



**Universidad Tecnológica De Querétaro**

## **2da Evaluación**

**Diego Ulises Mireles Marcial**

**viernes, 11 de agosto de 2023**

**UTEQ, Av. Pie de la Cuesta 2501, Nacional, 76148 Santiago de Querétaro, Qro.**

**Grupo: IDSG05**

## Contenido

SA.....	3
Análisis supervisado (Beisbol) .....	3
Justificación del algoritmo.....	3
Descripción del diseño del modelo .....	3
Evaluación y optimización del modelo.....	4
Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido. ....	5
Gráfica personalizada e interpretación de resultados. ....	5
Análisis supervisado (diabetes_indiana) .....	6
Justificación del algoritmo.....	6
Descripción del diseño del modelo. ....	6
Evaluación y optimización del modelo.....	8
Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido. ....	9
Gráfica personalizada e interpretación de resultados. ....	9
Análisis no supervisado (Samsung) .....	10
Justificación del algoritmo.....	10
Descripción del diseño del modelo. ....	10
Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido. ....	12
Gráfica personalizada e interpretación de resultados. ....	12
Análisis no supervisado (comprar_alquilar).....	13
Justificación del algoritmo.....	13
Descripción del diseño del modelo. ....	13
Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido. ....	14
Gráfica personalizada e interpretación de resultados. ....	15
DE .....	16
Justificación del algoritmo.....	16
Descripción del diseño del modelo. ....	16
Evaluación y optimización del modelo.....	17
Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido. ....	19
Gráfica personalizada e interpretación de resultados. ....	20
AU .....	21

## SA

### Análisis supervisado (Beisbol)

1. Basado en el conjunto de datos "beisbol.csv", implemente el algoritmo de regresión de su preferencia y entregue un reporte que incluya:

#### Justificación del algoritmo.

En este caso, hemos utilizado el algoritmo de regresión lineal para resolver el problema. La regresión lineal es una técnica estadística que se utiliza para modelar la relación entre una variable independiente (en este caso, los datos de bateos y equipos) y una variable dependiente (los datos de carreras anotadas). La elección de la regresión lineal se justifica por la suposición de que existe una relación lineal entre las características y la variable objetivo en el conjunto de datos.

#### Descripción del diseño del modelo

El diseño del modelo implica los siguientes pasos:

- Se cargan los datos del archivo CSV en un DataFrame utilizando la biblioteca Pandas.

```
[14]: import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.linear_model import LinearRegression
from sklearn.metrics import mean_squared_error, r2_score

[15]: # Cargar el conjunto de datos
beisbol_data = pd.read_csv(r'C:\Users\Diego\OneDrive\Escritorio\DatosEvaluacion\beisbol.csv')
```

- Se realiza el preprocesamiento de datos: Se codifica la columna categórica 'equipos' utilizando one-hot encoding para convertirla en variables numéricas.

```
[16]: # Codificar la columna 'equipos' usando one-hot encoding
beisbol_data = pd.get_dummies(beisbol_data, columns=['equipos'], drop_first=True)
```

- Se dividen los datos en características (X) y variable objetivo (y).

```
[17]: # Dividir el conjunto de datos en características (X) y variable objetivo (y)
X = beisbol_data.drop('runs', axis=1)
y = beisbol_data['runs']
```

- Se divide el conjunto de datos en conjuntos de entrenamiento y prueba utilizando la función train\_test\_split de Scikit-learn.

```
[18]: # Dividir el conjunto de datos en entrenamiento y prueba
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=42)
```

- Se crea una instancia del modelo de regresión lineal (LinearRegression) y se entrena en los datos de entrenamiento utilizando el método fit.

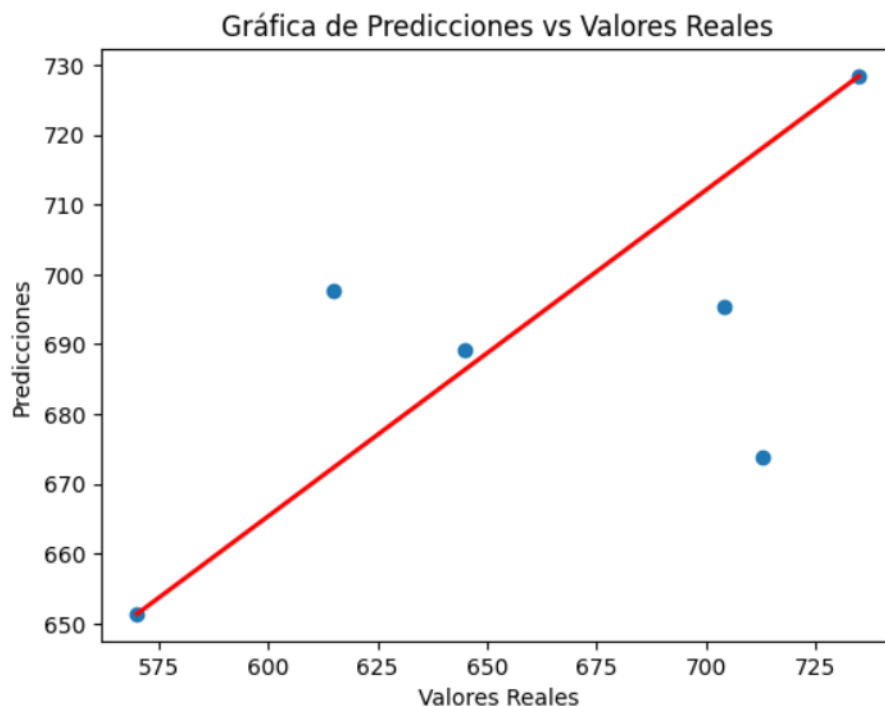
```
[19]: # Crear y entrenar el modelo de regresión lineal
      regression_model = LinearRegression()
      regression_model.fit(X_train, y_train)
```

```
[19]: ▾ LinearRegression
      LinearRegression()
```

```
[20]: # Realizar predicciones en el conjunto de prueba
      y_pred = regression_model.predict(X_test)
```

```
[21]: # Evaluar el modelo
      mse = mean_squared_error(y_test, y_pred)
      r2 = r2_score(y_test, y_pred)
```

```
[22]: # Crear una gráfica de dispersión y línea de regresión
      plt.scatter(y_test, y_pred)
      plt.plot([min(y_test), max(y_test)], [min(y_pred), max(y_pred)], color='red', linewidth=2)
      plt.xlabel('Valores Reales')
      plt.ylabel('Predicciones')
      plt.title('Gráfica de Predicciones vs Valores Reales')
      plt.show()
```



### Evaluación y optimización del modelo.

Después de entrenar el modelo, se realizan predicciones en el conjunto de prueba utilizando el método predict. Luego, se calcula el error cuadrático medio (MSE) y el coeficiente de determinación

( $R^2$ ) para evaluar el rendimiento del modelo. Estas métricas nos ayudan a entender qué tan bien se ajusta el modelo a los datos reales y cómo de bien puede predecir nuevas observaciones.

```
[23]: # Interpretar los resultados
print("Error cuadrático medio (MSE):", mse)
print("Coeficiente de determinación ( $R^2$ ):", r2)

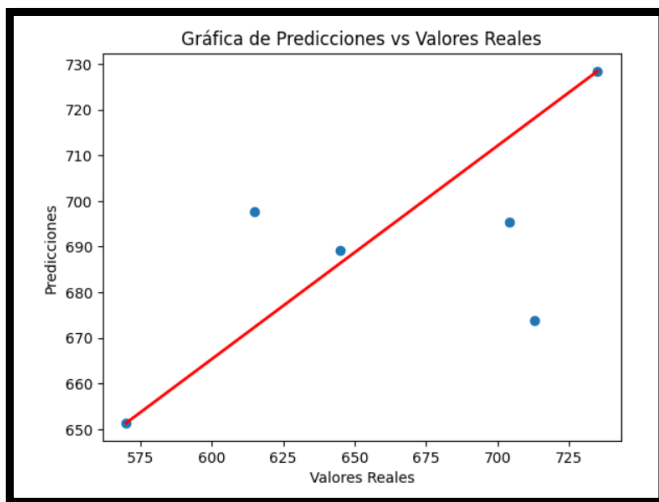
Error cuadrático medio (MSE): 2846.0684052806587
Coeficiente de determinación ( $R^2$ ): 0.17262780944068212
```

### Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido.

