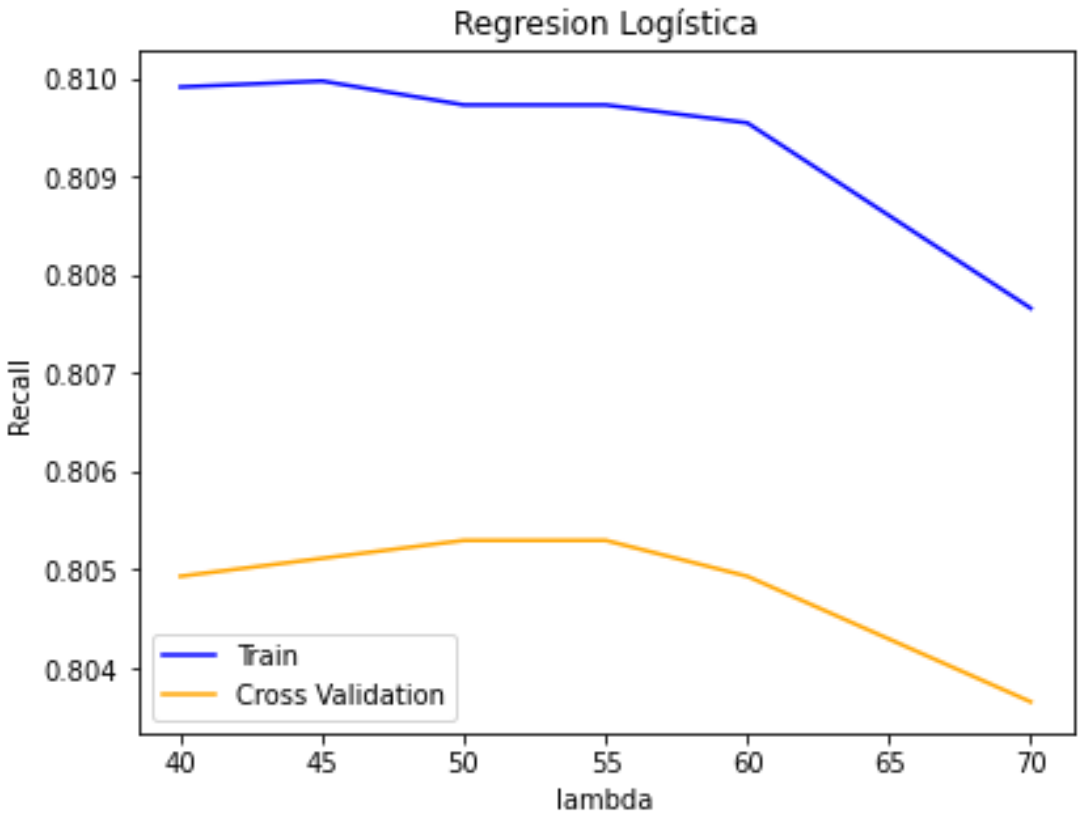


Figura 10. Distinto conjunto de lambdas

Es decir, los resultados obtenidos son ligeramente mejores (en un 0.9%) que cuando considerábamos todas las variables para entrenar nuestro algoritmo. Esto prueba que podemos usar el subset de 10 variables para realizar la predicción, porque funciona bastante similar.

Eliminación de outliers

Usando el dataset con los outliers eliminados y las variables elevadas al cubo obtenemos:

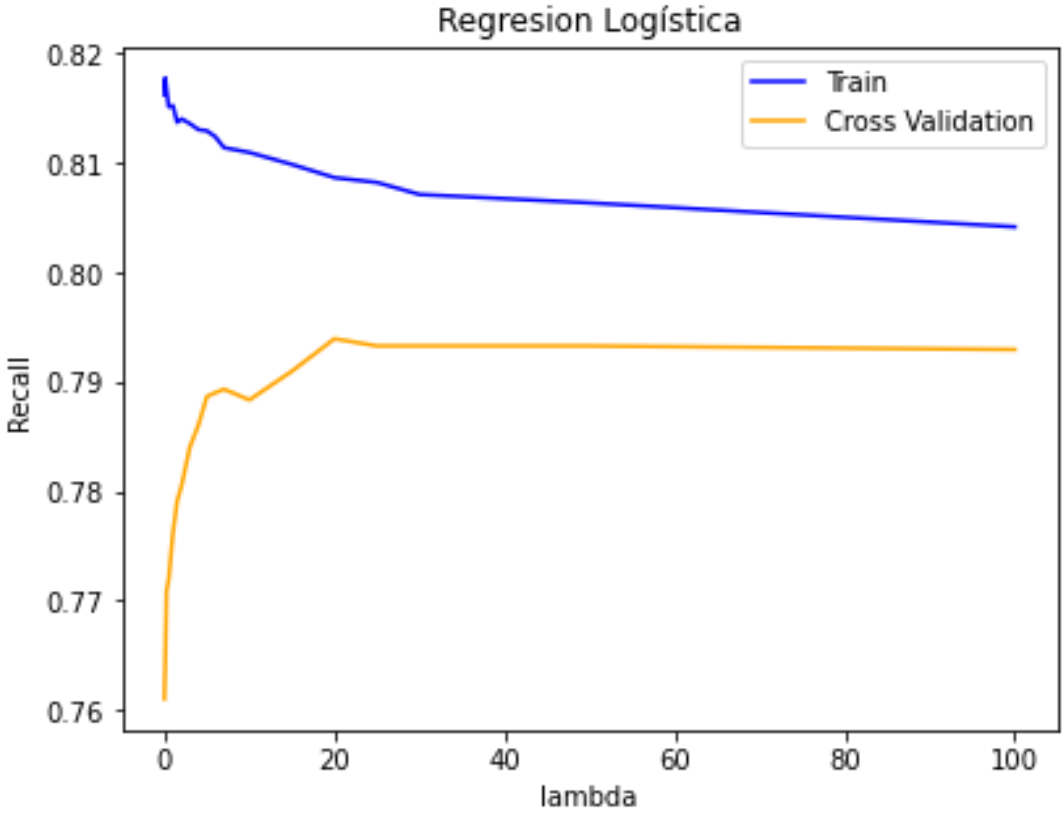


Figura 11. Eliminación de outliers

Para lmb = [0,0.1,0.25,0.5,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100] el mejor valor en validación lo obtenemos con lambda 20

```
Para lambda: 20
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.73      0.84     42105
          si       0.17      0.79      0.28      3039

    accuracy                           0.73     45144
   macro avg       0.58      0.76      0.56     45144
weighted avg       0.93      0.73      0.80     45144

[[30763 11342]
 [  652  2387]]
Recall para la clase 1: 0.7854557420204015
```

Eliminación de outliers y 10 variables

Resultados obtenidos de ejecutar regresión logística quitando los outliers y limitando las variables a las 10 más relevantes, dado que ha sido con lo que nos ha dado mejores

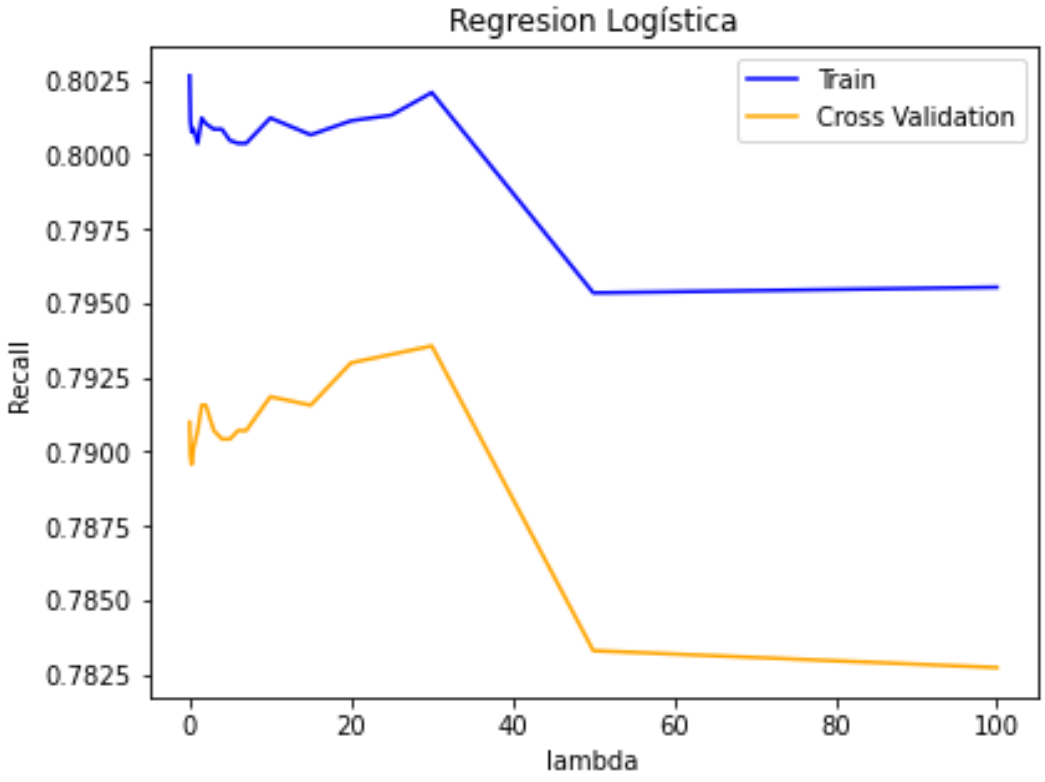
resultados previamente. La cantidad de variables es de 287 porque las elevamos al cubo como antes.
lmb = [0,0.1,0.25,0.5,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100]

```
Valores en test
Para lambda: 30
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.71      0.82     49503
          si       0.16      0.79      0.27      3506

    accuracy                           0.71     53009
   macro avg       0.57      0.75      0.54     53009
weighted avg       0.93      0.71      0.79     53009

[[35033 14470]
 [  728  2778]]
Recall para la clase 1: 0.7923559612093554
```



Nuevamente podemos observar que efectivamente el dataset con menos variables funciona ligeramente mejor, aunque la eliminación de outliers no parece mejorar el resultado.

Redes Neuronales

Usando el código ya programado en las prácticas anteriores lo hemos adecuado para que entrene la red con los datos de entrenamiento y posteriormente guarde el valor de la predicción del entrenamiento y la validación en una lista, para poder mostrarlos por pantalla. Se queda con los valores de Theta que dan mejores resultados en validación y los prueba en Test, estos son los resultados que luego muestra por pantalla.

Hemos probado primero a ejecutar la red con una cantidad elevada de neuronas en la capa intermedia para hacer overfitting de los datos. Posteriormente, hemos probado a realizar la predicción con varios valores del parámetro de regularización.

Overfitting

Hemos probado distintos valores para la cantidad de neuronas de la capa intermedia "l= [5,10,20,50,100,150,200,250 ,300,400, 500,600,700]". Para los valores bajos el Recall de la clase 1 para training y test son muy parecidos y empieza a empeorar ligeramente a partir de 250 neuronas, después de 250 a 700 no podemos observar visualmente que cambie mucho, por lo que hemos elegido ese valor para hacer las pruebas con los distintos valores de regularización.

Los resultados se obtienen realizando un incremento de los datos de 5000 en 5000, empezando desde 10:

Gráfica para 10 Neuronas:

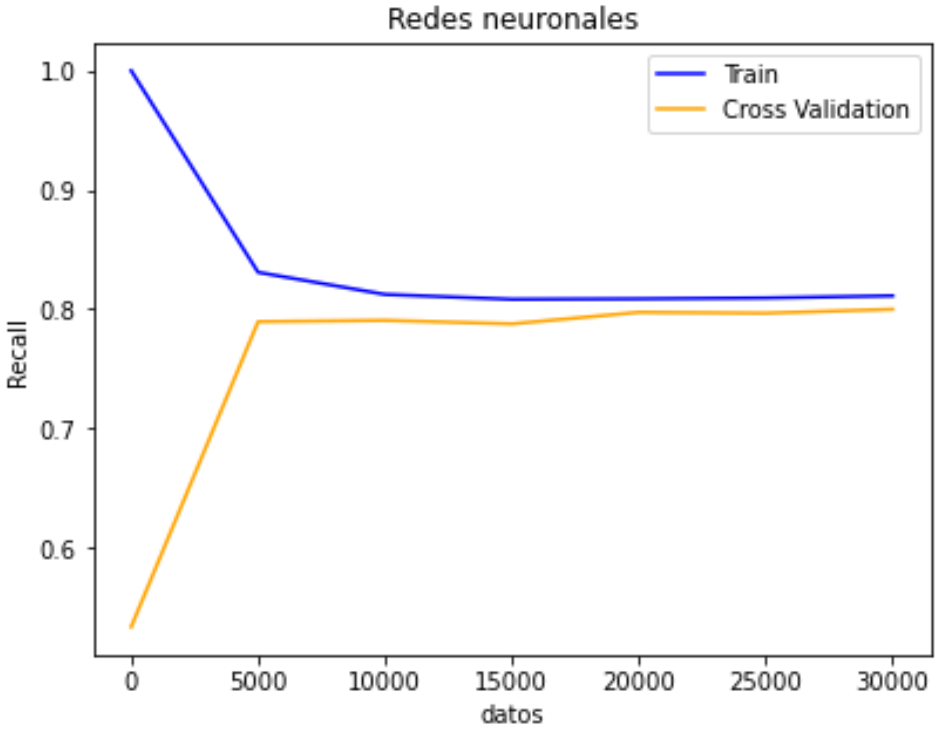


Figura 12. 10 neuronas

Gráfica para 50 Neuronas:

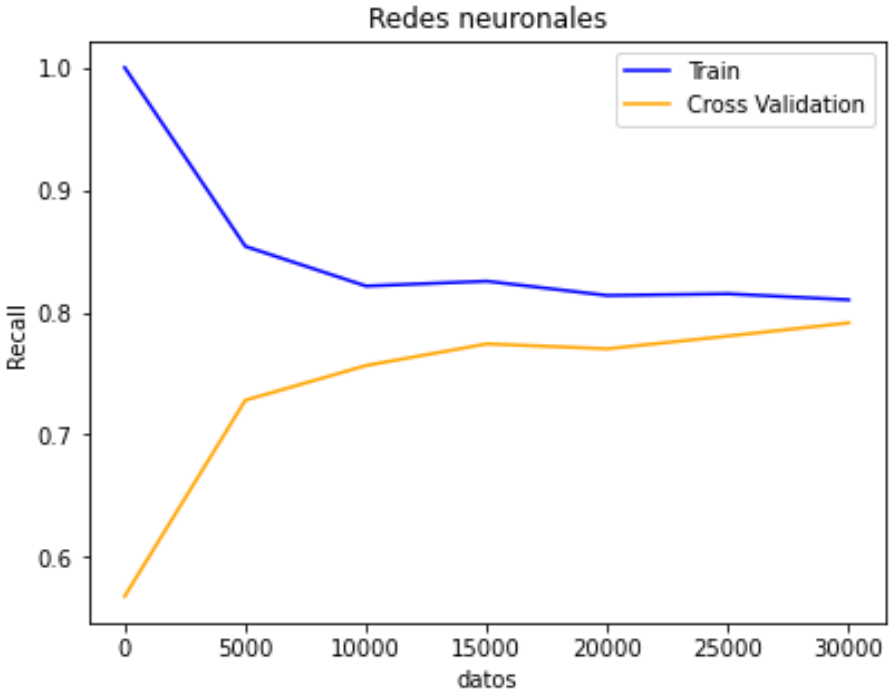


Figura 13. 50 neuronas

Gráfica para 250 Neuronas:

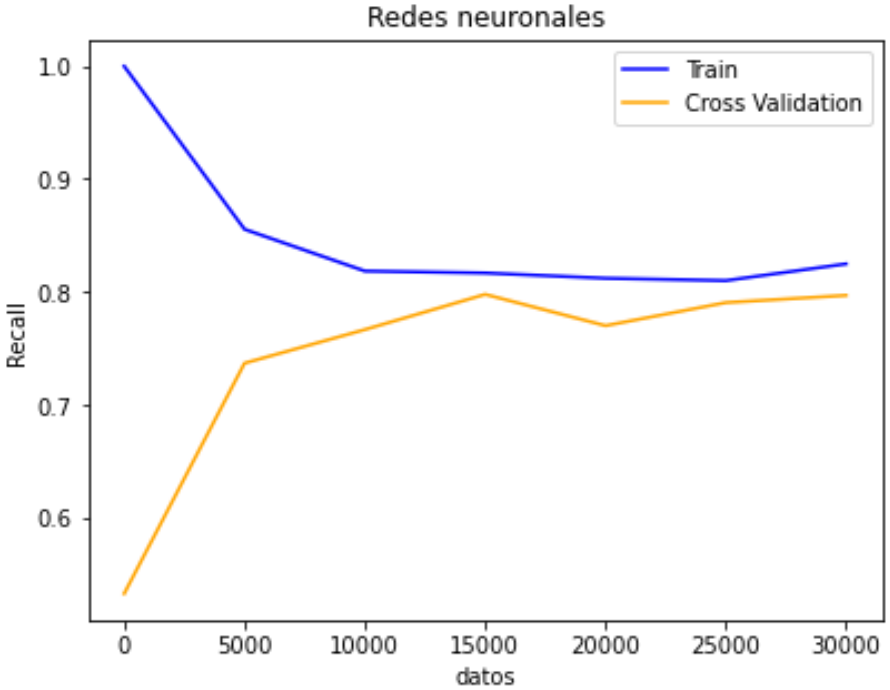


Figura 14. 250 neuronas

Gráfica para 700 Neuronas:

