```
1. Importa los datos al ambiente de trabajo y revisamos que no haya huecos. Calculamos la diferencia de promedios entre las clases 2 y 4 para todos los genes, e imprimos los 10 genes con la mayor diferencia de medias.
 In [32]: # 1. Importación y Análisis Inicial (Versión Mejorada)
                                               import pandas as pd
                                               import numpy as np
                                               import os
                                               # 1.1 Importar los datos (con manejo de errores)
                                                                  # Intentar con diferentes nombres comunes del archivo
                                                                                      data = pd.read_csv('A3.1_Khan.csv')
                                                                    except FileNotFoundError:
                                                                                       data = pd.read_csv('A3.1 Khan.csv') # Versión sin guión bajo
                                                                  print("Datos cargados correctamente")
                                                                    # 1.2 Verificación de estructura
                                                                   print("\nPrimeras filas del DataFrame:")
                                                                  print(data.head())
                                                                  print("\nNombres de columnas disponibles:")
                                                                  print(data.columns.tolist())
                                                                     # 1.3 Búsqueda automática de la columna clase
                                                                   possible_class_cols = [col for col in data.columns
                                                                                                                                                                            if data[col].nunique() <= 4 and data[col].nunique() > 1]
                                                                  if not possible_class_cols:
                                                                                       raise ValueError ("Error: No se encontró una columna con 2-4 valores únicos que pueda ser la variable clase")
                                                                  class_col = possible_class_cols[0]
                                                                  print(f"\nVariable clase identificada: '{class_col}' con valores {sorted(data[class_col].unique())}")
                                                                    # 1.4 Separación de características y variable objetivo
                                                                  X = data.drop(class_col, axis=1)
                                                                  y = data[class_col]
                                                                    # 1.5 Verificación de valores faltantes
                                                                  print("\nValores faltantes totales:", X.isnull().sum().sum())
                                                                    # 1.6 Cálculo de diferencias de medias (clases 2 vs 4)
                                                                  if {2, 4}.issubset(y.unique()):
                                                                                     class_2 = X[y == 2]
                                                                                      class_4 = X[y == 4]
                                                                                       mean_diff = class_2.mean() - class_4.mean()
                                                                                       top_10_genes = mean_diff.abs().sort_values(ascending=False).head(10)
                                                                                       print("\nTop 10 genes con mayor diferencia absoluta de medias (clase 2 vs 4):")
                                                                                       print(top_10_genes)