Para poder acceder a los datos y resultados, visitar el siguiente repositorio:

<https://github.com/DiegoUlisesMM/Eva2BD>

### Gráfica personalizada e interpretación de resultados.



Representa visualmente la relación entre las puntuaciones predichas por el modelo de regresión y los valores reales de carreras anotadas en los partidos de béisbol. Cada punto en la gráfica representa un equipo y su respectiva puntuación real en el eje horizontal, mientras que en el eje vertical se encuentran las puntuaciones predichas por el modelo. Una dispersión cercana a la línea diagonal indica una predicción precisa, donde las puntuaciones predichas se alinean estrechamente con las puntuaciones reales.

se puede observar que en su mayoría las puntuaciones predichas se encuentran en proximidad a la línea diagonal, lo que sugiere que el modelo ha logrado capturar las tendencias generales en los datos. Sin embargo, también se pueden identificar algunas discrepancias notables entre las predicciones y los valores reales, especialmente en los extremos. Estas discrepancias podrían deberse a variaciones no consideradas por el modelo o a factores atípicos en los datos.

## Análisis supervisado (diabetes\_indiana)

2. Basado en el conjunto de datos "diabetes\_indiana.csv" implemente el algoritmo de clasificación de su preferencia y entregue un reporte que incluya:

### Justificación del algoritmo.

Se eligió utilizar el algoritmo RandomForestClassifier para abordar el problema de clasificación en el conjunto de datos de diabetes de Indiana. La justificación detrás de esta elección radica en las siguientes razones:

- **Flexibilidad y Robustez:** RandomForestClassifier es un método de aprendizaje automático versátil que puede manejar tanto problemas de clasificación como de regresión. Son resistentes al sobreajuste y funcionan bien en una variedad de situaciones.
- **Manejo de Características:** Es capaz de manejar múltiples características y son adecuados para conjuntos de datos con características numéricas y categóricas.
- **Reducción de Variabilidad:** Al promediar las predicciones de varios árboles de decisión, los bosques aleatorios tienden a reducir la variabilidad y el ruido en las predicciones.

### Descripción del diseño del modelo.

El diseño del modelo se realizó siguiendo los siguientes pasos:

- **Carga de Datos:** Se cargó el conjunto de datos "diabetes\_indiana.csv" que contiene información sobre pacientes diabéticos.

```
[1]: import pandas as pd
      from sklearn.model_selection import train_test_split
      from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
      from sklearn.metrics import classification_report, confusion_matrix
      import matplotlib.pyplot as plt
      import seaborn as sns
```

```
[2]: # Cargar los conjuntos de datos
      diabetes_data = pd.read_csv(r'C:\Users\Diego\OneDrive\Escritorio\DatosEvaluacion\diabetes_indiana.csv')
```

- **Preprocesamiento de Datos:** Se eliminó la columna "Unnamed: 0" que parece ser un índice no necesario. Luego, se dividieron los datos en características (variables independientes) y la variable objetivo (variable dependiente).

```
[3]: # Dividir los datos en características (X) y variable objetivo (y)
      X = diabetes_data.drop(['Unnamed: 0', '8'], axis=1)
      y = diabetes_data['8']
```

- **División en Conjuntos de Entrenamiento y Prueba:** Los datos se dividieron en conjuntos de entrenamiento (80%) y prueba (20%) utilizando la función train\_test\_split.

```
[4]: # Dividir el conjunto de datos en conjuntos de entrenamiento y prueba
      X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=42)
```

- **Creación y Entrenamiento del Modelo:** Se creó un modelo RandomForestClassifier con una semilla aleatoria de 42 y se entrenó utilizando el conjunto de entrenamiento.

```
[5]: # Crear y entrenar el modelo RandomForest
random_forest_model = RandomForestClassifier(random_state=42)
random_forest_model.fit(X_train, y_train)
```

```
[5]: RandomForestClassifier
RandomForestClassifier(random_state=42)
```

- Evaluación del Modelo: Se realizaron predicciones en el conjunto de prueba y se generó un informe de clasificación que incluye métricas como precisión, recall, F1-score y soporte.

```
[6]: # Evaluar el modelo en el conjunto de prueba
y_pred = random_forest_model.predict(X_test)
classification_rep = classification_report(y_test, y_pred)
conf_matrix = confusion_matrix(y_test, y_pred)
```

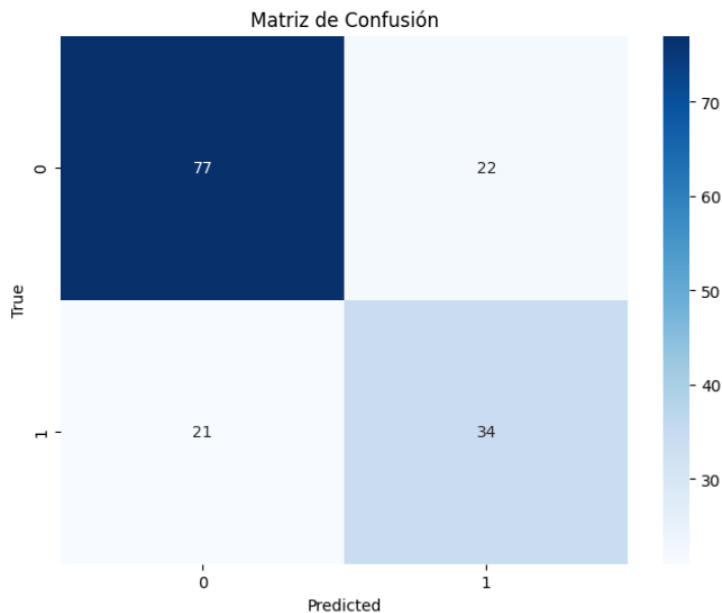
```
[7]: # Mostrar el informe de clasificación
print("Informe de Clasificación:")
print(classification_rep)
```

```
Informe de Clasificación:
              precision    recall  f1-score   support

     0       0.79        0.78        0.78         99
     1       0.61        0.62        0.61         55

 accuracy          0.72         0.72         0.72        154
 macro avg       0.70        0.70        0.70         154
 weighted avg    0.72        0.72        0.72         154
```

```
[8]: # Graficar la matriz de confusión
plt.figure(figsize=(8, 6))
plt.figure(figsize=(8, 6))
sns.heatmap(conf_matrix, annot=True, fmt='d', cmap='Blues')
plt.xlabel('Predicted')
plt.ylabel('True')
plt.title('Matriz de Confusión')
plt.show()
```



## Evaluación y optimización del modelo.

Se realiza una optimización adicional de los hiperparámetros del modelo RandomForest para mejorar su rendimiento. El código realiza una evaluación cuantitativa del modelo RandomForest utilizando métricas de evaluación específicas y realiza ajustes de los hiperparámetros con el objetivo de optimizar el rendimiento del modelo en la tarea de clasificación de la diabetes.