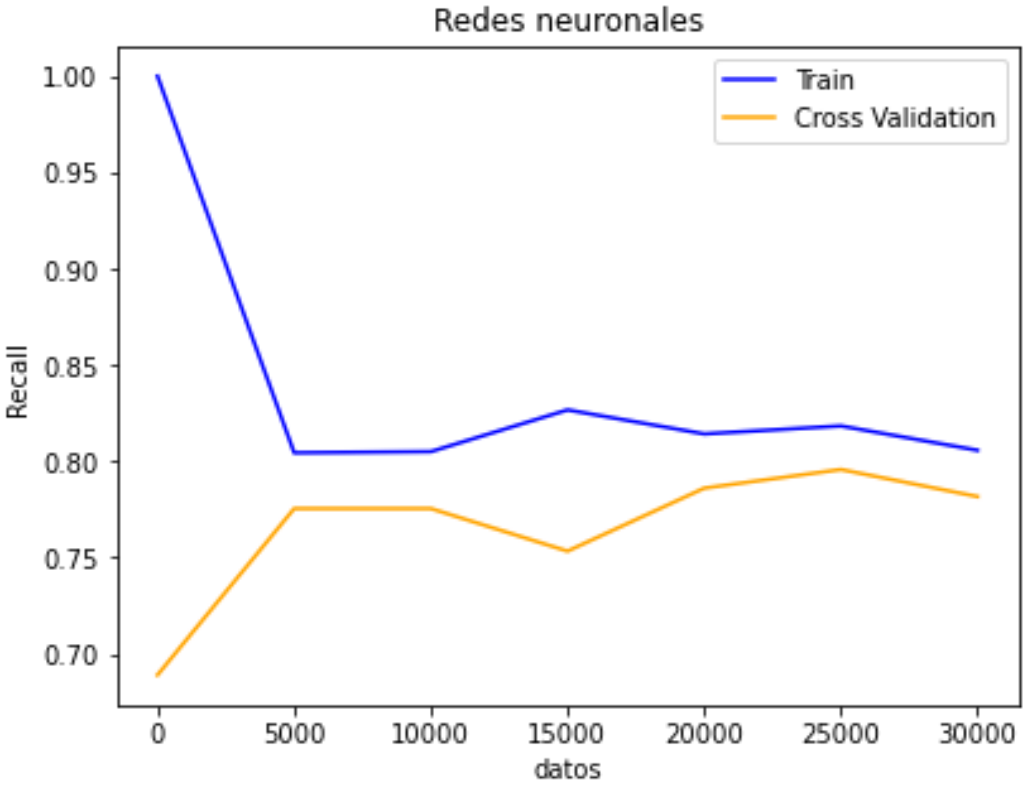


Figura 15. 700 neuronas

A partir de 250 neuronas no vemos que los valores en validación empeoren por lo que hemos decidido usar ese valor para hacer las predicciones.

Ahora entrenamos la red con distintos valores para lambda de entre: “lmb = [0,0.1,0.25,0.5,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100]” y obtenemos las mejores thetas en validación que nos dan los resultados `para el Test.

El mejor resultado que se ha obtenido usando 250 neuronas es para un valor de lambda igual a 1.5, como se puede observar en el siguiente resultado.

```
Best lambda value is: 1.5
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.73      0.83     58485
          si       0.22      0.80      0.34      5474

    accuracy                           0.73     63959
   macro avg       0.60      0.77      0.59     63959
weighted avg       0.91      0.73      0.79     63959


Recall de la Clase1: 0.8021556448666423
```

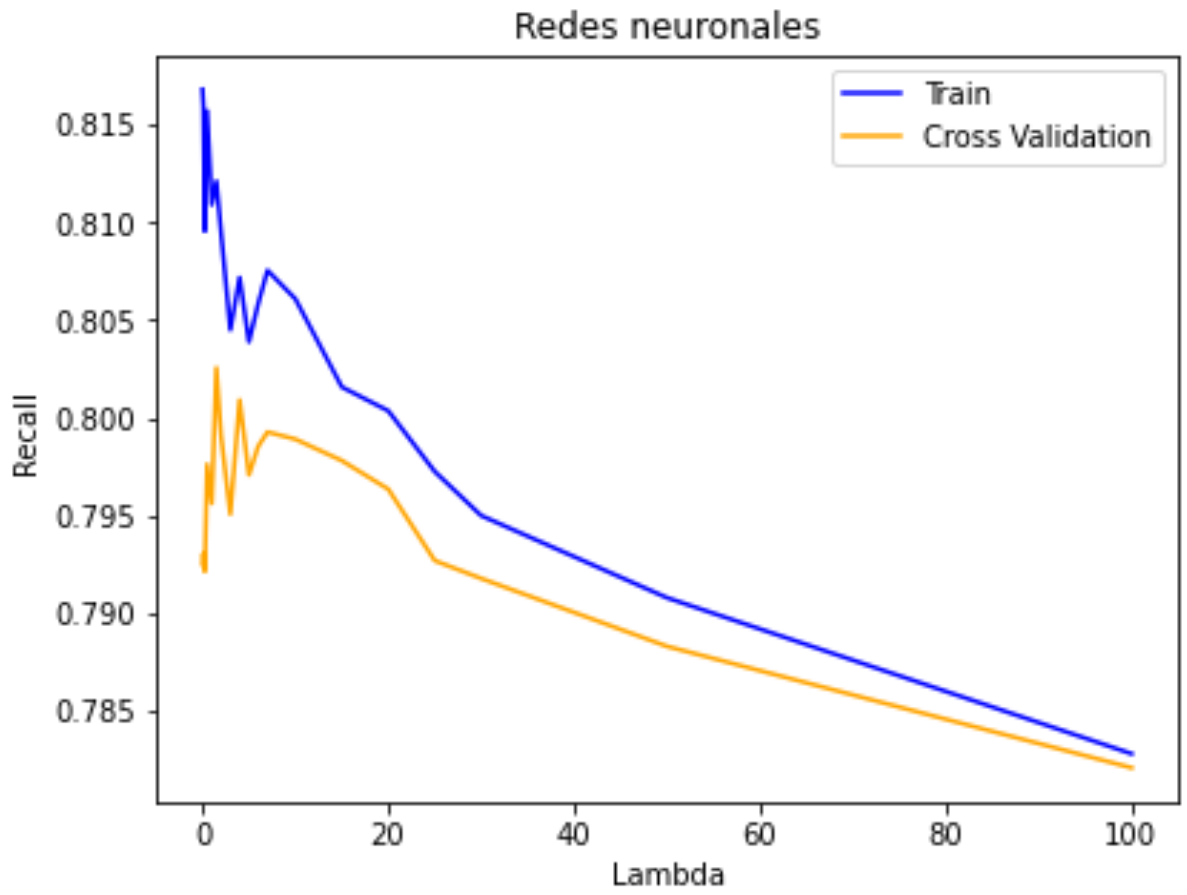


Figura 16. Curva de aprendizaje

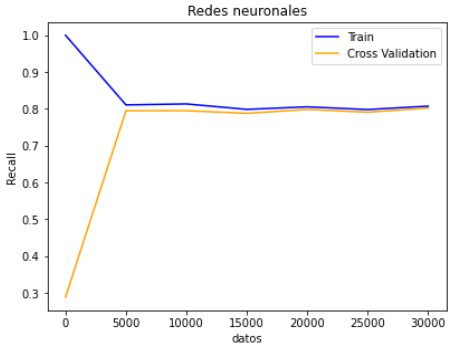
Esto se encuentra un poco por encima de los obtenido con Regresión Logística.

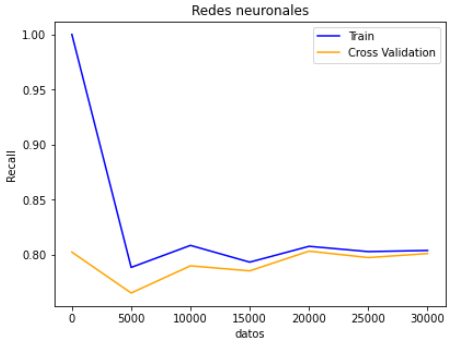
Dataset con 10 variables

Hemos realizado las pruebas que las redes neuronales también sobre el dataset que solo contiene a las 10 variables con correlación superior a 0.1.

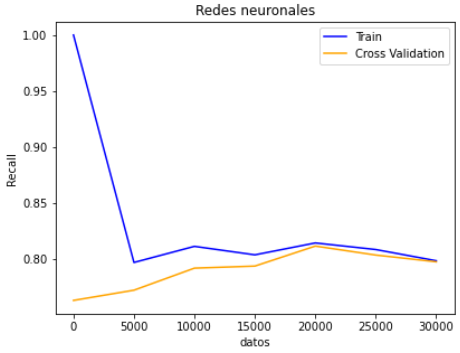
Número de neuronas utilizadas:
Vemos que ocurre lo mismo que cuando tenemos todas las variables, no realiza demasiado overfitting por la cantidad de datos. Por lo que hemos usado la red con 250 neuronas para sacar los resultados.

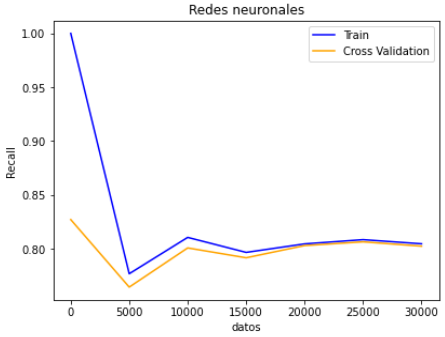
- 250 y 500





- 700 y 1000





Hemos probado distintos valores dentro de la lista de lambda: lmb = [0,0.1,0.25,0.5,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100] y nos ha dado como mejor valor en validación lmb = 6.

```
Best lambda value is: 6
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.97      0.69      0.81     58485
          si       0.20      0.80      0.32      5474

    accuracy                           0.70     63959
   macro avg       0.59      0.75      0.56     63959
weighted avg       0.91      0.70      0.77     63959
```

Recall de la Clase1: `0.8036170990135184`

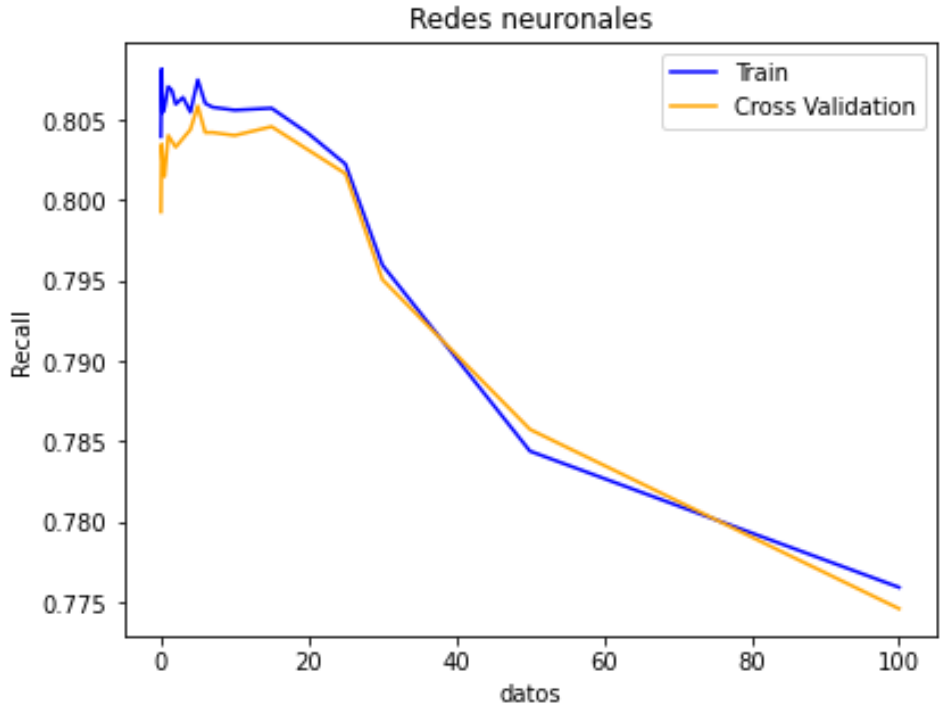


Figura 17

Eliminación de outliers

Resultados obtenidos con Redes Neuronales al eliminar aquellas filas que contenían outliers:

Gráfico para 150 neuronas:

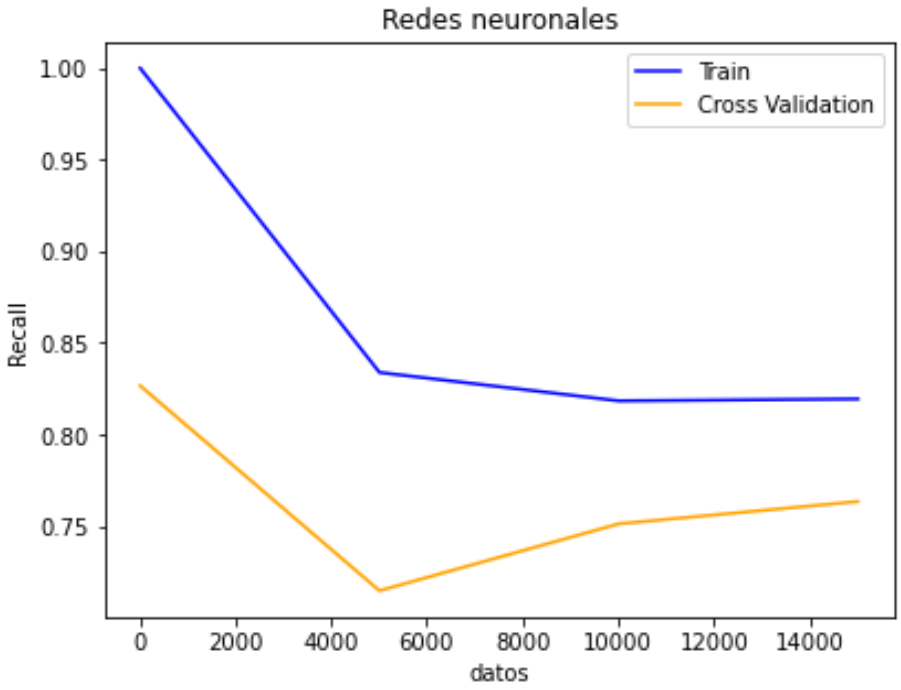


Figura 18. 150 neuronas

Gráfico para 250 neuronas:

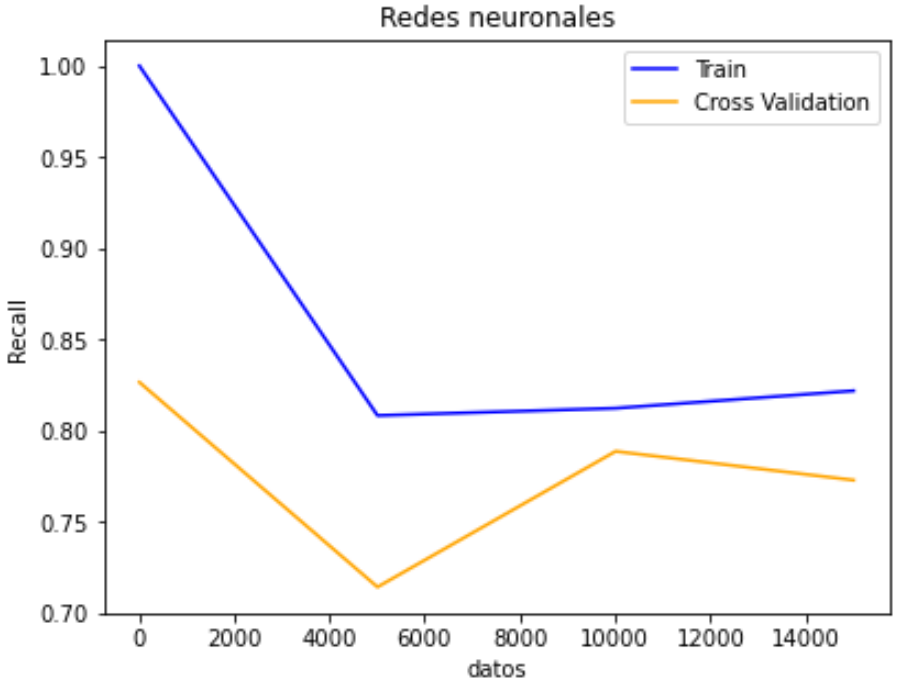


Figura 19. 250 neuronas

Gráfico para 500 neuronas:

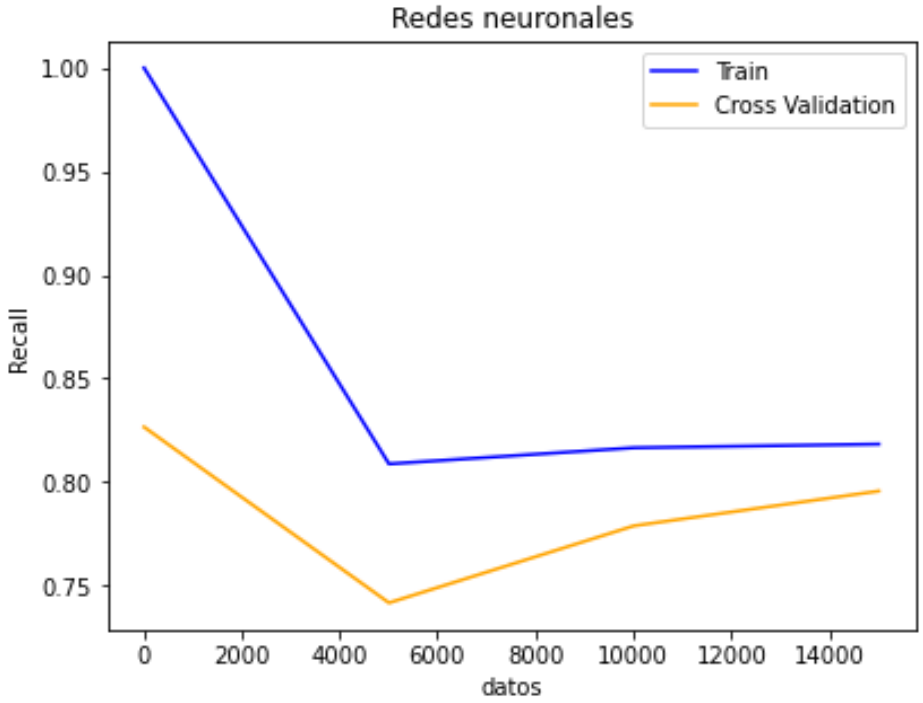


Figura 20. 500 neuronas

Valores de Lambda que se han utilizado para la ejecución:
Lambda = [0, 0.1, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 15, 20, 25, 30, 50, 100]

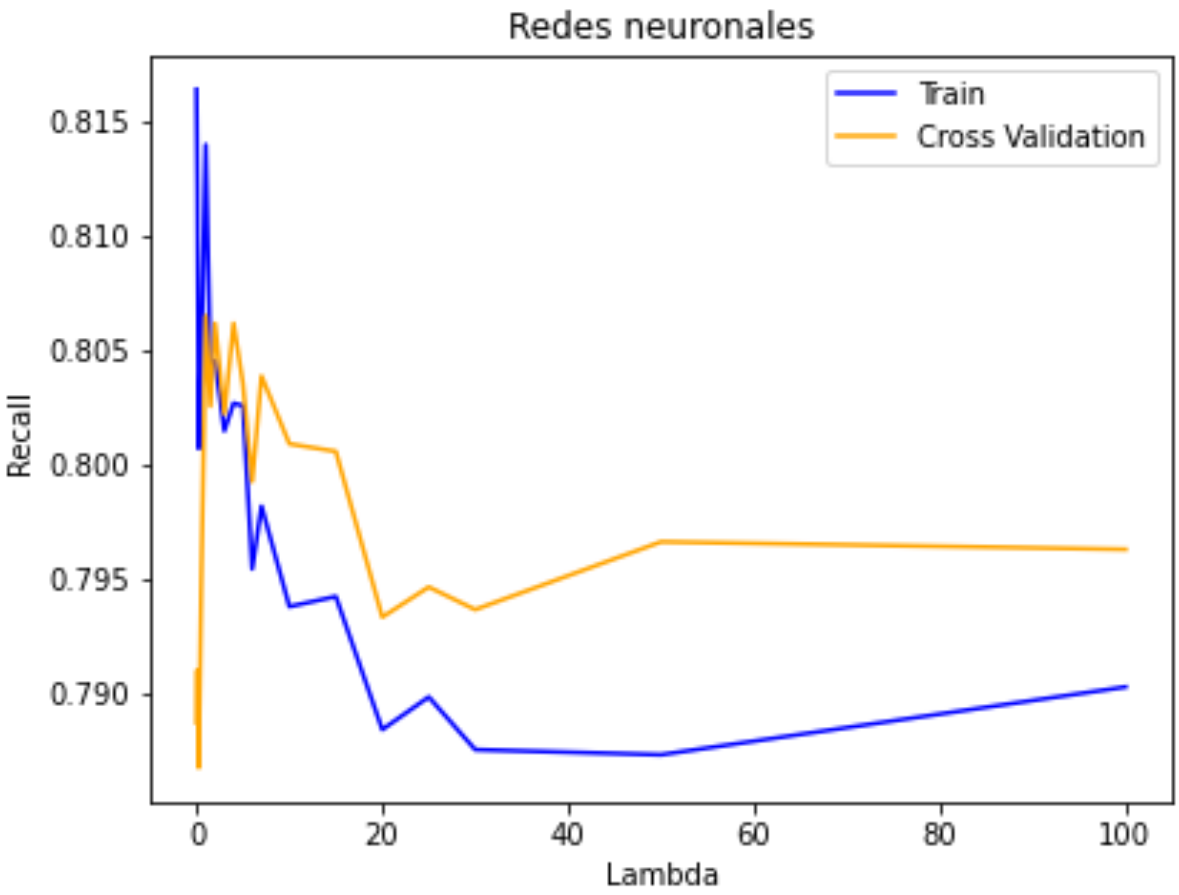
Para 250 neuronas se ha obtenido que la mejor lambda es 4.

```
Best lambda value is: 4
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.73      0.83     42105
          si       0.17      0.80      0.29      3039

    accuracy                           0.73     45144
   macro avg       0.58      0.76      0.56     45144
weighted avg       0.93      0.73      0.80     45144
```

Recall de la Clase1: 0.7966436327739388



Eliminación de outliers y dataset con 10 variables

Gráfico para 100 neuronas:

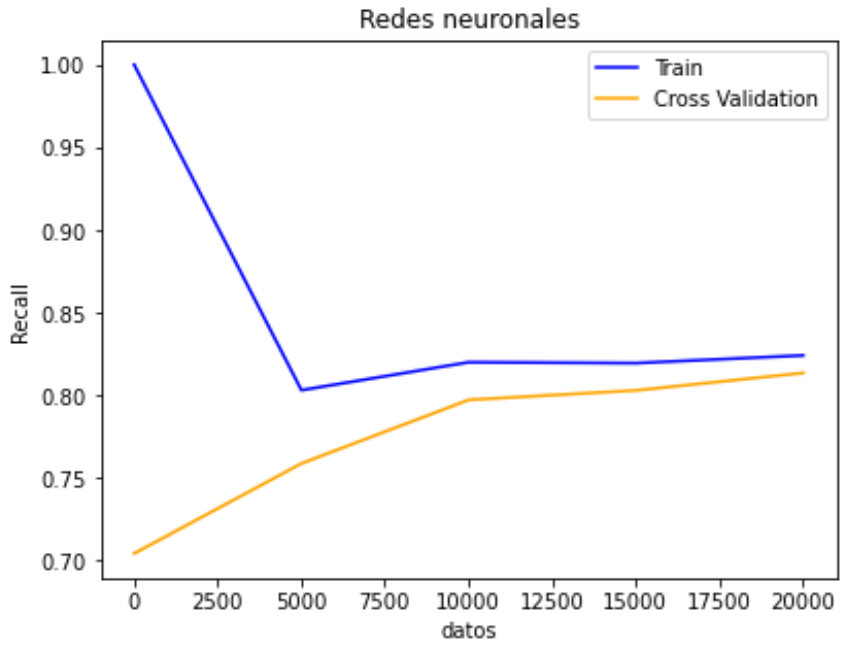


Figura 21. 100 neuronas

Gráfico para 250 neuronas:

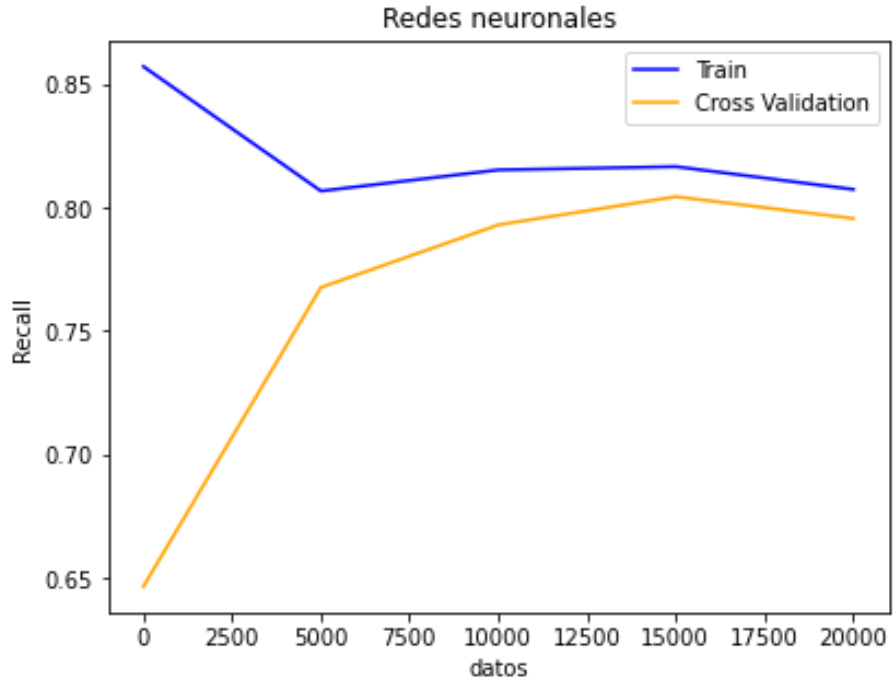


Figura 22. 250 neuronas

Gráfico para 500 neuronas:

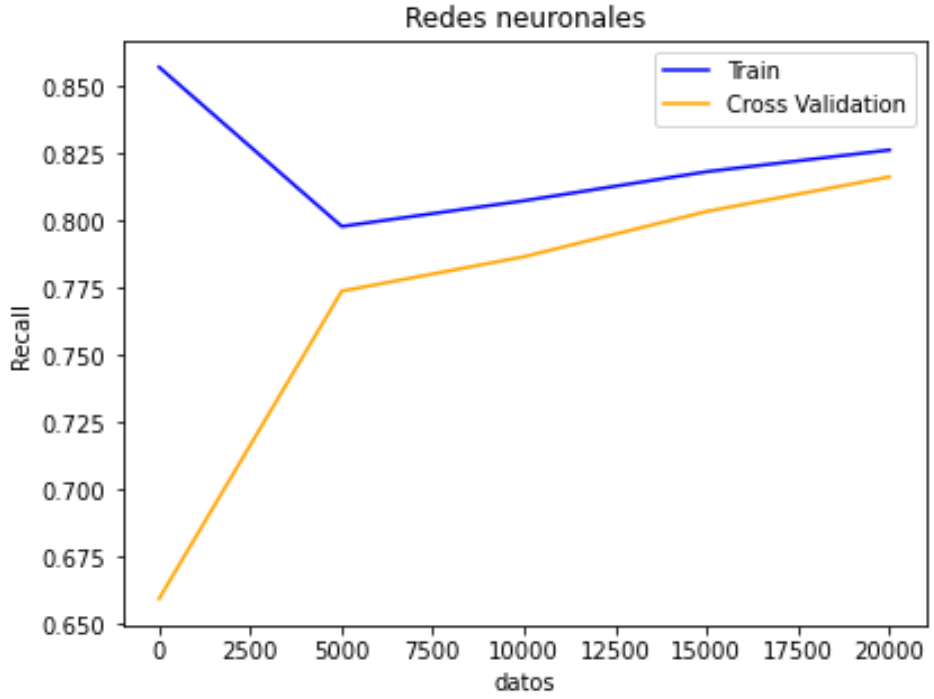


Figura 23. 500 neuronas

```
Resultado en test para 250 neuronas con los valores de lambda:
Se ha obtenido mejor resultado para lambda=2

Best lambda value is: 2
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.73      0.84     42105
          si       0.18      0.80      0.29      3039

    accuracy                           0.73     45144
   macro avg       0.58      0.76      0.56     45144
weighted avg       0.93      0.73      0.80     45144
```

Recall de la Clase1: 0.8005923000987167

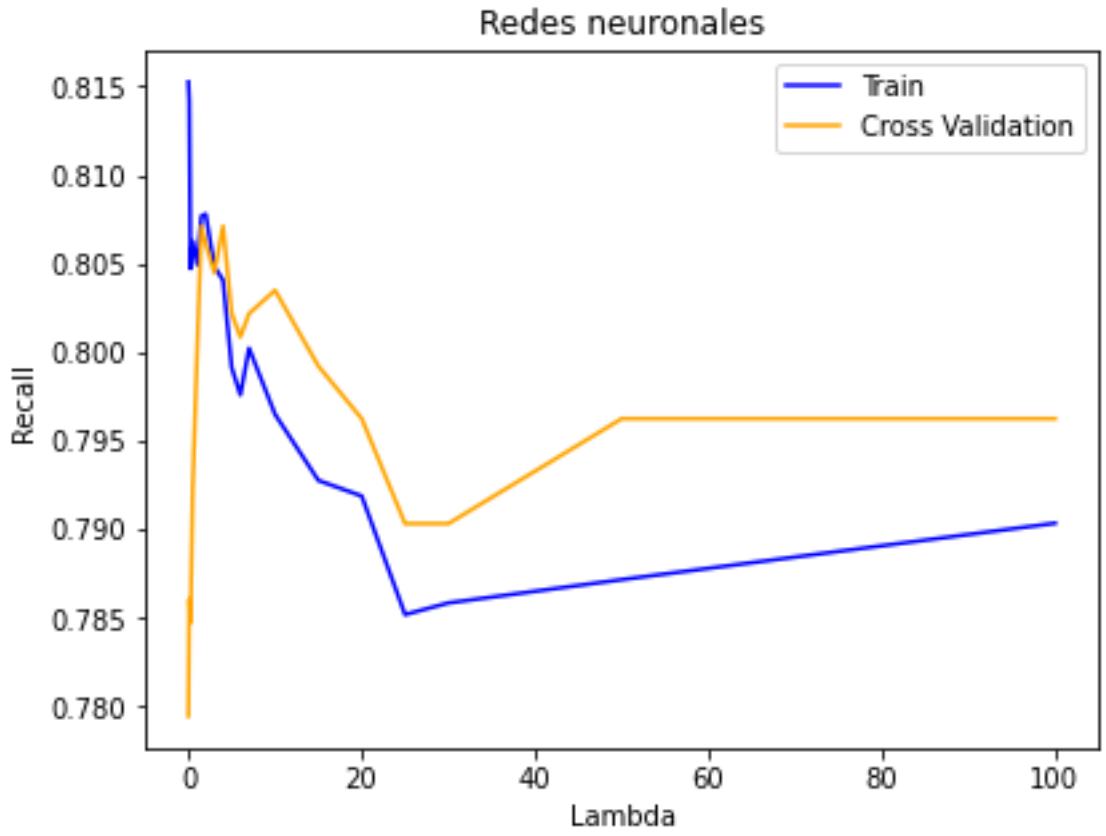


Figura 24. Resultado test 250 neuronas

Support Vector Machines

En el caso de Support Vector Machines hemos probado a realizar la predicción para tanto el kernel lineal como el gaussiano. En general los resultados se asemejan bastante a los obtenidos previamente, aunque mejoran ligeramente en el porcentaje de Recall de la clase 1 (entre un 1 y un 2%).

Kernel Lineal

Todas las variables

En nuestro caso este Kernel no debería darnos los mejores resultados ya que aunque nuestra n es bastante grande con 26 variables en el dataset original tenemos una cantidad importante de datos, por lo que la m no es pequeña. Aún así los resultados obtenidos están al nivel de los obtenidos en regresión logística.