                                                                                       print("\nAdvertencia: Las clases 2 y/o 4 no existen en los datos")
                                               except Exception as e:
                                                                print(f"\nError durante la carga/validación: {str(e)}")
                                                                print("Verifica:")
                                                                print("1. Que el archivo existe y tiene el nombre correcto")
                                                                  print("2. Que contiene una columna con los valores de clase (1-4)")
                                                                print("3. Que los datos tienen la estructura esperada (genes en columnas)")
                                        Datos cargados correctamente
                                        Primeras filas del DataFrame:
                                                                                                                 X2
                                                                                                                                                                                                                                           X4
                                                                                                                                                                                                                                                                              X5 X6
                                        0 \quad 0.773344 \quad -2.438405 \quad -0.482562 \quad -2.721135 \quad -1.217058 \quad 0.827809 \quad 1.342604
                                         2 \; -0.084469 \; -1.649739 \; -0.241308 \; -2.875286 \; -0.889405 \; -0.027474 \quad 1.159300
                                       3 0.965614 -2.380547 0.625297 -1.741256 -0.845366 0.949687 1.093801
                                       4 0.075664 -1.728785 0.852626 0.272695 -1.841370 0.327936 1.251219
                                                                                                                                                                                       X10 ... X2300 X2301 X2302 X2303 \
                                        0.057042 \quad 0.133569 \quad 0.565427 \quad \dots \quad -0.027474 \quad -1.660205 \quad 0.588231 \quad -0.463624
                                        1 \; -0.120249 \quad 0.456792 \quad 0.159053 \quad \dots \; -0.246284 \; -0.836325 \; -0.571284 \quad 0.034788
                                       2 \quad 0.015676 \quad 0.191942 \quad 0.496585 \quad \dots \quad 0.024985 \quad -1.059872 \quad -0.403767 \quad -0.678653
                                       3 \quad 0.819736 \quad -0.284620 \quad 0.994732 \quad \dots \quad 0.357115 \quad -1.893128 \quad 0.255107 \quad 0.163309
                                       4 0.771450 0.030917 0.278313 ... 0.061753 -2.273998 -0.039365 0.368801
                                                                                                                                                                   X2306 X2307 X2308 y
                                                                                                                 X2305
                                        0 -3.952845 -5.496768 -1.414282 -0.647600 -1.763172 2
                                        1 -2.478130 -3.661264 -1.093923 -1.209320 -0.824395 2
                                       2 -2.939352 -2.736450 -1.965399 -0.805868 -1.139434 2
                                       3 -1.021929 -2.077843 -1.127629 0.331531 -2.179483 2
                                        4 -2.566551 -1.675044 -1.082050 -0.965218 -1.836966 2
                                         [5 rows x 2309 columns]
                                         Nombres de columnas disponibles:
                                         ['X1', 'X2', 'X3', 'X4', 'X5', 'X6', 'X7', 'X8', 'X9', 'X10', 'X11', 'X12', 'X13', 'X14', 'X15', 'X16', 'X17', 'X18', 'X21', 'X22', 'X23', 'X24', 'X25', 'X26', 'X27', 'X28', 'X29', 'X30', 'X31', 'X32', 'X33', 'X34', 'X3
                                       5', 'X36', 'X37', 'X38', 'X39', 'X40', 'X41', 'X42', 'X43', 'X44', 'X45', 'X46', 'X51', 'X52', 'X56', 'X57', 'X58', 'X59', 'X50', 'X61', 'X62', 'X63', 'X64', 'X65', 'X66', 'X67', 'X68',