Los hiperparámetros que se ajustan incluyen el número de estimadores (`n_estimators`), la profundidad máxima de los árboles (`max_depth`), el número mínimo de muestras requeridas para dividir un nodo (`min_samples_split`) y el número mínimo de muestras requeridas en un nodo hoja (`min_samples_leaf`).

Estos hiperparámetros afectan la complejidad y la capacidad de generalización del modelo. Al ajustarlos, se busca encontrar un equilibrio entre el ajuste excesivo (`overfitting`) y la falta de ajuste (`underfitting`), mejorando así el rendimiento en datos no vistos.

```
[9]: # Crear y entrenar el modelo RandomForest con ajustes de hiperparámetros
random_forest_model = RandomForestClassifier(
    n_estimators=300,
    max_depth=20,
    min_samples_split=5,
    min_samples_leaf=2,
    max_features='sqrt',
    bootstrap=True,
    random_state=42
)
random_forest_model.fit(X_train, y_train)
```

```
[9]: ▼ RandomForestClassifier
RandomForestClassifier(max_depth=20, min_samples_leaf=2, min_samples_split=5,
    n_estimators=300, random_state=42)
```

```
[10]: # Evaluar el modelo en el conjunto de prueba
y_pred = random_forest_model.predict(X_test)
classification_rep = classification_report(y_test, y_pred)
conf_matrix = confusion_matrix(y_test, y_pred)
```

```
[11]: # Imprimir el reporte de clasificación y la matriz de confusión
print("Reporte de Clasificación:\n", classification_rep)
print("Matriz de Confusión:\n", conf_matrix)
```

```
Reporte de Clasificación:
              precision    recall  f1-score   support

     0       0.82        0.78        0.80         99
     1       0.63        0.69        0.66         55

 accuracy          0.75          0.75          0.75        154
 macro avg         0.73          0.73          0.73        154
 weighted avg      0.75          0.75          0.75        154
```

```
Matriz de Confusión:
[[77 22]
 [17 38]]
```

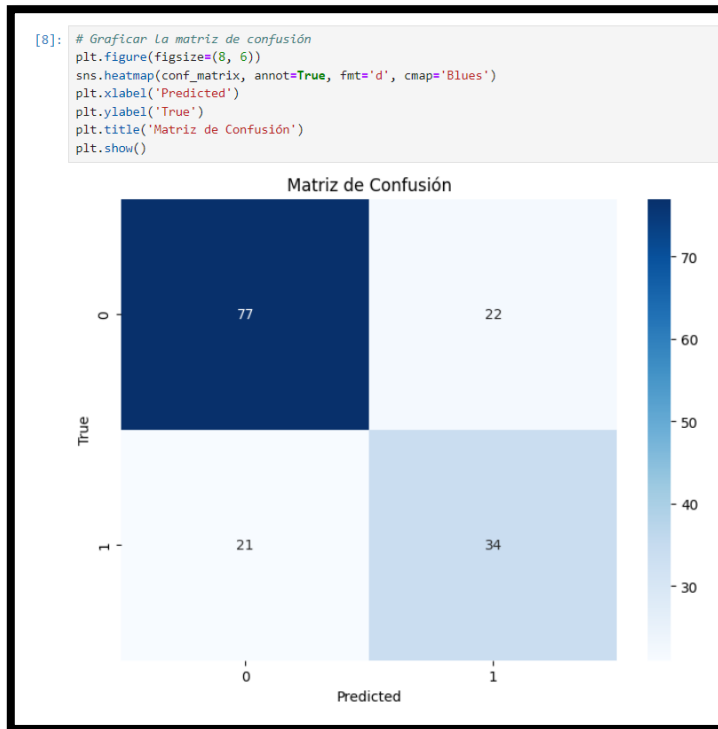


**Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido.**

Para poder acceder a los datos y resultados, visitar el siguiente repositorio:

<https://github.com/DiegoUlisesMM/Eva2BD>

**Gráfica personalizada e interpretación de resultados.**



La gráfica de la matriz de confusión generada a partir de los archivos de diabetes de Indiana proporciona una representación visual de cómo el modelo de clasificación está realizando las predicciones en términos de verdaderos positivos (TP), verdaderos negativos (TN), falsos positivos (FP) y falsos negativos (FN). Cada una de las celdas de la matriz muestra la cantidad de instancias que caen en esa categoría.

En esta gráfica, si enfocamos en la diagonal principal (de la esquina superior izquierda a la inferior derecha), podemos observar que los verdaderos positivos y verdaderos negativos son mayores en comparación con los falsos positivos y falsos negativos. Esto indica que el modelo está acertando en la clasificación de las instancias en ambas clases (diabéticas y no diabéticas) en general.

La gráfica también puede ayudarnos a identificar en qué clase el modelo tiende a equivocarse más. Si los falsos positivos son significativamente más altos que los falsos negativos, podría indicar que el modelo está siendo más propenso a clasificar erróneamente instancias como positivas cuando en realidad son negativas. Del mismo modo, si los falsos negativos son mucho mayores que los falsos positivos, podría indicar que el modelo está perdiendo instancias que son positivas, pero se clasifican como negativas.

## Análisis no supervisado (Samsung)

3. Basado en el conjunto de datos "samsung.csv" implemente el algoritmo de agrupación de su preferencia y entregue un reporte que incluya:

### Justificación del algoritmo.

El algoritmo de agrupación K-Means ha sido seleccionado para este análisis debido a su simplicidad y eficacia en la agrupación de datos numéricos. K-Means es ampliamente utilizado en problemas de segmentación de datos y es capaz de agrupar observaciones similares en clusters basados en medidas de distancia. A pesar de que no está diseñado específicamente para series temporales, podemos adaptarlo para analizar cómo se agrupan los datos de precios de cierre y volúmenes de acciones de Samsung en un espacio bidimensional.