Para el kernel lineal hemos usado `svm.SVC(kernel='linear' , C=i)` con distintos valores para C de los que la lista: `C = [0.01,0.02, 0.03,0.05, 0.1, 0.3, 0.5,1]`

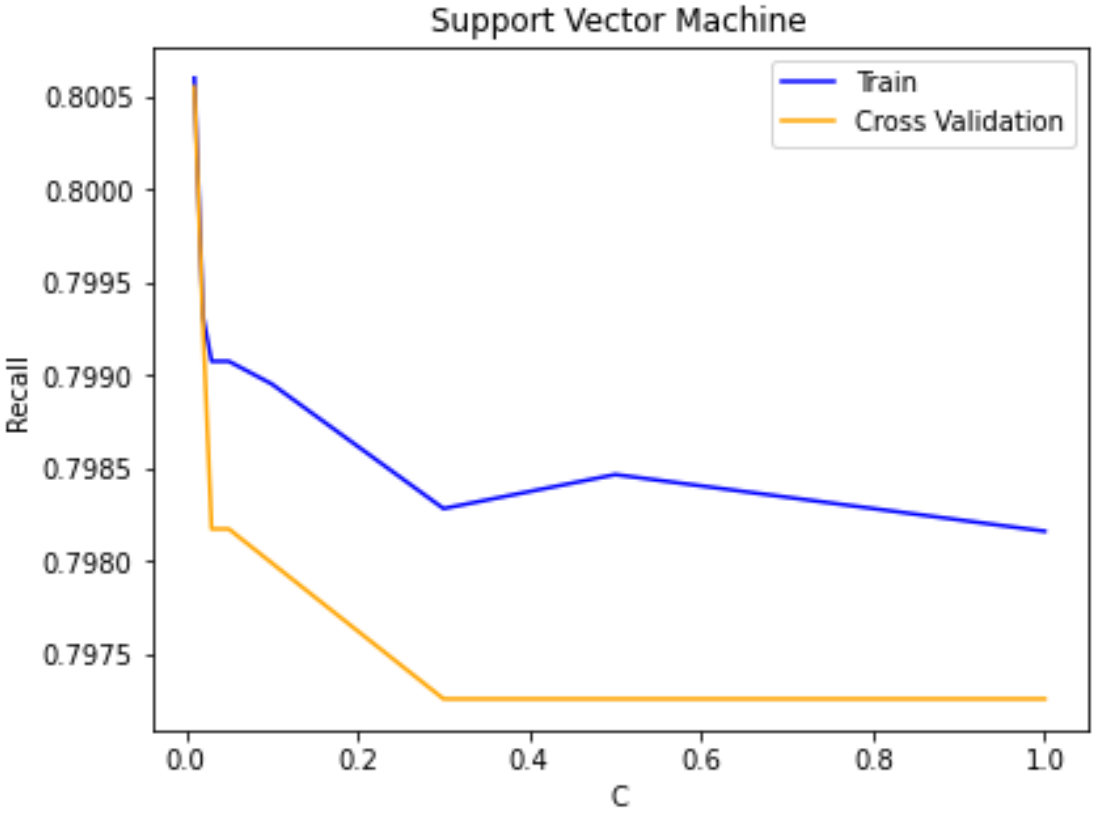


Figura 25. Test con todas las variables del dataset

El mejor valor entre ellos ha sido para C = 0.01 con un recall en Test de:

```
Test
Mejor valor de C : 0.01
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.97      0.73      0.83     58485
          si       0.22      0.80      0.34      5474

    accuracy                           0.73     63959
   macro avg       0.59      0.76      0.59     63959
weighted avg       0.91      0.73      0.79     63959

[[42606 15879]
 [ 1115  4359]]
Recall clase1: 0.7963098282791378
```

Este valor se asemeja a los obtenido con Regresión Logística, aunque el tiempo de ejecución es mucho mayor.

Si probamos con otros valores cercanos (`C = [0.005, 0.01,0.015])` obtenemos que el mejor valor sigue siendo para C=0.01

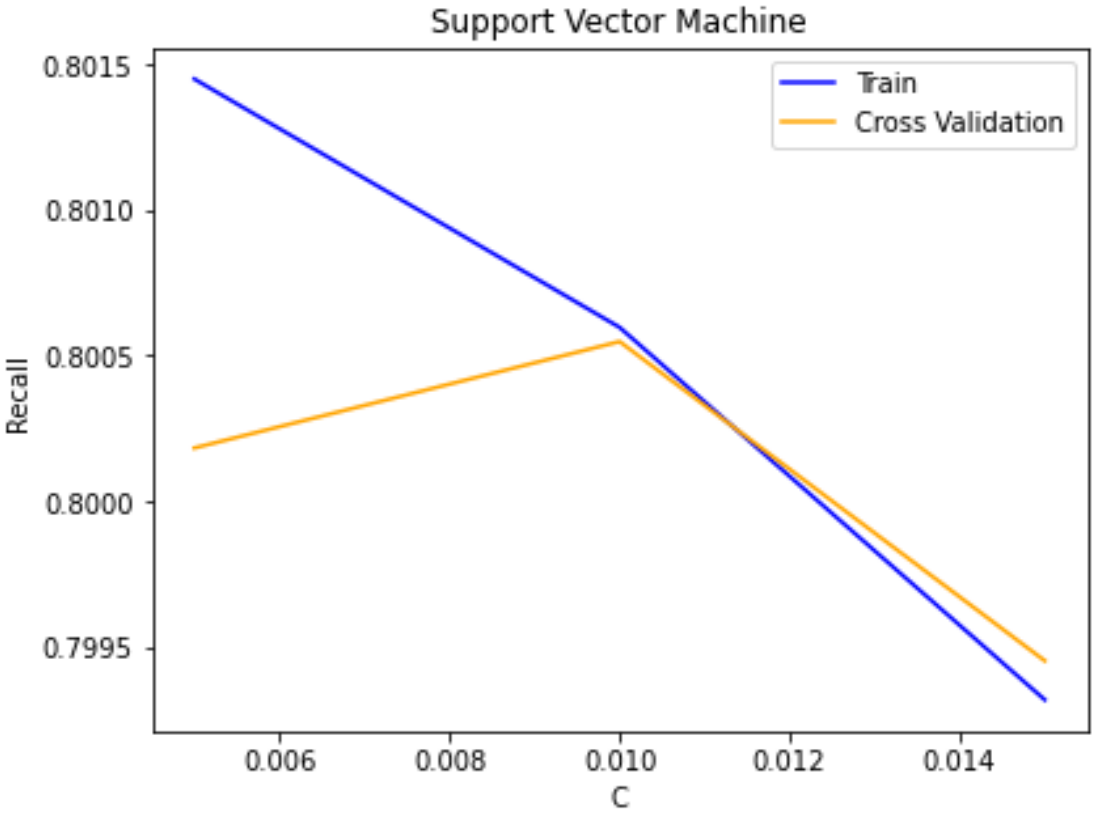


Figura 26. Distintos valores de C

Dataset con 11 variables

Para esta ejecución del SVM con kernel lineal se ha utilizado el dataset con 10 variables unicamente en vez del dataset completo.

Se ha obtenido mejores valores usando C = 0.03

```
Mejor valor de C : 0.03
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.97      0.69      0.80     58485
          si       0.19      0.81      0.31      5474

    accuracy                           0.70     63959
   macro avg       0.58      0.75      0.56     63959
weighted avg       0.91      0.70      0.76     63959

[[40098 18387]
 [ 1048  4426]]

Recall de la Clase1: 0.8085495067592254
```

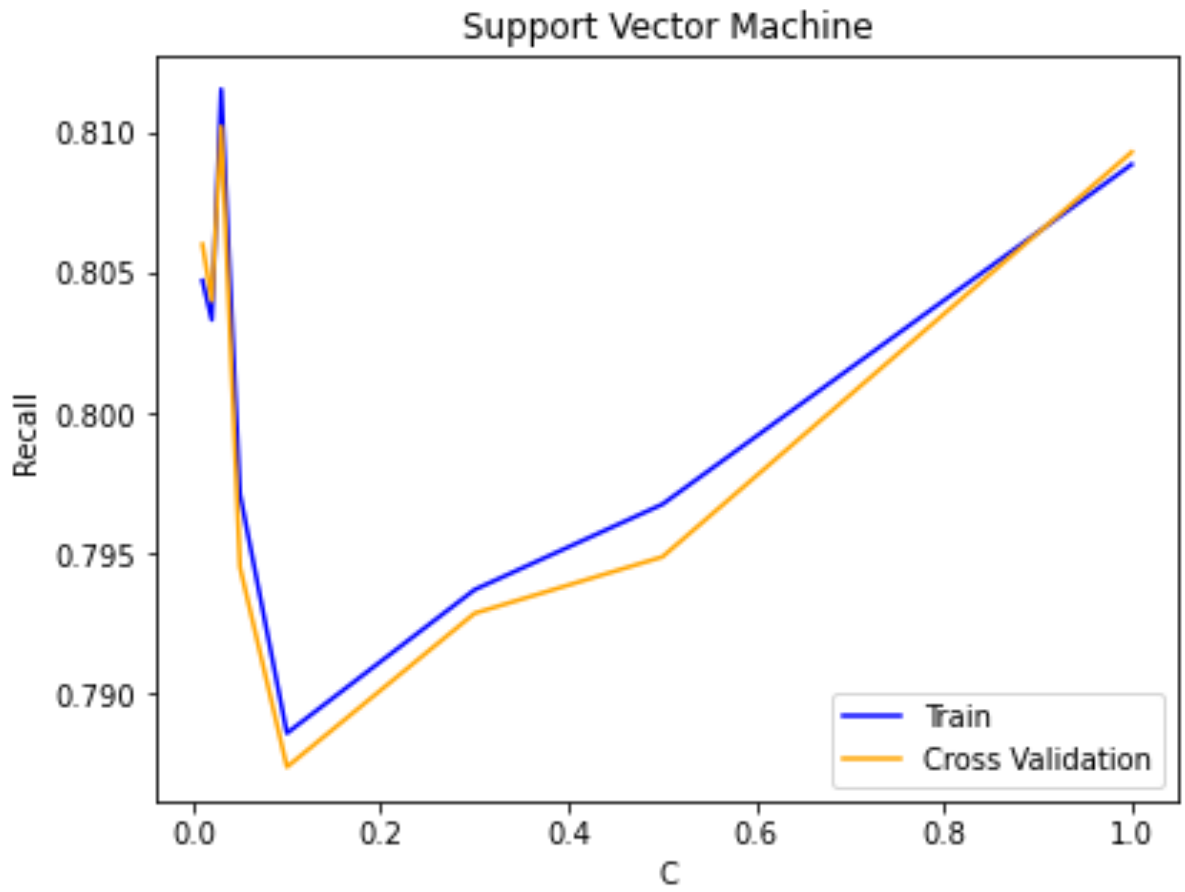


Figura 27. Dataset con 11 variables

Eliminación de outliers

Para esta ejecución se ha utilizado el SVM con kernel lineal eliminando del dataset aquellas filas que contienen valores outliers.

El resultado ha sido que el mejor valor obtenido es usando C = 0.01

```
Test
Mejor valor de C : 0.01
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.71      0.83     42105
          si       0.17      0.80      0.28      3039

    accuracy                           0.72     45144
   macro avg       0.57      0.76      0.55     45144
weighted avg       0.93      0.72      0.79     45144

[[30033 12072]
 [  594  2445]]
```

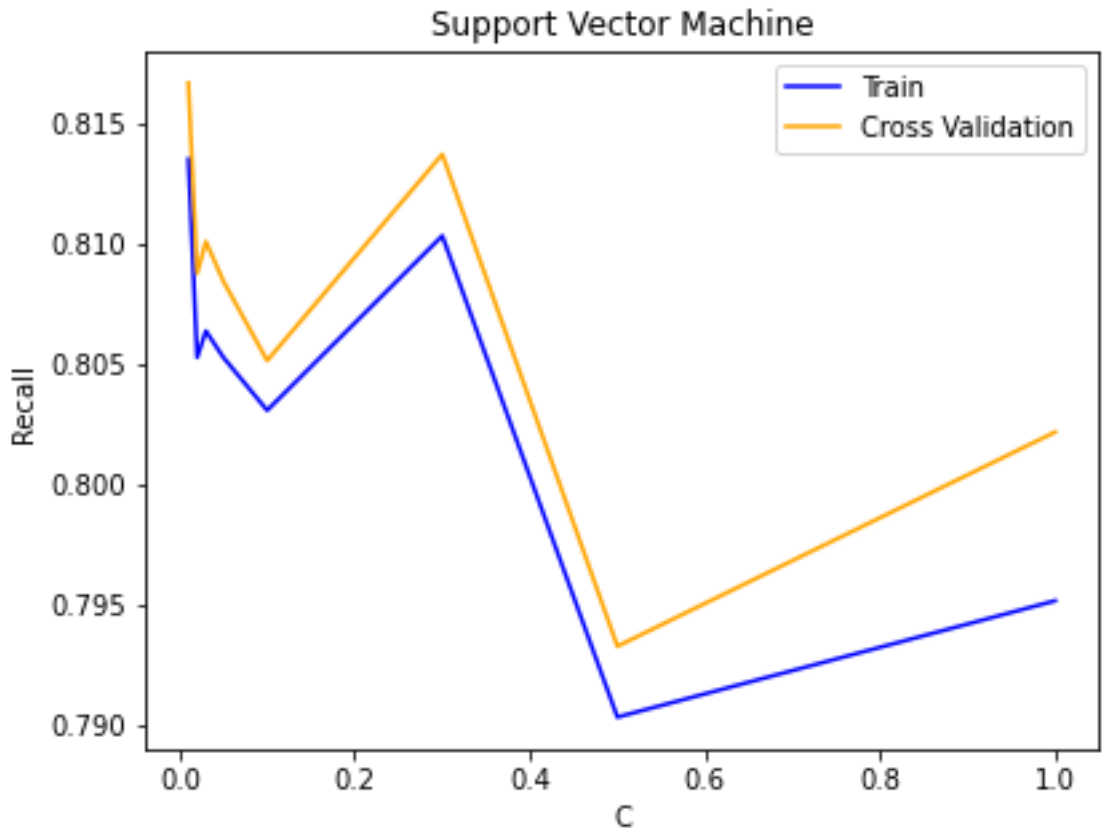


Figura 28. Con eliminación de outliers

Eliminación de Outliers y dataset con 11 variables

Para esta ejecución se ha utilizado el dataset con 10 variables y se ha eliminado las filas que contenían valores outliers.

El mejor valor se ha obtenido con el parámetro C = 0.01

```
Mejor valor de C : 0.01
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.68      0.80     49503
          si       0.15      0.81      0.26      3506

    accuracy                           0.69     53009
   macro avg       0.57      0.75      0.53     53009
weighted avg       0.93      0.69      0.77     53009

[[33679 15824]
 [  654  2852]]
```

Recall de la Clase1: 0.8134626354820308

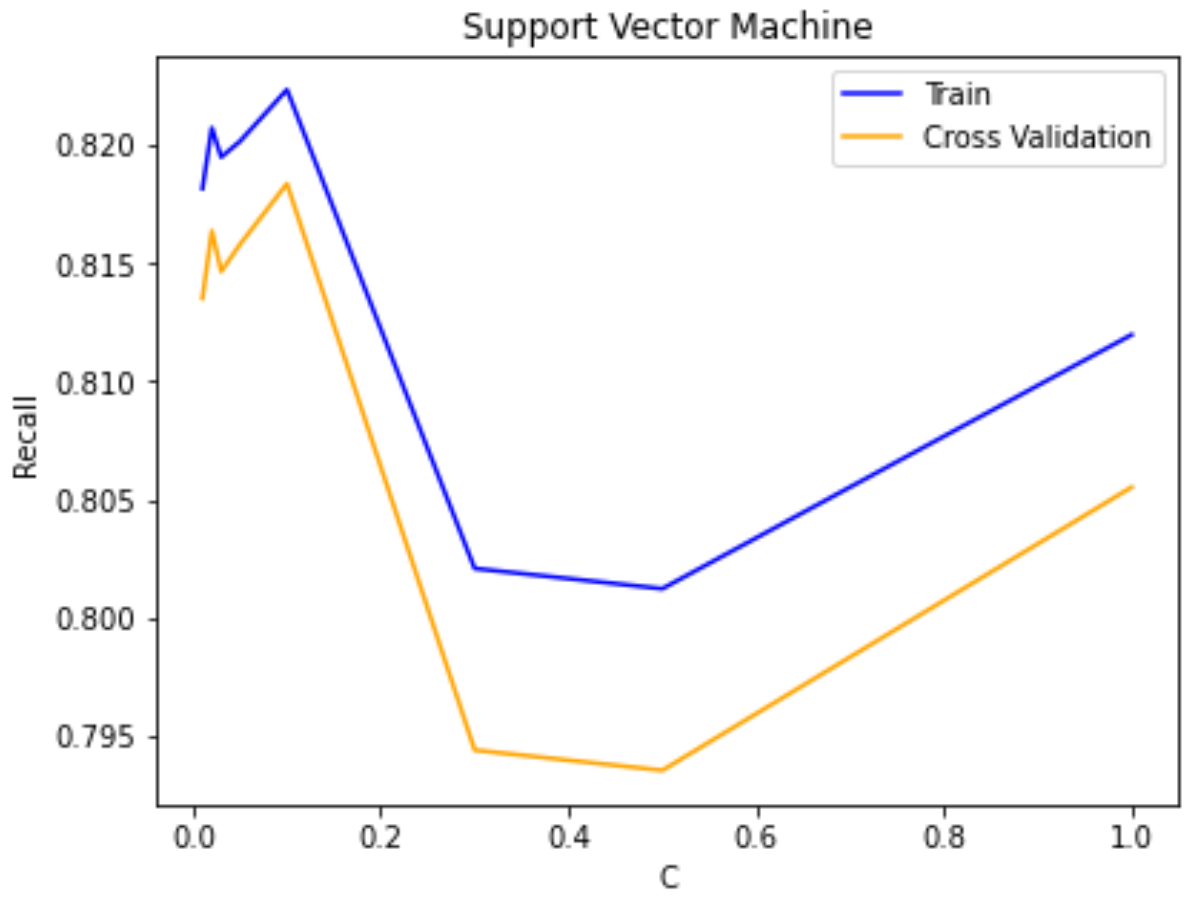


Figura 29. Con eliminación de outliers y dataset de 11 variables

Kernel Gaussiano

Hemos probado también a ejecutar nuestro algoritmo con el kernel gaussiano ya que es más adecuado para el problema. Algo a notar es que en todas las pruebas anteriores habíamos considerado únicamente el Recall de la clase 1 porque el valor obtenido para cada clase estaba bastante equilibrado por lo que lo que nos parecía más importante era clasificar correctamente a los enfermos, en el caso del Kernel Gaussiano, para algunas ejecuciones se puede ver que empieza a existir un poco más de diferencia en la separación por lo que quizás sería conveniente usar la media entre las dos clases en vez de solo el valor de la clase "si".