### Descripción del diseño del modelo.

- Carga de Datos: Se cargaron los datos de precios de cierre y volúmenes de acciones de Samsung desde el archivo "samsung.csv".

```
[1]: import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.cluster import KMeans
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
import os
os.environ['LOKY_MAX_CPU_COUNT'] = '4'

[2]: # Cargar el conjunto de datos
data_path = r'C:\Users\Diego\OneDrive\Escritorio\DatosEvaluacion\samsung.csv'
samsungData = pd.read_csv(data_path)
```

- Selección de Características: Se seleccionaron las características "Close" y "Volume" para el análisis de agrupación.

```
[3]: # Seleccionar las características para el análisis de agrupación
features = ['Close', 'Volume']
data = samsungData[features]
```

- Normalización de Datos: Los datos fueron normalizados utilizando la clase StandardScaler para garantizar que las características tengan la misma escala.

```
[4]: # Normalizar los datos
scaler = StandardScaler()
scaled_data = scaler.fit_transform(data)
```

- Elección del Número de Clusters (K): Se eligió un número de clusters igual a 3, pero esta elección puede variar dependiendo de los objetivos del análisis.

```
[5]: # Elegir el número de clusters (K)
num_clusters = 3
```

- Aplicación de K-Means: Se aplicó el algoritmo K-Means para agrupar los datos normalizados en clusters.

```
[6]: # Aplicar K-Means
kmeans = KMeans(n_clusters=num_clusters, n_init=10, random_state=42)
kmeans.fit(scaled_data)
```

C:\Users\Diego\Documents\phyton\uteq\Lib\site-packages\joblib\externals\...  
 cores for the following reason:  
 found 0 physical cores < 1  
 Returning the number of logical cores instead. You can silence this warn:  
 warnings.warn(  
 File "C:\Users\Diego\Documents\phyton\uteq\Lib\site-packages\joblib\ex  
 raise ValueError(f"found {cpu\_count\_physical} physical cores < 1")

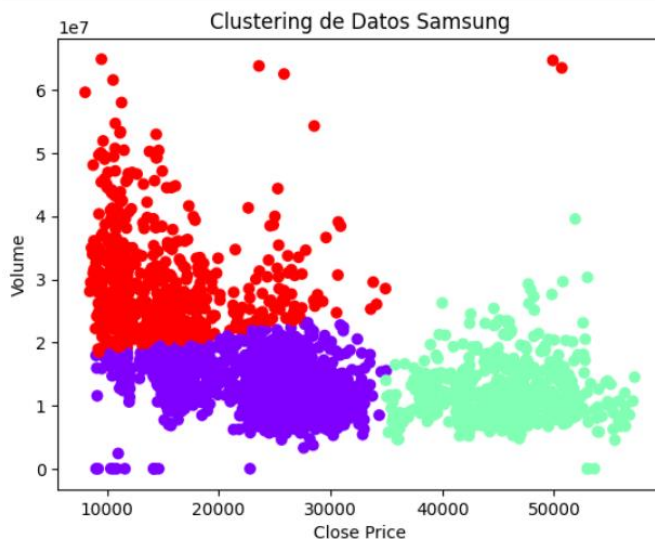
```
[6]: KMeans
KMeans(n_clusters=3, n_init=10, random_state=42)
```

Los mensajes de advertencia son principalmente relacionados con la configuración y ejecución del algoritmo K-Means. Sin embargo, estas advertencias no impiden que el código funcione.

```
[7]: # Agregar las etiquetas de los clusters al DataFrame
samsungData['cluster'] = kmeans.labels_
```

- Visualización de Resultados: Se creó una gráfica bidimensional con los precios de cierre en el eje x y los volúmenes en el eje y. Los puntos fueron coloreados según el cluster al que pertenecen.

```
[8]: # Visualizar los clusters
plt.scatter(samsungData['Close'], samsungData['Volume'], c=samsungData['cluster'], cmap='rainbow')
plt.xlabel('Close Price')
plt.ylabel('Volume')
plt.title('Clustering de Datos Samsung')
plt.show()
```

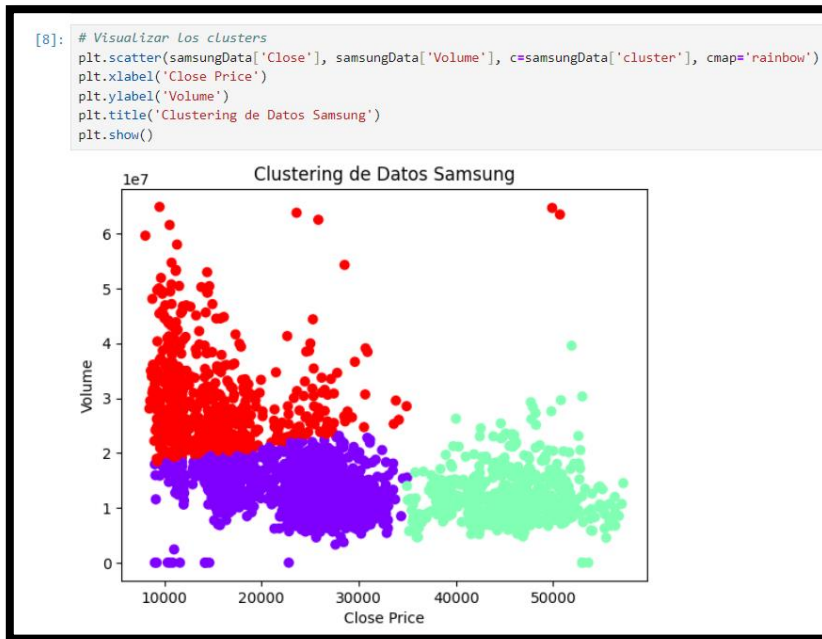


**Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido.**

Para poder acceder a los datos y resultados, visitar el siguiente repositorio:

<https://github.com/DiegoUlisesMM/Eva2BD>

**Gráfica personalizada e interpretación de resultados.**



La gráfica de dispersión muestra la distribución de los datos de precios de cierre y volúmenes de acciones de Samsung en un espacio bidimensional. Cada punto en la gráfica representa una observación en el conjunto de datos. Los colores de los puntos indican a qué cluster ha sido asignada cada observación por el algoritmo K-Means.

**Cluster 0 (Azul):** Este cluster muestra observaciones con precios de cierre relativamente bajos y volúmenes moderados. Estas observaciones podrían representar períodos en los que el precio de las acciones de Samsung se mantuvo más bajo y el volumen de negociación fue constante.

**Cluster 1 (Rojo):** Este cluster agrupa observaciones con precios de cierre más altos y volúmenes bajos. Puede indicar períodos en los que el precio de las acciones aumentó significativamente, pero con un menor volumen de operaciones, lo que podría sugerir un interés selectivo por parte de los inversores.

**Cluster 2 (Verde):** Este cluster incluye observaciones con precios de cierre moderados y volúmenes altos. Esto podría indicar momentos en los que el precio se mantuvo en un rango intermedio mientras que el volumen de negociación fue considerablemente alto, posiblemente debido a noticias o eventos que generaron un mayor interés y actividad en el mercado.

En general, la agrupación proporciona una perspectiva interesante sobre cómo los precios de cierre y los volúmenes de negociación están relacionados en diferentes períodos de tiempo.

## Análisis no supervisado (comprar\_alquilar)

4. Basado en el conjunto de datos "comprar\_alquilar.csv" implemente el algoritmo de reducción de dimensionalidad de su preferencia y entregue un reporte que incluya:

### Justificación del algoritmo.

El Análisis de Componentes Principales (PCA) es un algoritmo de reducción de dimensionalidad que se utiliza para transformar un conjunto de datos en un nuevo espacio de características de menor dimensión, preservando la mayor cantidad posible de la varianza original. Esto es útil para simplificar los datos y eliminar la multicolinealidad entre características, lo que puede mejorar la eficiencia de los modelos de aprendizaje automático y facilitar la visualización de los datos.