Los valores de C y Sigma probados han sido los siguientes, con estos valores el problema de la separación de las clases no se ve tan acentuado:

```
C = [ 0.1, 0.5, 1, 10,20, 40]
sigma = [1, 5, 10,20,30, 40]
```

Todo el Dataset

El mejor valor en Test lo obtenemos con C = 0.1 y Sigma = 1

```
Test results for best C: 0.1 and best sigma 1
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.63      0.77     58485
          si       0.18      0.86      0.30      5474

    accuracy                           0.65     63959
   macro avg       0.58      0.74      0.53     63959
weighted avg       0.91      0.65      0.73     63959

[[37098 21387]
 [  791  4683]]
```

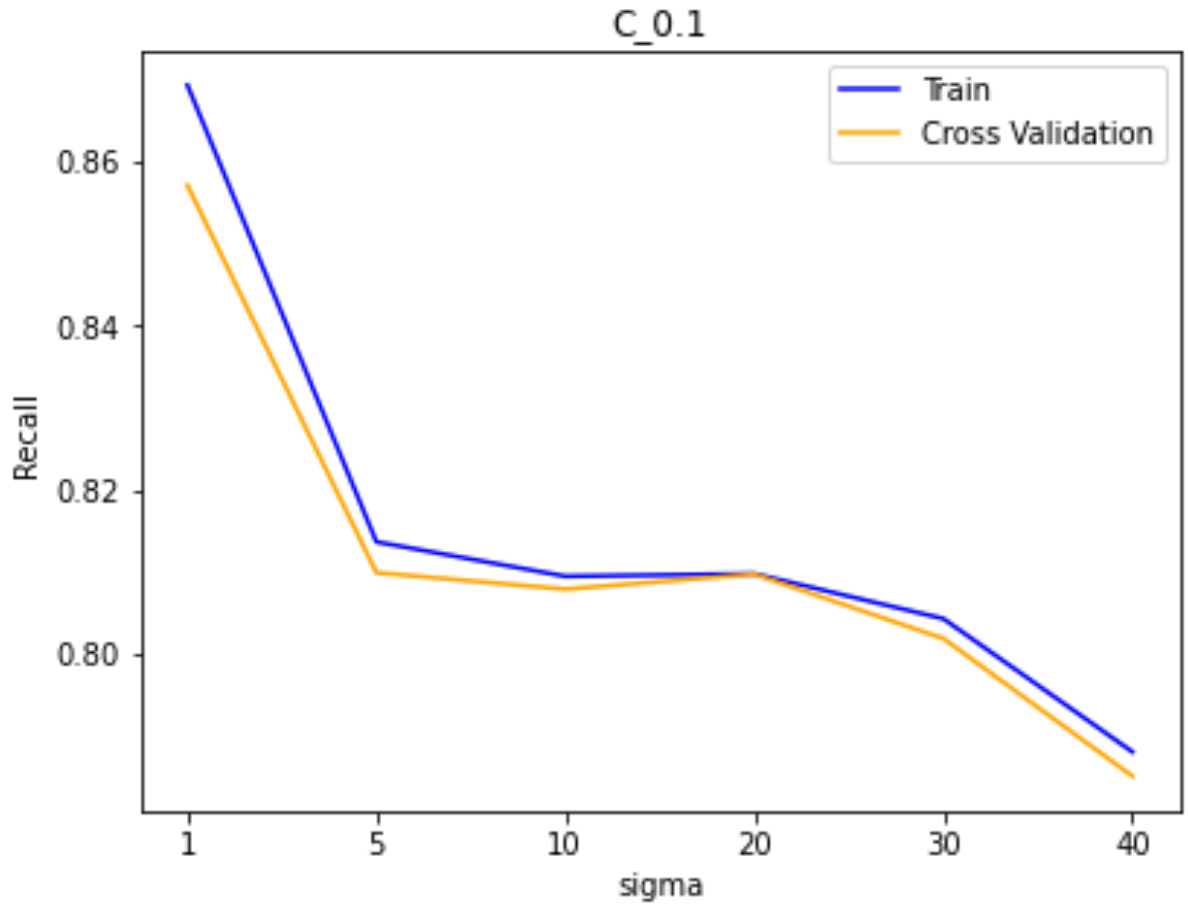


Figura 30. Con todo el dataset

Eliminación de Outliers

En la ejecución del SVM con kernel Gaussiano, haciendo una eliminación de aquellas filas que contuviesen valores outliers, se ha obtenido que los parámetros que dan mejores resultados es para C = 0.1 y Sigma = 30

```
Test results for best C: 0.1 and best sigma 30
```

```
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.63      0.77     42105
          si       0.14      0.86      0.25      3039

    accuracy                           0.65     45144
   macro avg       0.56      0.74      0.51     45144
weighted avg       0.93      0.65      0.73     45144

[[26571 15534]
 [  431  2608]]
```

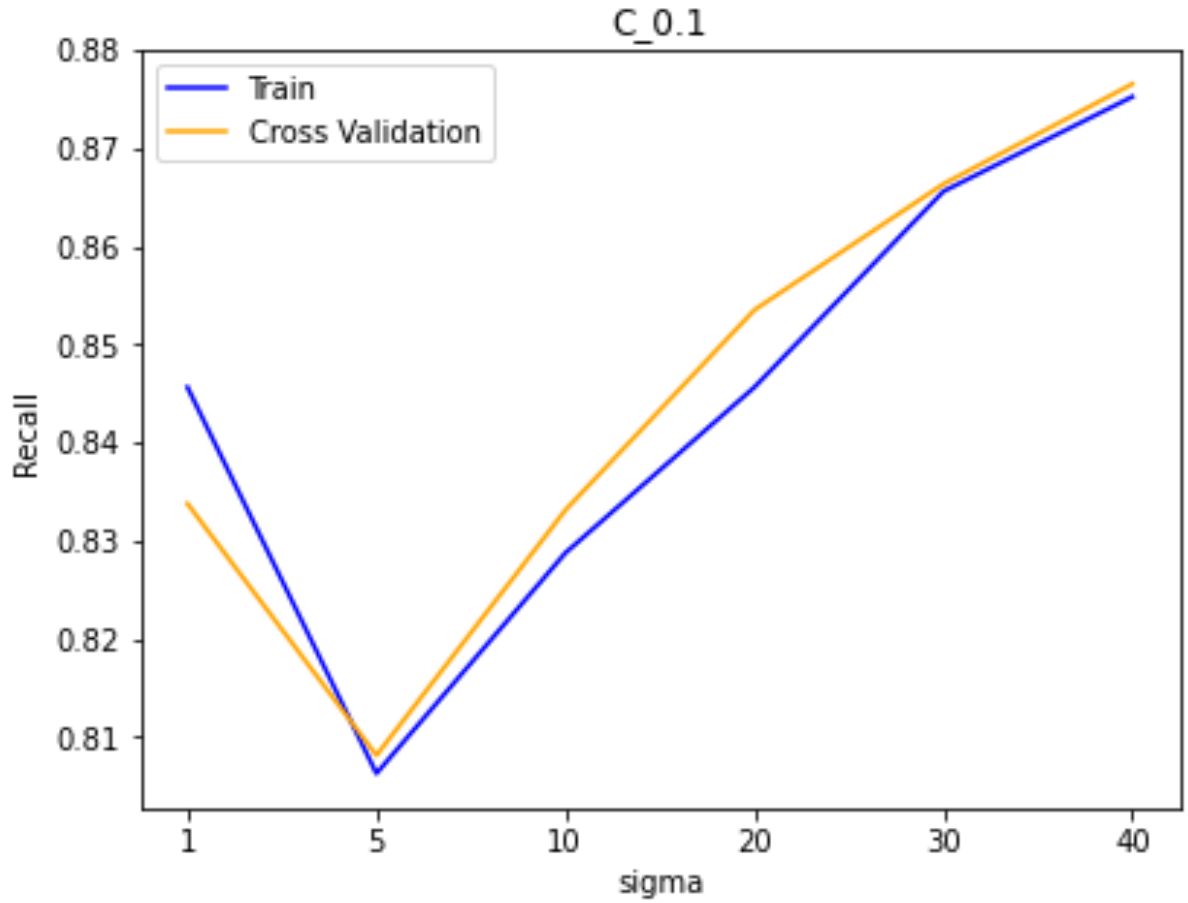


Figura 31. Eliminación de outliers

DataSet Reducido a 11 Variables

Si probamos a ejecutar el Kernel Gaussiano con el Dataset reducido con varios valores para C y sigma:

```
C = [ 0.1, 0.5, 1, 10,20, 40]
sigma = [1, 5, 10,20,30, 40]
```

El mejor valor en Test lo obtenemos con C = 10 y Sigma = 10

```
Test results for best C: 10 and best sigma 10
```

```
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.68      0.80     58485
          si       0.19      0.82      0.31      5474

    accuracy                           0.69     63959
   macro avg       0.58      0.75      0.55     63959
weighted avg       0.91      0.69      0.76     63959

[[39504 18981]
 [  993  4481]]
Best Recall clase 1: 0.8185970040189989
```

Cuya gráfica de evolución asociada es:

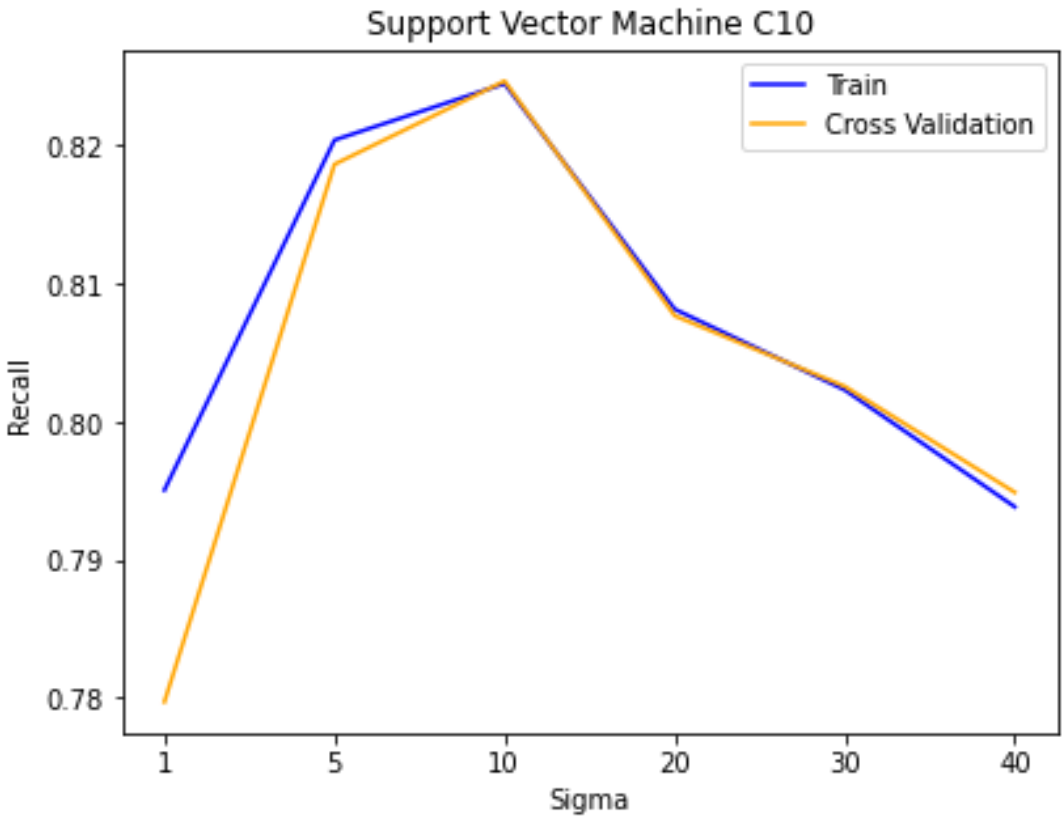


Figura 32. Con dataset de 11 variables

Eliminación de outliers y dataset con 10 variables

Para esta ejecución del SVM con kernel Gaussiano, se ha utilizado el dataset con las 10 variables más relevantes del problema, y a partir de este dataset se ha eliminado aquellas filas que contenían valores outliers.

Se ha obtenido que los mejores valores de los parámetros son C = 0.1 y Sigma = 40.

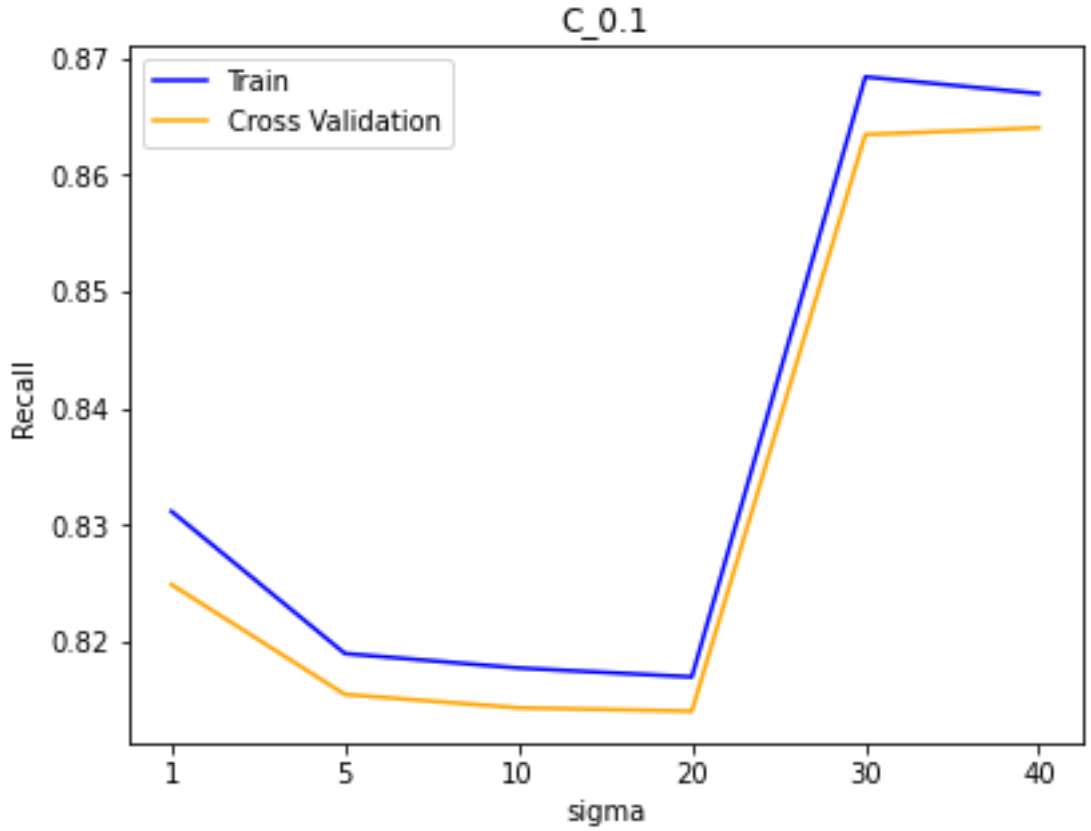
```
Test results for best C: 0.1 and best sigma 40
```

```
Finished fit
Finished predicting
              precision    recall  f1-score   support

          no       0.98      0.61      0.76     49503
          si       0.14      0.87      0.24      3506

    accuracy                           0.63     53009
   macro avg       0.56      0.74      0.50     53009
weighted avg       0.93      0.63      0.72     53009

[[30349 19154]
 [  471  3035]]
```



Tiempos de ejecución

Algoritmo	Tiempo
Regresión Logística	22.2 segundos
Redes Neuronales	56.5 segundos
SVM Lineal	2 minutos, 12 segundos
SVM Guassiano	5 minutos, 30 segundos

De media tarda unos 2 minutos por ejecución desde google collaborate, aunque depende del valor de C, cuanto más elevado más tarda en ejecutarse, por ejemplo para C=50 tarda unos 10 minutos.

Resumen Resultados

Tabla con los mejores resultados obtenidos para cada test de los Realizados

	DataSet Completo	10 Variables más correladas	Sin outliers	Sin Outliers y 10 Variables	Mejor
Regresión Logística No Reg	0.7709 “Sí” 0.73 “No”	—-	—--	—--	0.7709 “Sí”
Regresión Logística Reg	0.79 “Sí” 0.74 “No”	0.7995 “Sí” 0.70 “No”	—--	0.7923 “Sí” 0.71 “No”	0.7995 “Sí”
Redes Neuronales	0.8021 “Sí” 0.73 “No”	0.8036 “Sí” 0.69 “No”	0.7966 “sí” 0.73 “No”	0.8005 “Sí” 0.73 “No”	0.8036 “Sí”
SVM Lineal	0.7963 “Sí” 0.73 “No”	0.81 “Sí” 0.69 “No”	0.80 “Sí” 0.71 “No”	0.8134 “Sí” 0.68 “No”	0.8134 “Sí”
SVM Gausiano	0.86 “Sí” 0.63 “No”	0.82 “Sí” 0.68 “No”	0.86 “Sí” 0.63 “No”	0.87 “Sí” 0.61 “No”	0.87 “Sí”

Otros modelos

Hemos realizado pruebas con otros algoritmos de aprendizaje automático de Sklearn para comprobar que los resultados obtenidos se encuentran en el mismo rango de los que hemos obtenido con nuestros modelos. Todos los algoritmos considerados tienen los parámetros asignados al default y no hemos realizado validación para ajustarlos, por lo que simplemente los hemos entrenado con los datos de entrenamiento balanceado del dataset original y hemos sacado el resultado en Test.

Gradient Boosting

```
modelo = GradientBoostingClassifier(loss='deviance', random_state=0)
Correct classification rate: 0.7365656123454087
              precision    recall  f1-score   support

         0.0       0.97      0.73      0.84     58485
         1.0       0.22      0.80      0.34      5474

    accuracy                           0.74     63959
   macro avg       0.60      0.76      0.59     63959
weighted avg       0.91      0.74      0.79     63959

Normalized confusion matrix
[[0.73088826 0.26911174]
 [0.20277676 0.79722324]]
```

Random Forest Clasificador

```
modelo = RandomForestClassifier(criterion='gini', random_state=0)
Correct classification rate: 0.7197423349333166
              precision    recall  f1-score   support

         0.0       0.97      0.72      0.82     58485
         1.0       0.20      0.76      0.32      5474

    accuracy                           0.72     63959
   macro avg       0.59      0.74      0.57     63959
weighted avg       0.90      0.72      0.78     63959

Normalized confusion matrix
[[0.71573908 0.28426092]
 [0.2374863  0.7625137 ]]
```

BaggingClassifier

```
modelo=BaggingClassifier(  n_estimators = 250 , max_samples = 1.0 ,
                  bootstrap = True , bootstrap_features = False ,
                 oob_score = False , warm_start = False , n_jobs = None , random_state = 0
, verbose = 0 )

Correct classification rate: 0.7157241357744806
```

```
              precision    recall  f1-score   support

         0.0       0.97      0.71      0.82     58485
         1.0       0.20      0.76      0.31      5474

    accuracy                           0.72     63959
   macro avg       0.58      0.74      0.57     63959
weighted avg       0.90      0.72      0.78     63959

Normalized confusion matrix
[[0.71165256 0.28834744]
 [0.24077457 0.75922543]]
```

Gaussian Naive Bayes

modelo = BernoulliNB()

```
              precision    recall  f1-score   support

         0.0       0.96      0.76      0.85     58485
         1.0       0.22      0.70      0.33      5474

    accuracy                           0.76     63959
   macro avg       0.59      0.73      0.59     63959
weighted avg       0.90      0.76      0.81     63959

[[44605 13880]
 [ 1644  3830]]
```

Redes Neuronales (Scikit-Learn)

modelo=MLPClassifier()

```
              precision    recall  f1-score   support

         0.0       0.98      0.70      0.81     58485
         1.0       0.20      0.81      0.32      5474

    accuracy                           0.71     63959
   macro avg       0.59      0.76      0.57     63959
weighted avg       0.91      0.71      0.77     63959

[[40861 17624]
 [ 1029  4445]]
```

A primera vista se puede observar que los resultados son parecidos, un poco peores, pero esto puede ser debido a que no estamos realizando ningún tipo de ajuste para los modelos, por lo que están en desventaja.

Conclusiones

En conclusión, los resultados son bastante buenos, aunque no varían mucho con los distintos modelos. El mejor valor de recall para la clase 1 o "Sí" ha sido obtenido con Support Vector Machines aunque es a costa de un recall menor en la otra clase, por lo que realmente si hacemos la media no existe mucha diferencia.

La variación del porcentaje de los resultados obtenidos no es muy alta y está entre un 5% y un 7% para el recall de la clase 1 y entre un 1% y un 2% para la media de los dos Recall. El dataset nos ha parecido bastante complicado ya que al no usar datos médicos las predicciones no eran tan sencillas y porque se encontraba muy disperso, probablemente porque se trataban de respuestas de encuestas.

Código

```
#Importacion de librerias al proyecto
import pandas as pd
import numpy as np

import seaborn as sns

%matplotlib inline
import matplotlib.pyplot as plt

from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
from sklearn.compose import make_column_transformer
from sklearn.preprocessing import OneHotEncoder
from sklearn import metrics
from sklearn.metrics import confusion_matrix
from sklearn.utils.multiclass import unique_labels
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler

import scipy.optimize as opt

from sklearn.model_selection import train_test_split
from imblearn.under_sampling import NearMiss
from imblearn.over_sampling import RandomOverSampler
from imblearn.under_sampling import RandomUnderSampler
from imblearn.over_sampling import SMOTE
from imblearn.ensemble import BalancedBaggingClassifier

from sklearn.metrics import confusion_matrix
from sklearn.metrics import classification_report
from pylab import *
```

```
import missingno as msno

from sklearn.preprocessing import PolynomialFeatures
from sklearn.utils import shuffle

#SVM
from sklearn import svm
from sklearn.model_selection import cross_val_score
import matplotlib.pyplot as plt

from pyod.models.knn import KNN

import scipy.stats as stats
from scipy.stats import iqr
```

Lectura del dataset y primera visualización de los datos

```
#df = pd.read_csv('heart_dataset.csv')
df = pd.read_csv('heart_2020_cleaned.csv')
print(df['HeartDisease'].value_counts()/len(df))
print(df['HeartDisease'].value_counts())

print(df.shape)
df
```

Descripción Variables

```
print(unique_labels(df['Smoking']))
print(unique_labels(df['AlcoholDrinking']))
print(unique_labels(df['Stroke']))
print(unique_labels(df['DiffWalking']))
print(unique_labels(df['Sex']))
print(unique_labels(df['AgeCategory']))
print(unique_labels(df['Race']))
print(unique_labels(df['Diabetic']))
print(unique_labels(df['PhysicalActivity']))
print(unique_labels(df['GenHealth']))
print(unique_labels(df['Asthma']))
print(unique_labels(df['KidneyDisease']))
print(unique_labels(df['SkinCancer']))
```

```
df.describe()
df.describe().T.style.set_properties(**{'background-color':
'grey','color': 'white','border-color': 'white'})
```

Gráficos

```
i = 0
Labels = df.columns
```

```
Labels = ['HeartDisease', 'Smoking', 'AlcoholDrinking', 'Stroke',
'DiffWalking', 'Sex', 'AgeCategory','Race', 'Diabetic',
'PhysicalActivity', 'GenHealth','Asthma', 'KidneyDisease', 'SkinCancer']
```

```
i = 0
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 1
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 2
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
i = i+1
```

```
i = 3
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 4
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 5
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 6
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 7
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 8
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 9
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 10
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 11
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 12
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

```
i = 13
df.groupby(Labels[i]).size().plot(kind='pie', autopct='%.2f', label=
Labels[i])
plt.savefig(Labels[i]+".png")
```

Asignar variables categóricas con números

```
dic = {'No': 0, 'Yes': 1}
df['HeartDisease'] = df['HeartDisease'].map(dic)#.astype('category')
df['Smoking'] = df['Smoking'].map(dic)#.astype('category')
df['AlcoholDrinking'] = df['AlcoholDrinking'].map(dic)#.astype('category')
df['Stroke'] = df['Stroke'].map(dic)#.astype('category')
df['DiffWalking'] = df['DiffWalking'].map(dic)#.astype('category')
df['PhysicalActivity'] =
df['PhysicalActivity'].map(dic)#.astype('category')
df['Asthma'] = df['Asthma'].map(dic)#.astype('category')
df['KidneyDisease'] = df['KidneyDisease'].map(dic)#.astype('category')
df['SkinCancer'] = df['SkinCancer'].map(dic)#.astype('category')

dic = {'Male': 0, 'Female': 1}
```

```
df['Sex'] = df['Sex'].map(dic)#.astype('category')

df
```

```
#Aplicacion de la transformacion one_hot
y = pd.get_dummies(df.Race, prefix='Race')
df = pd.concat([df, y], axis=1)

df
```

```
#Eliminacion de la columna Race
df.drop('Race', inplace=True, axis=1)

df
```

```
#AgeCategory
#A cada rango se le asigna un número
dic = {}

dic["18-24"] = 0
j = 1
for i in np.arange(25, 80, 5):
    dic[str(i)+"-"+str(i+4)] = j
    j = j+1

dic["80 or older"] = j

dic
```

```
#Cambiando los valores de AgeCategory de rango a valores discretos
df['AgeCategory'] = df['AgeCategory'].map(dic)#.astype('category')
```

```
#Aplicacion de la transformacion one_hot a la columna Diabetic
x = pd.get_dummies(df.Diabetic, prefix='Diabetic')
df = pd.concat([df, x], axis=1)
df.drop('Diabetic', inplace=True, axis=1)
df
```

```
df['Diabetic_No'] = df['Diabetic_No']#.astype('category')
df['Diabetic_No, borderline diabetes'] = df['Diabetic_No, borderline
diabetes']#.astype('category')
df['Diabetic_Yes'] = df['Diabetic_Yes']#.astype('category')
df['Diabetic_Yes (during pregnancy)'] = df['Diabetic_Yes (during
pregnancy)']#.astype('category')
```

```
#Distintos valores de la variable GenHealth
```

```
unique_labels(df['GenHealth'])
```

```
#Cambiando los valores de string a enteros con orden
dic = {'Poor': 0, 'Fair': 1, 'Good': 2, 'Very good': 3, 'Excellent': 4}

df['GenHealth'] = df['GenHealth'].map(dic)#.astype('category')
```

```
#Descripcion del dataset de aquellas variables que son numericas
dfNumerical = pd.DataFrame(df,
columns=["BMI","PhysicalHealth","MentalHealth","SleepTime"])
dfNumerical.describe()
```

```
#Descripcion de todo el dataset
df.describe()
```

Eliminación de NaNs

```
print(len(df))

df.dropna()

print(len(df))
```

Correlaciones

Como se puede observar en la tabla de debajo ninguna variable numérica se encuentra correlacionada a más de 0.5 en valor absoluto con otra variable numérica del dataset.

```
#Cálculo de las correlaciones usando el método Spearman
correl=df.corr(method='spearman')

#correl[abs(correl) >= 0.5]
correl
```

```
df.iloc[:, 0]
```

```
correl2 = correl[(abs(correl) != 1)]
correl2 = correl2[(abs(correl2) >= 0.5)]
correl2.dropna()
correl2

l =[]
for c in correl:
    for r in correl:
        #print(correl[c][r])
```

```
        if abs(correl[c][r]) > 0.4 and correl[c][r] != 1:
            l.append(c+" && " + r +": " + str(correl[c][r]))

print(l)
```

```
#Gráfico de las correlaciones de par de variables
plt.rcParams["figure.figsize"] = (20, 17)
heatMap = sns.heatmap(correl,
        xticklabels=correl.columns,
        yticklabels=correl.columns, annot = True)
plt.savefig("corr_heatMap.png")
plt.rcParams["figure.figsize"] = plt.rcParamsDefault["figure.figsize"]
```

```
#Correlación de las varibles respecto a la variable de salida

plt.rcParams["figure.figsize"] = (12, 10)
order = correl["HeartDisease"].sort_values();
print(order)
heatMap = sns.heatmap(order[:, np.newaxis], xticklabels=["HeartDisease"],
        yticklabels=order.index, annot = True)
plt.savefig("corr_heatMap_HeartDisease.png")
plt.rcParams["figure.figsize"] = plt.rcParamsDefault["figure.figsize"]
```

Eliminar Outliers

```
i = 0
Labels = ["BMI","PhysicalHealth","MentalHealth","SleepTime"]
fig7, ax7 = plt.subplots()
ax7.set_title(Labels[i])
ax7.boxplot(df[Labels[i]])
plt.savefig("BoxPlot.png")
```

```

# encontrar Q1, Q3 y rango intercuartílico para cada columna
Q1 = df[["BMI", "PhysicalHealth", "MentalHealth", "SleepTime"]].quantile
(q = .25)
Q3 = df[["BMI", "PhysicalHealth", "MentalHealth", "SleepTime"]].quantile
(q = .75)
IQR = df.apply (stats.iqr)

# solo mantenga las filas en el marco de datos que tengan valores dentro
de 1.5 * IQR de Q1 y Q3
data_clean_no_outliers = df [~ ((df <(Q1-1.5 * IQR)) | (df> (Q3 + 1.5 *
IQR))). any (axis = 1)]

# encontrar cuántas filas quedan en el marco de datos
data_clean_no_outliers.shape
```

```
data_clean_no_outliers["HeartDisease"].value_counts()
```

Normalizar los datos

```
#Normalización de los datos usando estandarización

scaler_x = StandardScaler()
#Tambien se puede aplicar MinMaxScaler, pero queremos mantener la
distribución original de las variables
#scaler_x = MinMaxScaler()
scaler_x.fit(df)
data_scaled = scaler_x.transform(df)
df_scaled = pd.DataFrame(data_scaled, columns=df.columns)
print(df_scaled)
```

```
#A las variables númericas se le aplica la normalización de los datos
df[['BMI', 'PhysicalHealth', 'MentalHealth', 'AgeCategory', 'GenHealth',
'SleepTime']] = df_scaled[['BMI', 'PhysicalHealth', 'MentalHealth',
'AgeCategory', 'GenHealth', 'SleepTime']]
```

```
df.describe()
```

Correlación del dataset normalizado

```
#Reducción del dataset a 10 variables, usando únicamente las que están más
relacionadas a la variable de salida
df_copia = df[['HeartDisease', 'AgeCategory', 'DiffWalking',
'Diabetic_Yes', 'KidneyDisease', 'PhysicalHealth', 'Smoking', 'GenHealth',
'Diabetic_No', 'PhysicalActivity', 'Stroke']]
df_copia
```

Dataset con 11 variables y eliminación de Outliers

```
# encontrar Q1, Q3 y rango intercuartílico para cada columna
Q1 = df_copia[['PhysicalHealth']].quantile (q = .25)
Q3 = df_copia[['PhysicalHealth']].quantile (q = .75)
IQR = df.apply(stats.iqr)

# solo mantenga las filas en el marco de datos que tengan valores dentro
de 1.5 * IQR de Q1 y Q3
data_clean_11var_noOutliers = df_copia[~ ((df_copia <(Q1-1.5 * IQR)) |
(df_copia> (Q3 + 1.5 * IQR))). any (axis = 1)]

# encontrar cuántas filas quedan en el marco de datos
data_clean_11var_noOutliers.shape
```

```
data_clean_11var_noOutliers["HeartDisease"].value_counts()
```

Balanceado de datos

```
df_array = np.array(df)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

print(Y)
```

```
#Funciones para el balanceado de datos
#Smote hace un Oversampling
#Mientras que RandomSampler y NearMiss hacen un Undersampling

smote = SMOTE(random_state=1000)
rus = RandomUnderSampler(random_state=1000)
nm = NearMiss()
```

División en Training, Validación y Test

```
def train_validation_test(X, Y, sampler):

    RANDOM_STATE = 7777
    #Dividimos los datos en training y test con 0.6 training y 0.4 test
    X_train, X_temp, Y_train, Y_temp  = train_test_split(X, Y,
test_size=0.4, random_state=RANDOM_STATE, stratify=Y)

    X_train, Y_train = sampler.fit_resample(X_train,Y_train)

    #Los datos de test los volvemos a dividir en 0.2 validación y 0.2 test
    X_val , X_test, Y_val, Y_test = train_test_split(X_temp, Y_temp,
test_size=0.5, random_state=RANDOM_STATE, stratify=Y_temp)

    return X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test
```

```
#Comprobación y visualización de la cantidad de datos que obtenemos luego
de hacer la división
#de entrenamiento, test y validación

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
print(np.unique(Y_train, return_counts=True))
```

```
print(np.unique(Y_val, return_counts=True))
print(np.unique(Y_test, return_counts=True))
```

Curva de aprendizaje para visualizar underfiting y overfiting

```
#Función para pintar las gráficas de las curvas de aprendizaje
def draw_learning_curve(err1, err2, title, label, lmb):

    b = err1
    plt.title(title)
    plt.xlabel(label)
    plt.ylabel("Recall")
    plt.plot(lmb, b, c="blue", label="Train")

    d = err2[0:len(err1)]
    plt.plot(lmb, d, c="orange", label="Cross Validation")
    plt.legend()
```

Regresión Logística