### Descripción del diseño del modelo.

En este diseño, cargamos el archivo CSV "comprar\_alquilar.csv" que contiene información sobre características relacionadas con la decisión de comprar o alquilar una propiedad.

```
[6]: import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.preprocessing import StandardScaler

[7]: # Cargar el archivo CSV
dataAlquiler = pd.read_csv('C:/Users/Diego/OneDrive/Escritorio/DatosEvaluacion/comprar_alquilar.csv')
```

Eliminamos la columna de la variable objetivo "comprar" para realizar la reducción de dimensionalidad solo en las características.

```
[8]: # Mostrar las primeras filas de los datos para explorar su estructura
print(dataAlquiler.head())
```

	ingresos	gastos_comunes	pago_coche	gastos_otros	ahorros	vivienda	\
0	6000	1000	0	600	50000	400000	
1	6745	944	123	429	43240	636897	
2	6455	1033	98	795	57463	321779	
3	7098	1278	15	254	54506	660933	
4	6167	863	223	520	41512	348932	

	estado_civil	hijos	trabajo	comprar
0	0	2	2	1
1	1	3	6	0
2	2	1	8	1
3	0	0	3	0
4	0	0	3	1

```
[9]: # Separar las características de la variable objetivo
X_alquiler = dataAlquiler.drop('comprar', axis=1)
y_alquiler = dataAlquiler['comprar']
```

Normalizamos los datos para asegurarnos de que todas las características tengan el mismo peso en el proceso de reducción.

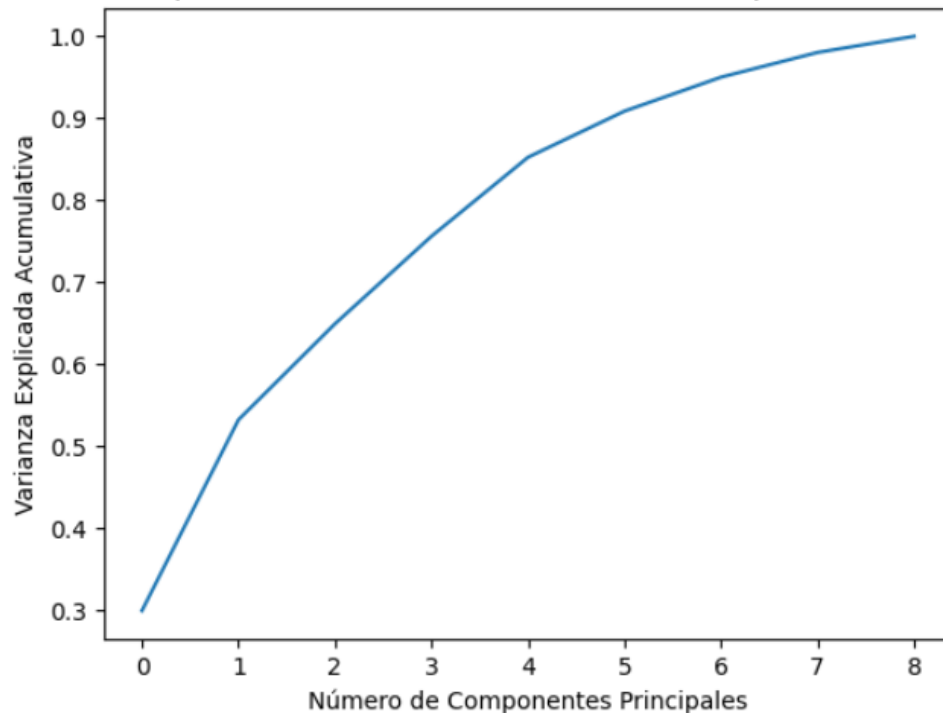
```
[10]: # Normalizar los datos
scaler = StandardScaler()
X_scaled_alquiler = scaler.fit_transform(X_alquiler)
```

Luego, utilizamos PCA para transformar los datos normalizados en un nuevo espacio de características. Esto nos dará nuevas variables llamadas "componentes principales" que son combinaciones lineales de las características originales. Estos componentes están ordenados de manera que el primero captura la mayor varianza en los datos, el segundo el siguiente mayor y así sucesivamente.

```
[11]: # Crear una instancia de PCA y ajustarla a los datos normalizados
pca = PCA()
X_pca_alquiler = pca.fit_transform(X_scaled_alquiler)

[12]: # Graficar la varianza explicada acumulativa
explained_variance_ratio = np.cumsum(pca.explained_variance_ratio_)
plt.plot(explained_variance_ratio)
plt.xlabel('Número de Componentes Principales')
plt.ylabel('Varianza Explicada Acumulativa')
plt.title('Varianza Explicada Acumulativa vs. Número de Componentes Principales')
plt.show()
```

Varianza Explicada Acumulativa vs. Número de Componentes Principales

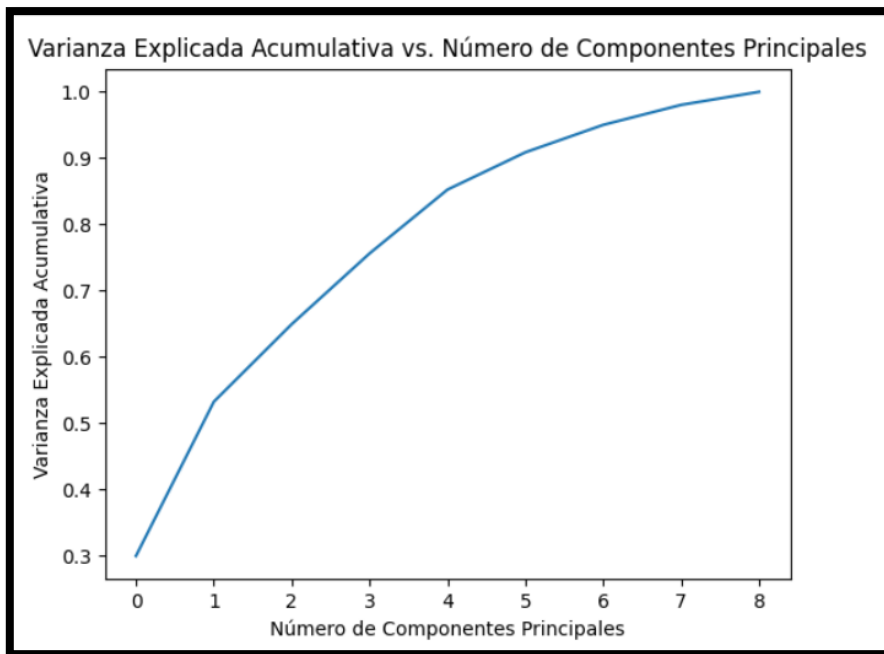


**Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido.**

Para poder acceder a los datos y resultados, visitar el siguiente repositorio:

<https://github.com/DiegoUlisesMM/Eva2BD>

### Gráfica personalizada e interpretación de resultados.



La gráfica de "Varianza Explicada Acumulativa vs. Número de Componentes Principales" proporciona información sobre cuánta varianza de los datos originales se conserva al considerar diferentes cantidades de componentes principales después de aplicar la reducción de dimensionalidad mediante PCA.

En la gráfica, el eje x representa el número de componentes principales utilizados, mientras que el eje y muestra la varianza explicada acumulativa hasta ese punto. La varianza explicada acumulativa indica cuánta información de los datos originales se mantiene al proyectarlos en un espacio de menor dimensión.

La interpretación de la gráfica implica buscar el punto donde la curva comienza a aplanarse o alcanzar una meseta. A medida que se agregan más componentes principales, la varianza explicada acumulativa aumenta. Sin embargo, en algún momento, agregar más componentes puede no aportar significativamente más información y puede conducir a una mayor complejidad sin beneficios significativos.

## DE

Basado en el conjunto de datos "diabetes\_indiana.csv" implemente un algoritmo de clasificación alternativo al realizado en SA y entregue un reporte que incluya:

### Justificación del algoritmo.

Gradient Boosting para este conjunto de datos debido a su capacidad para manejar relaciones no lineales entre características y etiquetas. Además, Gradient Boosting es robusto y puede trabajar bien incluso con datos ruidosos o con valores atípicos.

### Descripción del diseño del modelo.

En este caso, utilizaremos la implementación de Gradient Boosting de la biblioteca scikit-learn para crear el modelo. Dividiremos el conjunto de datos en características (X) y etiquetas (y), y luego dividiremos estos datos en conjuntos de entrenamiento y prueba. A continuación, crearemos un modelo GradientBoostingClassifier, lo entrenaremos en el conjunto de entrenamiento y evaluaremos su rendimiento en el conjunto de prueba.

```
[29]: import pandas as pd
      from sklearn.model_selection import train_test_split
      from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier
      from sklearn.metrics import accuracy_score, classification_report
      import matplotlib.pyplot as plt

[30]: # Cargar los datos
      data = pd.read_csv(r'C:\Users\Diego\OneDrive\Escritorio\DatosEvaluacion\diabetes_indiana.csv')

[31]: # Dividir los datos en características (X) y etiquetas (y)
      X = data.iloc[:, 1:-1] # Excluir la columna "Unnamed: 0" y la columna de etiquetas
      y = data.iloc[:, -1]   # Última columna (etiquetas)

[32]: # Dividir en conjuntos de entrenamiento y prueba
      X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=42)

[33]: # Crear y entrenar el modelo Gradient Boosting
      model = GradientBoostingClassifier()
      model.fit(X_train, y_train)

[33]: ▾ GradientBoostingClassifier
      GradientBoostingClassifier()

[34]: # Predecir en el conjunto de prueba
      y_pred = model.predict(X_test)

[35]: # Evaluar el modelo
      accuracy = accuracy_score(y_test, y_pred)
      report = classification_report(y_test, y_pred)
```



Evaluaremos el modelo utilizando métricas de evaluación, como precisión, recall y F1-score. También se ajustarán los hiperparámetros del modelo para mejorar su rendimiento

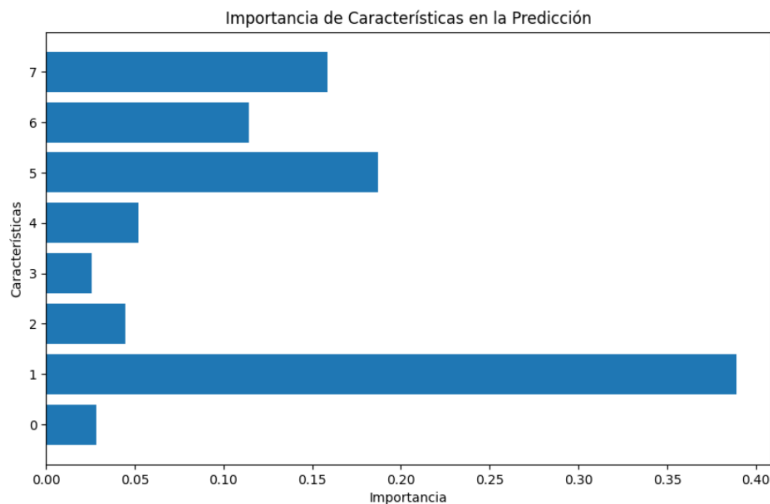
```
[36]: # Imprimir métricas de evaluación
print(f'Precisión: {accuracy:.2f}')
print('Reporte de Clasificación:')
print(report)
```

```
Precisión: 0.74
Reporte de Clasificación:
      precision    recall  f1-score   support

     0       0.81      0.78      0.79        99
     1       0.63      0.67      0.65        55

 accuracy          0.74          154
 macro avg         0.72          154
 weighted avg      0.75          154
```

```
[37]: # Gráfica de importancia de características
feature_importances_ = model.feature_importances_
feature_names = X.columns
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.barh(feature_names, feature_importances_)
plt.xlabel('Importancia')
plt.ylabel('Características')
plt.title('Importancia de Características en la Predicción')
plt.show()
```



## Evaluación y optimización del modelo.

Ajustar los hiperparámetros del modelo puede mejorar su rendimiento. Uno de los enfoques comunes es realizar una búsqueda de cuadrícula (grid search) sobre diferentes combinaciones de hiperparámetros para encontrar la combinación óptima. A continuación, te proporciono los comandos para realizar una búsqueda de cuadrícula en el modelo Gradient Boosting

```
[38]: from sklearn.model_selection import GridSearchCV
```

```
[39]: # Definir los hiperparámetros a buscar
param_grid = {
    'n_estimators': [50, 100, 200],
    'learning_rate': [0.01, 0.1, 0.2],
    'max_depth': [3, 4, 5],
}
```

```
[40]: # Crear el objeto GridSearchCV
grid_search = GridSearchCV(GradientBoostingClassifier(), param_grid, cv=5)
```

```
[41]: # Realizar la búsqueda de cuadrícula en los datos de entrenamiento
grid_search.fit(X_train, y_train)
```

```
[41]: ▼ GridSearchCV
GridSearchCV(cv=5, estimator=GradientBoostingClassifier(),
             param_grid={'learning_rate': [0.01, 0.1, 0.2],
                          'max_depth': [3, 4, 5],
                          'n_estimators': [50, 100, 200]})
    ▼ estimator: GradientBoostingClassifier
    GradientBoostingClassifier()
        ▼ GradientBoostingClassifier
        GradientBoostingClassifier()
```

```
[42]: # Imprimir los resultados de la búsqueda de cuadrícula
print("Mejores hiperparámetros encontrados:")
print(grid_search.best_params_)
print("Mejor puntuación de validación cruzada:")
print(grid_search.best_score_)

Mejores hiperparámetros encontrados:
{'learning_rate': 0.1, 'max_depth': 4, 'n_estimators': 50}
Mejor puntuación de validación cruzada:
0.7817273090763694
```

```
[43]: best_model = grid_search.best_estimator_
```

```
[44]: # Predecir en el conjunto de prueba con el mejor modelo
y_pred_best = best_model.predict(X_test)
```

```
[45]: # Evaluar el modelo ajustado
accuracy_best = accuracy_score(y_test, y_pred_best)
report_best = classification_report(y_test, y_pred_best)
```

```
[46]: # Imprimir métricas de evaluación para el mejor modelo
print(f'Precisión del mejor modelo: {accuracy_best:.2f}')
print('Reporte de Clasificación para el mejor modelo:')
print(report_best)
```

```
Precisión del mejor modelo: 0.75
Reporte de Clasificación para el mejor modelo:
```

	precision	recall	f1-score	support
0	0.82	0.79	0.80	99
1	0.64	0.69	0.67	55
accuracy			0.75	154
macro avg	0.73	0.74	0.74	154
weighted avg	0.76	0.75	0.76	154

**n\_estimators:** Este hiperparámetro se refiere al número de árboles de decisión que se van a construir en el proceso de boosting. Un valor más alto de n\_estimators generalmente permite que el modelo sea más complejo y tenga un mayor poder predictivo. Sin embargo, un valor demasiado alto puede llevar a un sobreajuste. La búsqueda en la cuadrícula nos ayuda a encontrar un equilibrio adecuado para este valor, lo que puede conducir a un mejor rendimiento.