```
#Función Sigmoide
def sigmoid_funct(z):
    return 1 / (1 + np.exp(-z))

#Función de coste regularizada
def func_coste_reg(Thetas, X, Y, lmb, m):
    return cost_funct(Thetas, X, Y) + regularizacion(Thetas[1:], lmb, m)

#Función de regularización
def regularizacion(Thetas, lmb, m):
    return (lmb/(2*m))*np.sum(Thetas**2)

#Función de gradiente regularizado
def func_grad_reg(Thetas, X, Y, lmb, m):
    return np.add(gradient(Thetas, X, Y), reg_grad(Thetas[1:], lmb, m))

#Regularización del gradiente
def reg_grad(Thetas, lmb, m):
        return np.insert(lmb/m*Thetas, 0, values=[0])

#Función de coste sin regularización
def cost_funct(Theta, X, Y):
    g = sigmoid_funct(np.matmul(X, Theta))
    m = np.shape(X)[0]

    J = (np.matmul(np.transpose(np.log(g)), Y)) +
(np.matmul(np.transpose(np.log(1-g)), (1 - Y)))
    return np.sum(-J)/m
```

```
#Función de gradiente sin regularización
def gradient(Theta, X, Y):
    m = np.shape(X)[0]
    g = sigmoid_funct(np.matmul(X,Theta))
    J = np.dot(np.transpose(X), (g - Y))
    return J/m
```

```
#Función que calcula el porcentaje de aciertos para la regresión logística
def porcentaje_aciertos_RL(Theta, X, Y, mostrar):

    # Calculamos los valores estimados segun la theta que hemos obtenido
    sigmoid = sigmoid_funct(np.matmul(X, Theta))

    if mostrar:
        print(classification_report(Y,(sigmoid >= 0.5),
target_names=["no", "si"]))
        print(confusion_matrix(Y,(sigmoid >= 0.5)))

    #Obtenemos la especificidad y la sensibilidad
    recall_0 = confusion_matrix(Y,(sigmoid >= 0.5), normalize =
"true")[0][0]
    if(len(confusion_matrix(Y,(sigmoid >= 0.5), normalize = "true")) < 2):
        if(np.sum(Y) == 0):
            recall_1 = 1
        else:
            recall_1 = 0
    else:
        recall_1 = confusion_matrix(Y,(sigmoid >= 0.5), normalize =
"true")[1][1]

    #print(recall_0)
    #print(recall_1)
    #print(len(Y))
    #harm_recall = 2/((1.0/recall_0) + (1.0/recall_1))
    # Devolvemos el porcentaje
    #return harm_recall
    return recall_1
```

```
def mainRL_Data(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb, mul,
name):

    #Obtencion de todas las columnas de la tabla menos la de salida la
primera
    m = np.shape(X_train)[0]

    print((Y_train== 0).sum())
    print( (Y_train== 1).sum() )
    #Inicializamos las Thetas a 0

    #print(Thetas)
```

```
    #Si la representación que le pasamos al algoritmo no tiene la primera
columna ya puesta como 1 se la ponemos dentro
    if(mul == False):
        # Agregamos una columna de 1s
        X_train = np.hstack([np.ones([m, 1]), X_train])

        m_val = np.shape(X_val)[0]
        print(m_val)
        # Agregamos una columna de 1s
        X_val = np.hstack([np.ones([m_val, 1]), X_val])

        m_t = np.shape(X_test)[0]
        print(m_t)
        # Agregamos una columna de 1s
        X_test = np.hstack([np.ones([m_t, 1]), X_test])

    print(np.shape(X_train))
    errorT = []
    errorV = []

    n = np.shape(X_train)[1]
    print(n)
    Thetas = np.zeros(n)

    Max = 0
    LambdaF= 0
    rangeVals= [];
    for data in range(10,m,1000):

        rangeVals.append(data)
        result = opt.fmin_tnc(func=func_coste_reg, x0=Thetas,
fprime=func_grad_reg, args=(X_train[0:data],Y_train[0:data],lmb,m),
messages=0)

        errorT.append(porcentaje_aciertos_RL(result[0], X_train[0:data],
Y_train[0:data], False))

        porcentaje =  porcentaje_aciertos_RL(result[0], X_val, Y_val,
False)
        errorV.append(porcentaje)
        if(porcentaje > Max):
            Max = porcentaje
            LambdaF = i


    draw_learning_curve(errorT, errorV, "Regresion Logistica", "Num
training examples", rangeVals)
    plt.savefig(name)
    #Test
    print("Valores en test")
```

```
    print("Para lambda: " + str(LambdaF))
    result = opt.fmin_tnc(func=func_coste_reg, x0=Thetas,
fprime=func_grad_reg, args=(X_train,Y_train,LambdaF,m), messages=0)

    print(result[0])
    porcentaje =  porcentaje_aciertos_RL(result[0], X_test, Y_test, True)

    print("Recall para la clase 1: " + str(porcentaje))
```

```
def mainRL(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb, mul,
name):

    #Obtencion de todas las columnas de la tabla menos la de salida la
primera
    m = np.shape(X_train)[0]

    print((Y_train== 0).sum())
    print( (Y_train== 1).sum() )
    #Inicializamos las Thetas a 0

    #Si la representación que le pasamos al algoritmo no tiene la primera
columna ya puesta como 1 se la ponemos dentro
    if(mul == False):
        # Agregamos una columna de 1s
        X_train = np.hstack([np.ones([m, 1]), X_train])

        m_val = np.shape(X_val)[0]
        print(m_val)
        # Agregamos una columna de 1s
        X_val = np.hstack([np.ones([m_val, 1]), X_val])

        m_t = np.shape(X_test)[0]
        print(m_t)
        # Agregamos una columna de 1s
        X_test = np.hstack([np.ones([m_t, 1]), X_test])

    print(np.shape(X_train))
    errorT = []
    errorV = []

    n = np.shape(X_train)[1]
    print(n)
    Thetas = np.zeros(n)

    Max = 0
    LambdaF= 0
    #Para cada lambda calculamos las Thetas óptimas, pintamos la función y
sacamos el porcentaje de aciertos
    for i in lmb:
```

```
        result = opt.fmin_tnc(func=func_coste_reg, x0=Thetas,
fprime=func_grad_reg, args=(X_train,Y_train,i,m), messages=0)
        print("Lambda: " , i)
        errorT.append(porcentaje_aciertos_RL(result[0], X_train, Y_train,
False))

        #print(result[0])
        porcentaje =  porcentaje_aciertos_RL(result[0], X_val, Y_val,
False)
        print("Resultado en validación: " + str(porcentaje))
        errorV.append(porcentaje)
        if(porcentaje > Max):
            Max = porcentaje
            LambdaF = i


    draw_learning_curve(errorT, errorV, "Regresion Logística", "lambda",
lmb)
    plt.savefig(name)
    #Test
    print("Valores en test")
    print("Para lambda: " + str(LambdaF))
    result = opt.fmin_tnc(func=func_coste_reg, x0=Thetas,
fprime=func_grad_reg, args=(X_train,Y_train,LambdaF,m), messages=0)
    #print(result[0])
    porcentaje =  porcentaje_aciertos_RL(result[0], X_test, Y_test, True)
    print("Recall para la clase 1: " + str(porcentaje))
```

```
df_array = np.array(df)

X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#No regularizamos
lmb = 0
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 2
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
```

```
X_test = poly.fit_transform(X_test)


mainRL_Data(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, True,
"Lmb_0_Pol2.png")
```

```
df_array = np.array(df)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#lmb = [0,0.1,0.25,0.5,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100,150,200]
lmb = [145,150,155,160,170]
#lmb = [15,16,17,18,19,20,21,22,23,24,25]
#lmb = [50,60100,150,200]
#lmb = [0,0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25]
#lmb = [50,60,70,80,90,95,100,105,110,120]
#lmb = [1]
#lmb = [0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25, 0.3, 0.35, 0.4, 0.45, 0.5 ]
#X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(Xrus,
Yrus)

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 3
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
X_test = poly.fit_transform(X_test)


mainRL(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, False,
"RL_reg_0_200_pol3.png")
```

Dataset con 11 Variables

```
#Dataset con solo 10 variables, prueba de overfitting
df_array = np.array(df_copia)

X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
```

```
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]
#print(Y)
#No regularizamos
lmb = 0
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 3
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
X_test = poly.fit_transform(X_test)


mainRL_Data(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, True,
"10Var_Lmb_0_Pol3.png")
```

```
#DataFrame solo con 10 variables
df_array = np.array(df_copia)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#lmb =  [0,0.1,0.25,0.5,1,1.5, 2,3,4,5,6,7,10,15,20,25,30,50,100,150,200]
lmb = [40,45, 50,55,60,70]

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 2
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
X_test = poly.fit_transform(X_test)

mainRL(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, True,
"RL_reg_10Var_Tlmb.png")
```

Eliminación de Outliers

```
#Dataset entero eliminando outliers, prueba de overfitting
df_array = np.array(data_clean_no_outliers)

X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]
#print(Y)
#No regularizamos
lmb = 0
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 3
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
X_test = poly.fit_transform(X_test)


mainRL_Data(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, True,
"RL_NO_OUTLIERS_DATA.png")
```

```
#DataFrame eliminando outliers
df_array = np.array(data_clean_no_outliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

lmb =  [0, 0.1, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 15, 20, 25, 30,
40, 45, 50, 55, 60, 60, 100, 150, 200]
#lmb = [40, 45, 50, 55, 60, 70]

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
```

```
#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 2
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
X_test = poly.fit_transform(X_test)

mainRL(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, True,
"RL_NO_OUTLIERS_LAMBDA.png")
```

Dataset con 11 variables y eliminación de outliers

```
#Dataset entero eliminando outliers, prueba de overfitting
df_array = np.array(data_clean_11var_noOutliers)

X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]
#print(Y)
#No regularizamos
lmb = 0
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 3
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
X_test = poly.fit_transform(X_test)


mainRL_Data(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, True,
"RL_NO_OUTLIERS_11VAR_DATA.png")
```

```
#DataFrame eliminando outliers
df_array = np.array(data_clean_11var_noOutliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
```

```
n = np.shape(X)[1]

lmb =  [0, 0.1, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 15, 20, 25, 30,
40, 45, 50, 55, 60, 60, 100, 150, 200]
#lmb = [40, 45, 50, 55, 60, 70]

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

#Metemos más variables si es necesario, con esto estamos intentando que se
produzca un overfitting
#Combinaciones de 2
poly = PolynomialFeatures(3)
X_train = poly.fit_transform(X_train)
X_val = poly.fit_transform(X_val)
X_test = poly.fit_transform(X_test)

mainRL(X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test, lmb, True,
"RL_NO_OUTLIERS_11VAR_LAMBDA.png")
```

Redes Neuronales

```
#Función de coste regularizado
def func_coste_reg(Thetas, X, Y, lmb):
    m = np.shape(X)[0]
    return cost_funct(Y, X, m) + regularizacion(Thetas, lmb, m)

#Función de coste sin regularización
def cost_funct(Y, g, m):
    J = np.sum(-1.0*Y* np.log(g) -1.0*(1 - Y)* np.log(1-g))
    return J/m

#Función de regularización
def regularizacion(Thetas, lmb, m):
    suma = 0
    for i in Thetas:
        i = i[:,1:]
        suma += (np.sum(i**2))

    return (lmb/(2*m))*suma
```

```
#Función que implementa la propagación hacia adelante
def forward_propagation(X, theta1, theta2, m, Y):

    #Capa entrada asignamos la X con los unos incluidos
    a1 = np.hstack([np.ones([m, 1]), X])
    #capa intermedia (hidden) calculamos las ecuaciones de la anterior,
aplicamos la sigmoide e incluimos los unos de la neurona 0
    z2 = np.dot(a1, theta1.T)
```

```
    a2 = np.hstack([np.ones([m, 1]), sigmoid_funct(z2)])

    #Capa salida calcuamos las ecuaciones con theta2 y aplicamos la
sigmoide, nos devuelve la matriz de salida 5000x10
    z3 = np.dot(a2, theta2.T)

    a3 = sigmoid_funct(z3)

    return a1, z2, a2, z3, a3
```

```
#Función que genera los pesos aleatorios
def RandomWeights(entradas, salidas, ini):
    Theta = np.random.uniform(-ini, ini, size = (salidas,entradas+1))
    return Theta
```

```
#Función que implementa la propagación hacia atrás
def backprop(params_rn, num_entradas, num_ocultas, num_etiquetas, X, Y,
reg):
    #Recostruimos las Thetas
    Theta1 = np.reshape(params_rn[:num_ocultas *(num_entradas +
1)],(num_ocultas, (num_entradas+1)))
    Theta2 = np.reshape(params_rn[num_ocultas*(num_entradas + 1): ],
(num_etiquetas,(num_ocultas+1)))

    m = X.shape[0]
    y_onehot = Y

    a1, z2, a2, z3, a3 = forward_propagation(X, Theta1, Theta2, m,
y_onehot)
    #Calculamos el coste
    coste = func_coste_reg([Theta1, Theta2], a3, y_onehot, reg)

    d3 = a3 - y_onehot
    d2 = np.matmul(Theta2.T,d3.T)*(a2*(1-a2)).T

    #Calculamos los gradientes no regularizados
    G1 = np.matmul(d2[1:,:], a1)/m
    G2 = np.matmul(d3.T,a2)/m

    #Calculamos los gradientes regularizados
    G1 = G1 + ((reg*1.0)/m)*np.insert(Theta1[:, 1:], 0, 0, axis = 1)
    G2 = G2 + ((reg*1.0)/m)*np.insert(Theta2[:, 1:], 0, 0, axis = 1)

    #Ponemos los gradientes en forma de lista
    gradientes = np.concatenate((G1, G2), axis = None)

    return coste, gradientes
```

```
#Función que calcula el porcentaje de aciertos para Redes Neuronales
```

```
def porcentaje_aciertos_RN(a3, X, Y, show):
    # Calculamos los valores estimados segun la theta que hemos obtenido
    if(show):
        print(classification_report(Y,(a3 >= 0.5), target_names=["no",
"si"]))

    #Obtenemos la especificidad y la sensibilidad
    recall_0 = confusion_matrix(Y,(a3 >= 0.5), normalize = "true")[0][0]
    if(len(confusion_matrix(Y,(a3 >= 0.5), normalize = "true")) < 2):
        if(np.sum(Y) == 0):
            recall_1 = 1
        else:
            recall_1 = 0
    else:
        recall_1 = confusion_matrix(Y, (a3 >= 0.5) , normalize =
"true")[1][1]
    #print(recall_0)
    #print(recall_1)
    #print(len(Y))
    #harm_recall = 2/((1.0/recall_0) + (1.0/recall_1))
    # Devolvemos el porcentaje
    #return harm_recall
    return recall_1
```

```
def optimize_backprop_and_check_test ( X_test,Y_test, Theta1, Theta2):

    #Resultados para Test
    m = X_test.shape[0]
    #Hacemos el forward propagation
    a1, z2, a2, z3, a3 = forward_propagation(X_test, Theta1, Theta2, m,
Y_test)

    #Sacamos los aciertos
    Y_test = Y_test.ravel()
    accT = porcentaje_aciertos_RN(a3, X_test, Y_test, True)

    return accT
```

```
def optimize_backprop_and_check (num_entradas, num_ocultas, num_etiquetas,
reg, X, laps, Y):

    ini1 = 0.1
    ini2 = 0.1

    #Inicializamos los pesos y los ponemos en forma de lista
    Theta1 = RandomWeights(num_entradas, num_ocultas, ini1)
    Theta2 = RandomWeights(num_ocultas, num_etiquetas, ini2)
    pesos = np.concatenate((Theta1, Theta2), axis=None)

    m = X.shape[0]
```

```
    #Optimizamos
    out = opt.minimize(fun = backprop, x0 = pesos, args = (num_entradas,
num_ocultas, num_etiquetas, X, Y, reg), method='TNC', jac = True, options
= {'maxiter': laps})

    #Reconstruimos las Thetas
    Theta1 =
out.x[:(num_ocultas*(num_entradas+1))].reshape(num_ocultas,(num_entradas+1
))
    Theta2 =
out.x[(num_ocultas*(num_entradas+1)):].reshape(num_etiquetas,(num_ocultas+
1))

    return Theta1, Theta2
```

```
def optimize_backprop_training_validation (num_entradas, num_ocultas,
num_etiquetas, reg, X, laps, Y, X_val, Y_val):

    Theta1, Theta2 = optimize_backprop_and_check (num_entradas,
num_ocultas, num_etiquetas, reg, X, laps, Y)
    #Resultados para val
    m_val = X_val.shape[0]
    #Hacemos el forward propagation
    a1, z2, a2, z3, a3 = forward_propagation(X_val, Theta1, Theta2, m_val,
Y_val)

    #Sacamos los aciertos
    Y = Y.ravel()
    accV = porcentaje_aciertos_RN(a3, X_val, Y_val, False)