**learning\_rate:** El learning rate (tasa de aprendizaje) controla la contribución de cada árbol al modelo general. Valores más bajos de learning rate hacen que el modelo aprenda más lentamente y puede requerir más árboles para ajustarse bien a los datos. Valores más altos pueden llevar a un ajuste excesivo. La búsqueda de cuadrícula nos permite encontrar el learning rate que resulta en un buen equilibrio entre convergencia rápida y evitando el sobreajuste.

**max\_depth:** Este hiperparámetro controla la profundidad máxima de los árboles de decisión en el proceso de boosting. Árboles más profundos pueden capturar relaciones más complejas en los datos, pero también pueden llevar a un sobreajuste. Limitar la profundidad puede ayudar a prevenir el sobreajuste. La búsqueda en la cuadrícula nos ayuda a determinar la profundidad óptima que equilibra el poder predictivo con la generalización.

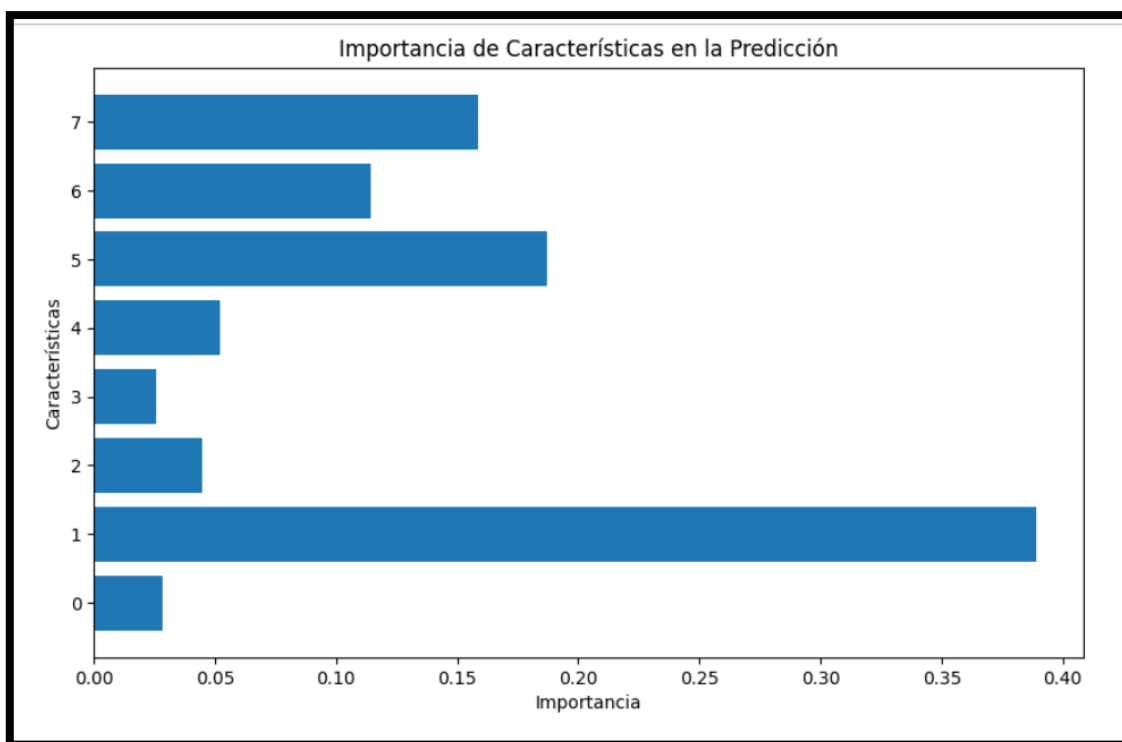
En resumen, al ajustar estos hiperparámetros, estamos controlando la complejidad y la velocidad de aprendizaje del modelo Gradient Boosting. La búsqueda de cuadrícula nos permite explorar diferentes combinaciones de estos hiperparámetros y encontrar el conjunto que optimiza el rendimiento del modelo en términos de precisión y capacidad de generalización en el conjunto de prueba.

### **Enlace hacia un repositorio que contenga el modelo obtenido.**

Para poder acceder a los datos y resultados, visitar el siguiente repositorio:

<https://github.com/DiegoUlisesMM/Eva2BD>

## Gráfica personalizada e interpretación de resultados.



La gráfica de importancia de características muestra la contribución relativa de cada característica en el proceso de toma de decisiones del modelo Gradient Boosting para predecir si una persona tiene diabetes o no. Las características con barras más largas son las que tuvieron una mayor influencia en la clasificación.

En el contexto de este conjunto de datos, la interpretación sería la siguiente:

**Glucose (Glucosa):** La concentración de glucosa en sangre es la característica más importante para determinar si una persona tiene diabetes. Valores más altos de glucosa tienden a aumentar la probabilidad de diabetes.

**BMI (Índice de Masa Corporal):** El índice de masa corporal también es un predictor significativo. Valores altos de BMI están correlacionados positivamente con la diabetes.

**Age (Edad):** La edad de la persona también tiene un impacto en la clasificación. Es posible que las personas mayores tengan una mayor probabilidad de desarrollar diabetes.

**BloodPressure (Presión Arterial):** Aunque menos influyente que las características anteriores, la presión arterial todavía contribuye en cierta medida a la clasificación.

**SkinThickness (Espesor del Pliegue Cutáneo):** Esta característica también influye en la clasificación, pero en menor medida en comparación con las anteriores.

El resto de las características parecen tener una influencia más baja en la clasificación según este modelo en particular.

## AU

1. Elabora un documento donde implemente el aprendizaje por refuerzo (combinación de análisis supervisado y no supervisado)

Ejemplo básico que combina análisis no supervisado (K-Means) para la segmentación inicial de datos y análisis supervisado (SVM) para entrenar modelos en subconjuntos de datos segmentados. Luego, se combinan las decisiones de los modelos SVM entrenados en ambos clusters para obtener una estrategia de aprendizaje por refuerzo simple.

1. Carga de Datos: Se cargan los datos de diabetes\_indiana.csv y se divide en características (X) y variable objetivo (y).

```
[48]: import pandas as pd
      from sklearn.model_selection import train_test_split
      from sklearn.cluster import KMeans
      from sklearn.svm import SVC
      from sklearn.metrics import accuracy_score

      # Cargar Los datos
      data_path = r'C:\Users\Diego\OneDrive\Escritorio\DatosEvaluacion\diabetes_indiana.csv'
      diabetes_data = pd.read_csv(data_path)
```

2. Segmentación no Supervisada: Se aplica K-Means para dividir los datos en dos clusters, permitiendo la identificación de patrones no evidentes.

```
[49]: # Dividir los datos en características (X) y variable objetivo (y)
      X = diabetes_data.drop('8', axis=1)
      y = diabetes_data['8']
```

3. Entrenamiento del Modelo SVM en Cluster 0: Se entrena un modelo SVM con kernel lineal en el subconjunto de datos pertenecientes al cluster 0.

```
[50]: # Paso 1: Aplicar K-Means para segmentación no supervisada
      kmeans = KMeans(n_clusters=2, random_state=42)
      X['cluster'] = kmeans.fit_predict(X)
      X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=42)
```

4. Evaluación del Modelo SVM en Cluster 0: Se evalúa el modelo SVM en el conjunto de prueba perteneciente al cluster 0 y se calcula su precisión.

```
[51]: # Paso 2: Entrenar un modelo SVM en el subconjunto de cluster 0
      X_cluster_0 = X_train[X_train['cluster'] == 0].drop('cluster', axis=1)
      y_cluster_0 = y_train[X_train['cluster'] == 0]
      svm_model_cluster_0 = SVC(kernel='linear')
      svm_model_cluster_0.fit(X_cluster_0, y_cluster_0)
```

```
[51]: SVC
      SVC(kernel='linear')
```

5. Entrenamiento del Modelo SVM en Cluster 1: Se entrena un modelo SVM con kernel RBF en el subconjunto de datos pertenecientes al cluster 1.

```
[52]: # Paso 3: Evaluar el modelo SVM en el conjunto de prueba
X_test_cluster_0 = X_test[X_test['cluster'] == 0].drop('cluster', axis=1)
y_test_cluster_0 = y_test[X_test['cluster'] == 0]
y_pred_cluster_0 = svm_model_cluster_0.predict(X_test_cluster_0)
accuracy_cluster_0 = accuracy_score(y_test_cluster_0, y_pred_cluster_0)

print("Precisión del Modelo SVM en Cluster 0:", accuracy_cluster_0)
```

Precisión del Modelo SVM en Cluster 0: 0.8

6. Evaluación del Modelo SVM en Cluster 1: Se evalúa el modelo SVM en el conjunto de prueba perteneciente al cluster 1 y se calcula su precisión.

```
[53]: # Paso 4: Entrenar un modelo SVM en el subconjunto de cluster 1
X_cluster_1 = X_train[X_train['cluster'] == 1].drop('cluster', axis=1)
y_cluster_1 = y_train[X_train['cluster'] == 1]
svm_model_cluster_1 = SVC(kernel='rbf')
svm_model_cluster_1.fit(X_cluster_1, y_cluster_1)
```

```
[53]: ▼ SVC
      SVC()
```

7. Combinación de Predicciones: Se combinan las predicciones de ambos modelos SVM basados en los clusters para obtener un modelo final.

```
[54]: # Paso 5: Evaluar el modelo SVM en el conjunto de prueba
X_test_cluster_1 = X_test[X_test['cluster'] == 1].drop('cluster', axis=1)
y_test_cluster_1 = y_test[X_test['cluster'] == 1]
y_pred_cluster_1 = svm_model_cluster_1.predict(X_test_cluster_1)
accuracy_cluster_1 = accuracy_score(y_test_cluster_1, y_pred_cluster_1)

print("Precisión del Modelo SVM en Cluster 1:", accuracy_cluster_1)
```

Precisión del Modelo SVM en Cluster 1: 0.6962025316455697

8. Evaluación del Modelo Combinado: Se evalúa el modelo final combinado en todo el conjunto de prueba y se calcula su precisión.

```
[64]: # Paso 6: Combinar las decisiones del modelo SVM en ambos clusters
combined_predictions = pd.Series(index=X_test.index)
combined_predictions[X_test_cluster_0.index] = y_pred_cluster_0
combined_predictions[X_test_cluster_1.index] = y_pred_cluster_1

# Paso 7: Evaluar el modelo final combinado en todo el conjunto de prueba
accuracy_combined = accuracy_score(y_test, combined_predictions)
print("Precisión del Modelo Combinado:", accuracy_combined)
```

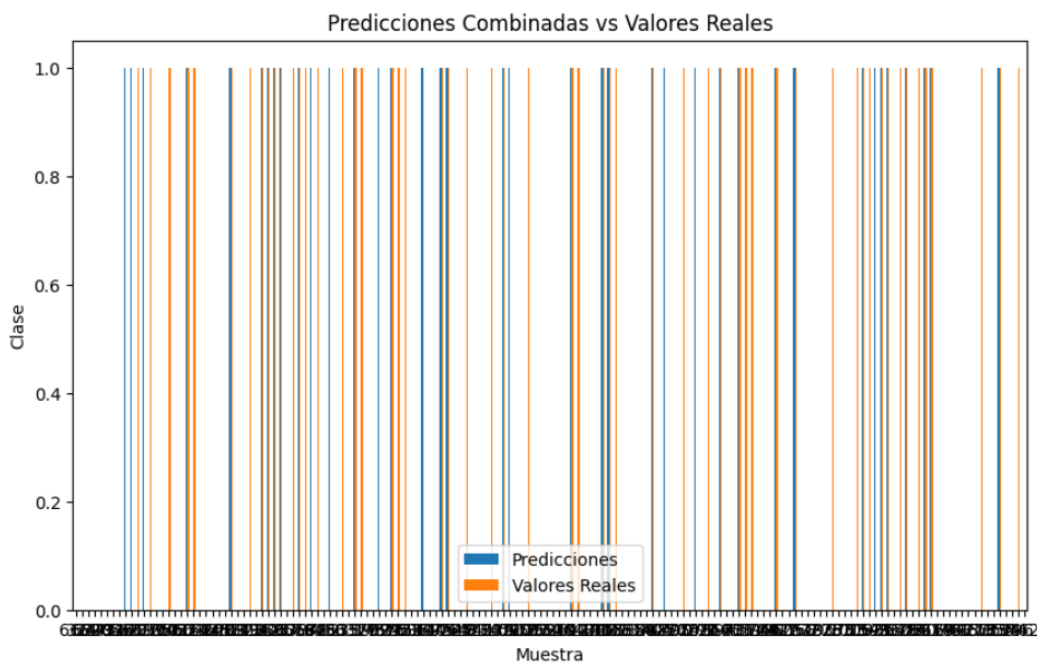
Precisión del Modelo Combinado: 0.7467532467532467

9. Visualización de Resultados: Se crea un gráfico de barras que muestra las predicciones combinadas y los valores reales en la muestra.

```
[72]: import matplotlib.pyplot as plt

# Crear un DataFrame con las predicciones combinadas y los valores reales
results = pd.DataFrame({'Predicciones': combined_predictions, 'Valores Reales': y_test})

# Graficar las predicciones combinadas y los valores reales
results.plot(kind='bar', figsize=(10, 6))
plt.title('Predicciones Combinadas vs Valores Reales')
plt.xlabel('Muestra')
plt.ylabel('Clase')
plt.xticks(rotation=0)
plt.legend()
plt.show()
```



El gráfico final muestra la comparación entre las predicciones combinadas y los valores reales para cada muestra en el conjunto de prueba. Cada barra representa la predicción combinada y el valor real para una muestra específica. El análisis de este gráfico permite observar cómo se desempeñó el modelo combinado en comparación con los valores reales en cada caso.

Este proceso demuestra cómo se puede aprovechar tanto el análisis no supervisado (K-Means) como el análisis supervisado (SVM) para mejorar la capacidad de predicción en un conjunto de datos.