    #Resultados para Training
    m = X.shape[0]
    #Hacemos el forward propagation
    a1, z2, a2, z3, a3 = forward_propagation(X, Theta1, Theta2, m, Y)

    #Sacamos los aciertos
    #Y = Y.ravel()
    accT = porcentaje_aciertos_RN(a3, X, Y, False)

    return accV, accT, Theta1, Theta2
```

```
def main_RN_data(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb, mul,
name, num_hiden_layers):

    num_labels = 1

    num_entries = np.shape(X_train)[1]
    reg = 0
    m = X_train.shape[0]
    y = np.array([Y_train])
```

```
    y = y.T

    Y_val = np.array([Y_val])
    Y_val = Y_val.T
    errorV = []
    errorT = []
    Theta1F = []
    Theta2F  = []
    rangeVals = []
    Max = 0

    #print(y)
    for data in range(10,m,5000):
        rangeVals.append(data)
        acc_val, acc_training, Theta1, Theta2 =
optimize_backprop_training_validation(num_entries, num_hiden_layers,
num_labels, reg, X_train[:data], 250, y[:data], X_val, Y_val)
        errorV.append(acc_val)
        errorT.append(acc_training)
        if(acc_val > Max):
            Max = acc_val
            Theta1F = Theta1
            Theta2F = Theta2
            LambdaF = i

    draw_learning_curve(errorT, errorV, "Redes neuronales", "datos",
rangeVals)
    plt.savefig(name)
    acc= optimize_backprop_and_check_test ( X_test,Y_test, Theta1F,
Theta2F)

    return acc
```

```
def main_RN_lambda(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb,
name,num_hiden_layers):
    #Check del gradiente con reg
    #print(grad.checkNNGradients(backprop, reg))

    num_labels = 1

    num_entries = np.shape(X_train)[1]
    #num_hiden_layers = 5
    #reg = 0.01

    m = X_train.shape[0]
    n = X_train.shape[1]

    y = np.array([Y_train])
    y = y.T

    Y_val = np.array([Y_val])
```

```
    Y_val = Y_val.T
    errorV = []
    errorT = []
    Theta1F = []
    Theta2F  = []
    rangeVals = []
    Max = 0
    #print(y)
    for reg in lmb:
        print("Para lambda: " + str(reg))
        rangeVals.append(reg)
        acc_val, acc_training, Theta1, Theta2 =
optimize_backprop_training_validation(num_entries, num_hiden_layers,
num_labels, reg, X_train, 250, y, X_val, Y_val)
        errorV.append(acc_val)
        errorT.append(acc_training)
        print("Recall en validacion: " + str(acc_val))
        if(acc_val > Max):
            Max = acc_val
            Theta1F = Theta1
            Theta2F = Theta2
            LambdaF = reg

    print("Best lambda value is: " + str(LambdaF))
    draw_learning_curve(errorT, errorV, "Redes neuronales", "lambda",
rangeVals)
    plt.savefig(name)
    acc= optimize_backprop_and_check_test ( X_test,Y_test, Theta1F,
Theta2F)

    return acc
```

Dataset completo

```
name = "RedesNeuronalesData"

#DataFrame
df_array = np.array(df)
X = df_array[:, 1:]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
print(X_train.shape)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)

neuronas = [5, 10, 20, 50, 100, 150, 200, 250, 400, 500]
```

```
for neurona_i in neuronas:
    plt.clf() #Para limpiar el grafico anterior
    name_i = name + str(neurona_i)
    main_RN_data(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb,
True, name_i, neurona_i)
```

```
name = "RedesneuronalesLMB.png"

#DataFrame
df_array = np.array(df)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#lmb = [0,0.1,1,2]
lmb = [0, 0.05, 0.1, 0.15, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 15,
20, 25, 30, 50, 90, 95, 100, 105, 110, 120]
#lmb = [8,9,9.5,10,10.5,11]
#lmb = [0,0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25]
#lmb = [50,60,70,80,90,95,100,105,110,120]
#lmb =
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
#X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


main_RN_lambda(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb, name,
250)
```

```
name = "RedesNeuronalesData_11VAR_"

#DataFrame
df_array = np.array(df_copia)
X = df_array[:, 1:]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
print(X_train.shape)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)

neuronas = [5, 10, 20, 50, 100, 150, 200, 250, 400, 500]
for neurona_i in neuronas:
    plt.clf() #Para limpiar el grafico anterior
```

```
    name_i = name + str(neurona_i)
    main_RN_data(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb,
True, name_i, neurona_i)
```

```
name = "RedesneuronalesLMB_11VAR.png"

#DataFrame
df_array = np.array(df_copia)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#lmb = [0,0.1,1,2]
lmb = [0, 0.05, 0.1, 0.15, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 15,
20, 25, 30, 50, 90, 95, 100, 105, 110, 120]
#lmb = [8,9,9.5,10,10.5,11]
#lmb = [0,0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25]
#lmb = [50,60,70,80,90,95,100,105,110,120]
#lmb =
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
#X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


main_RN_lambda(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb, name,
250)
```

Eliminación Outliers

```
name = "RedesNeuronalesData_NO_OUTLIERS_"

#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_no_outliers)
X = df_array[:, 1:]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
print(X_train.shape)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)

neuronas = [5, 10, 20, 50, 100, 150, 200, 250, 400, 500]
```

```
for neurona_i in neuronas:
    plt.clf() #Para limpiar el grafico anterior
    name_i = name + str(neurona_i)
    main_RN_data(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb,
True, name_i, neurona_i)
```

```
name = "RedesneuronalesLMB_NO_OUTLIERS.png"

#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_no_outliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#lmb = [0,0.1,1,2]
lmb = [0, 0.05, 0.1, 0.15, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 15,
20, 25, 30, 50, 90, 95, 100, 105, 110, 120]
#lmb = [8,9,9.5,10,10.5,11]
#lmb = [0,0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25]
#lmb = [50,60,70,80,90,95,100,105,110,120]
#lmb =
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
#X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


main_RN_lambda(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb, name,
250)
```

Dataset de 11 variables y eliminación de outliers

```
name = "RedesNeuronalesData_11VAR_NO_OUTLIERS_"

#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_11var_noOutliers)
X = df_array[:, 1:]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]

#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
print(X_train.shape)
X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)
```

```
neuronas = [5, 10, 20, 50, 100, 150, 200, 250, 400, 500]
for neurona_i in neuronas:
    plt.clf() #Para limpiar el grafico anterior
    name_i = name + str(neurona_i)
    main_RN_data(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb,
True, name_i, neurona_i)
```

```
name = "RedesneuronalesLMB_11VAR_NO_OUTLIERS.png"

#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_11var_noOutliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#lmb = [0,0.1,1,2]
lmb = [0, 0.05, 0.1, 0.15, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 15,
20, 25, 30, 50, 90, 95, 100, 105, 110, 120]
#lmb = [8,9,9.5,10,10.5,11]
#lmb = [0,0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25]
#lmb = [50,60,70,80,90,95,100,105,110,120]
#lmb =
#Obtenemos los sets de test training y validación
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
#X_train, Y_train = shuffle(X_train, Y_train)


main_RN_lambda(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, lmb, name,
250)
```

SVM

Lineal

```
def porcentaje_aciertos_SVM(Y,Y_pred, mostrar):

    if mostrar:
        print(classification_report(Y,Y_pred, target_names=["no", "si"]))
        print(confusion_matrix(Y,Y_pred))

    #Obtenemos la especificidad y la sensibilidad
    recall_0 = confusion_matrix(Y,Y_pred, normalize = "true")[0][0]
    if(len(confusion_matrix(Y,Y_pred, normalize = "true")) < 2):
        if(np.sum(Y) == 0):
            recall_1 = 1
```

```
        else:
            recall_1 = 0
    else:
        recall_1 = confusion_matrix(Y,Y_pred, normalize = "true")[1][1]
    #print(recall_0)
    #print(recall_1)
    #print(len(Y))
    #harm_recall = 2/((1.0/recall_0) + (1.0/recall_1))
    # Devolvemos el porcentaje
    #return harm_recall
    return recall_1
```

```
def Main_svm_linearKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test,
C, name):

    c = 0

    Max = 0
    BestC = 0
    accAux = 0
    errorV = []
    errorT = []
    for i in C:
        print("Para C: " + str(i))
        svm_clf = svm.SVC(kernel='linear' , C=i)
        svm_clf.fit(X_train, Y_train)

        T_svm_predict = svm_clf.predict(X_train)
        errorT.append(porcentaje_aciertos_SVM(Y_train, T_svm_predict,
False))
        print("Finished fit")

        Y_svm_predict = svm_clf.predict(X_val)

        print("Finished predicting")

        porcentaje = porcentaje_aciertos_SVM(Y_val, Y_svm_predict, False)
        print("Recall en validación: "+ str(porcentaje))
        errorV.append(porcentaje)
        if porcentaje > Max:
            Max = porcentaje
            BestC = i
        #Confusion Matrix
        title_img = "randomState_linearKernel" + str(i) + ".png"
        #plot_confusion_matrix(Y_svm_test, Y_svm_predict, ['normal',
'enfermo'], normalize=True, title=title_img)
        #print(confusion_matrix(Y_svm_test, Y_svm_predict))

    draw_learning_curve(errorT, errorV, "Support Vector Machine", "C", C)
    plt.savefig(name)
    svm_clf = svm.SVC(kernel='linear' , C=BestC)
```

```
    svm_clf.fit(X_train, Y_train)
    print("Test")
    print("Mejor valor de C : " + str(BestC))
    print("Finished fit")

    Y_svm_predict = svm_clf.predict(X_test)

    print("Finished predicting")

    porcentaje = porcentaje_aciertos_SVM(Y_test, Y_svm_predict, True)
    print("Recall para la clase 1: " + str(porcentaje))
    return porcentaje


name = "SupportVectorMachinesLinear_0.01_1.png"

#DataFrame
df_array = np.array(df)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#C = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30, 50]
C = [0.005, 0.01, 0.015, 0.02, 0.03, 0.05, 0.1, 0.3, 0.5, 1]
#C = [0.005, 0.01,0.015]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

Main_svm_linearKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, C,
name)
```

Dataset con 11 variables

```
name = "SupportVectorMachinesLinear_11VAR.png"

#DataFrame
df_array = np.array(df_copia)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#C = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30, 50]
C = [0.005, 0.01, 0.015, 0.02, 0.03, 0.05, 0.1, 0.3, 0.5, 1]
#C = [0.005, 0.01,0.015]
```

```
X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

Main_svm_linearKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, C,
name)
```

Eliminación de outliers

```
name = "SupportVectorMachinesLinear_NO_OUTLIERS.png"

#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_no_outliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#C = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30, 50]
C = [0.005, 0.01, 0.015, 0.02, 0.03, 0.05, 0.1, 0.3, 0.5, 1]
#C = [0.005, 0.01,0.015]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

Main_svm_linearKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, C,
name)
```

Dataset con 11 variables y eliminación de outliers

```
name = "SupportVectorMachinesLinear_11VAR_NO_OUTLIERS.png"

#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_11var_noOutliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

#C = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30, 50]
C = [0.005, 0.01, 0.015, 0.02, 0.03, 0.05, 0.1, 0.3, 0.5, 1]
#C = [0.005, 0.01,0.015]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
```

```
Main_svm_linearKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, C,
name)
```

SVM con Kernel Gaussiano

```
def Main_svm_gaussianKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test,
Y_test, C, sigma, name):

    c = 0
    sig = 0

    Max = 0
    BestC = 0
    Bestsigma = 0
    accAux = 0
    errorV = []
    errorT = []
    Vars = []
    accAux = 0
    for i in C:
        Vars.clear()
        errorT.clear()
        errorV.clear()
        for j in sigma:

            Vars.append(str(j))
            print("Execution:", i, j)
            svm_clf = svm.SVC(kernel='rbf' , C=i, gamma = (1 / (2 *
j**2)))
            svm_clf.fit(X_train, Y_train)

            print("Finish fit")

            T_svm_predict = svm_clf.predict(X_train)
            errorT.append(porcentaje_aciertos_SVM(Y_train, T_svm_predict,
False))
            print("Finished fit")

            Y_svm_predict_val = svm_clf.predict(X_val)

            porcentaje = porcentaje_aciertos_SVM(Y_val, Y_svm_predict_val,
True)
            errorV.append(porcentaje)
            if porcentaje > Max:
                Max = porcentaje
                BestC = i
                Bestsigma = j

        plt.figure().clear()
```

```
        plt.cla()
        plt.clf()
        draw_learning_curve(errorT, errorV, "C_" + str(i), "sigma", Vars)
        plt.savefig("C_" + str(i) + ".png")

    print("Finished predicting")
    #plt.rcParams["figure.figsize"] = (20, 7)
    print("Test results for best C: " + str(BestC) + " and best sigma " +
str(Bestsigma))
    #draw_learning_curve(errorT, errorV, "Support Vector Machine", "C",
Vars)

    #plt.savefig(name)

    svm_clf = svm.SVC(kernel='rbf' , C=BestC, gamma = (1 / (2 *
Bestsigma**2)))
    svm_clf.fit(X_train, Y_train)

    print("Finished fit")
    #plt.rcParams["figure.figsize"] =
plt.rcParamsDefault["figure.figsize"]
    Y_svm_predict = svm_clf.predict(X_test)

    print("Finished predicting")

    porcentaje = porcentaje_aciertos_SVM(Y_test, Y_svm_predict, True)
    print("Recall para la clase 1: " + str(porcentaje))

    return porcentaje
```

Dataset con 11 variables

```
name = "SupportVectorMachinesGaussian0.01_40.png"

#DataFrame
df_array = np.array(df)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

C = [0.1, 0.5, 1, 10, 20, 40]
sigma = [1, 5, 10, 20, 30, 40]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)
```

```
Main_svm_gaussianKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test,
C, sigma, name)
name = "SupportVectorMachinesGaussian_11VAR.png"

#DataFrame
df_array = np.array(df_copia)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

C = [0.1, 0.5, 1, 10, 20, 40]
sigma = [1, 5, 10, 20, 30, 40]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

Main_svm_gaussianKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, C,
sigma, name)
```

Eliminación de outliers

```
name = "SupportVectorMachinesGaussian_NO_OUTLIERS.png"

#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_no_outliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

C = [0.1, 0.5, 1, 10, 20, 40]
sigma = [1, 5, 10, 20, 30, 40]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

Main_svm_gaussianKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, C,
sigma, name)
```

Dataset con 11 variables y eliminación de outliers

```
name = "SupportVectorMachinesGaussian_NO_OUTLIERS.png"
```

```
#DataFrame
df_array = np.array(data_clean_no_outliers)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

C = [0.1, 0.5, 1, 10, 20, 40]
sigma = [1, 5, 10, 20, 30, 40]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y,
rus)

Main_svm_gaussianKernel(X_train, Y_train, X_val, Y_val, X_test, Y_test, C,
sigma, name)
```

Comparing other algorithms

```
#DataFrame
df_array = np.array(df)
X = df_array[:, 1:]
m = np.shape(X)[0]

#Obtencion de la primera columna de la tabla, la de salida
Y = df_array[:, 0]
n = np.shape(X)[1]

X_train,Y_train, X_val,Y_val, X_test,Y_test = train_validation_test(X, Y, rus)
```

MLPClassifier

```
from sklearn.neural_network import MLPClassifier
modelo=MLPClassifier()
modelo.fit(X_train, Y_train)
prediccion = modelo.predict(X_test)
report = classification_report(Y_test, prediccion)
print(report)

cnf_matrix = confusion_matrix(Y_test, prediccion)
print(cnf_matrix)
```

Bagging Classifier

```
from sklearn.ensemble import BaggingClassifier
modelo=BaggingClassifier(n_estimators = 250, random_state = 1000)
modelo.fit(X_train, Y_train)
```

```
prediccion = modelo.predict(X_test)
report = classification_report(Y_test, prediccion)
print(report)
cnf_matrix = confusion_matrix(Y_test, prediccion)
print(cnf_matrix)
from sklearn.naive_bayes import BernoulliNB
modelo = BernoulliNB()
modelo.fit(X_train, Y_train)
prediccion = modelo.predict(X_test)
report = classification_report(Y_test, prediccion)

print(report)

cnf_matrix = confusion_matrix(Y_test, prediccion)
print(cnf_matrix)
```

Random Forest Classifier

```
from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier, RandomForestClassifier
modelo = RandomForestClassifier(criterion='gini', random_state=0)
modelo.fit(X_train, Y_train)

prediccion = modelo.predict(X_test)
report = classification_report(Y_test, prediccion)

print(report)
cnf_matrix = confusion_matrix(Y_test, prediccion)
print(cnf_matrix)
```

Gradient Boosting

```
#Gradient Boosting

modelo = GradientBoostingClassifier(loss='deviance', random_state=1000)
modelo.fit(X_train, Y_train)

prediccion = modelo.predict(X_test)

report = classification_report(Y_test, prediccion)
print(report)

cnf_matrix = confusion_matrix(Y_test, prediccion)
print(cnf_matrix)
```