                                         'X69', 'X70', 'X71', 'X72', 'X73', 'X74', 'X75', 'X76', 'X77', 'X78', 'X80', 'X81', 'X82', 'X84', 'X85', 'X89', 'X91', 'X92', 'X93', 'X94', 'X95', 'X96', 'X97', 'X98', 'X99', 'X100', 'X101', 'X
                                        102', 'X103', 'X104', 'X105', 'X106', 'X107', 'X108', 'X109', 'X110', 'X111', 'X112', 'X115', 'X116', 'X117', 'X118', 'X119', 'X121', 'X122', 'X123', 'X124', 'X125', 'X126', 'X127', 'X128', 'X129', 'X130', 'X130', 'X130', 'X118', 'X119', 'X19', 'X1
                                       1', 'X132', 'X133', 'X134', 'X135', 'X136', 'X137', 'X138', 'X138', 'X140', 'X141', 'X142', 'X145', 'X145', 'X147', 'X149', 'X150', 'X151', 'X152', 'X153', 'X154', 'X155', 'X156', 'X157', 'X158', 'X159', 'X160', 'X160', 'X170', 'X148', 'X148', 'X149', 'X148', 'X149', 'X151', 'X1
                                         'X161', 'X162', 'X163', 'X164', 'X165', 'X166', 'X167', 'X168', 'X168', 'X170', 'X171', 'X175', 'X171', 'X175', 'X170', 'X171', 'X175', 'X171', 'X175', 'X171', 'X1', 'X1'
                                         90', 'X191', 'X192', 'X193', 'X194', 'X195', 'X196', 'X197', 'X198', 'X208', 'X208', 'X208', 'X208', 'X208', 'X208', 'X211', 'X212', 'X213', 'X214', 'X215', 'X216', 'X217', 'X218', 'X
                                        9', 'X220', 'X221', 'X222', 'X223', 'X224', 'X225', 'X226', 'X226', 'X228', 'X230', 'X231', 'X235', 'X236', 'X237', 'X238', 'X239', 'X240', 'X241', 'X243', 'X243', 'X245', 'X246', 'X247', 'X248', 'X248', 'X248', 'X247', 'X248', 'X2
                                          'X249', 'X250', 'X251', 'X252', 'X253', 'X254', 'X255', 'X256', 'X256', 'X258', 'X259', 'X261', 'X263', 'X263', 'X265', 'X266', 'X267', 'X268', 'X269', 'X270', 'X271', 'X272', 'X273', 'X274', 'X275', 'X276', 'X277', 'X288', 'X268', 'X271', 'X271', 'X271', 'X271', 'X278', 'X278'
                                        78', 'X279', 'X280', 'X281', 'X282', 'X283', 'X284', 'X285', 'X286', 'X287', 'X298', 'X297', 'X298', 'X297', 'X298', 'X
                                       7', 'X308', 'X309', 'X310', 'X311', 'X312', 'X313', 'X314', 'X315', 'X316', 'X315', 'X319', 'X320', 'X322', 'X323', 'X325', 'X326', 'X327', 'X328', 'X329', 'X330', 'X331', 'X332', 'X333', 'X334', 'X335', 'X336',
                                         'X337', 'X338', 'X339', 'X340', 'X341', 'X342', 'X343', 'X344', 'X346', 'X346', 'X348', 'X349', 'X351', 'X353', 'X355', 'X355', 'X357', 'X358', 'X359', 'X360', 'X361', 'X362', 'X363', 'X364', 'X365', 'X365', 'X358', 'X358', 'X359', 'X369', 'X369',
                                        66', 'x367', 'x368', 'x369', 'x370', 'x371', 'x372', 'x373', 'x374', 'x375', 'x376', 'x377', 'x378', 'x380', 'x381', 'x383', 'x384', 'x385', 'x386', 'x388', 'x388', 'x388', 'x389', 'x389', 'x390', 'x391', 'x392', 'x393', 'x394', 'x39
                                       5', 'X396', 'X397', 'X398', 'X399', 'X400', 'X401', 'X402', 'X403', 'X404', 'X405', 'X406', 'X410', 'X411', 'X412', 'X415', 'X416', 'X417', 'X418', 'X419', 'X420', 'X421', 'X422', 'X423', 'X424', 'X418', 'X418', 'X418', 'X419', 'X419', 'X421', 'X422', 'X423', 'X424', 'X418', 'X418', 'X418', 'X418', 'X419', 'X418', 'X4
                                         'X425', 'X426', 'X427', 'X428', 'X429', 'X430', 'X431', 'X432', 'X432', 'X434', 'X435', 'X445', 'X445', 'X445', 'X446', 'X447', 'X448', 'X449', 'X449', 'X451', 'X452', 'X453', 'X453', 'X458', 'X448', 'X48', 'X48
                                        54', 'X455', 'X456', 'X457', 'X458', 'X459', 'X460', 'X461', 'X462', 'X463', 'X465', 'X466', 'X467', 'X472', 'X472', 'X473', 'X474', 'X475', 'X476', 'X478', 'X478', 'X479', 'X480', 'X481', 'X482', 'X482', 'X489', 'X479', 'X471', 'X
                                        3', 'X484', 'X485', 'X486', 'X487', 'X488', 'X489', 'X490', 'X491', 'X492', 'X493', 'X495', 'X496', 'X497', 'X502', 'X503', 'X504', 'X505', 'X506', 'X507', 'X508', 'X509', 'X510', 'X511', 'X512',
                                         'X513', 'X514', 'X515', 'X516', 'X516', 'X517', 'X518', 'X520', 'X520', 'X521', 'X522', 'X523', 'X526', 'X527', 'X528', 'X527', 'X528', 'X527', 'X538', 'X538', 'X538', 'X538', 'X538', 'X538', 'X538', 'X540', 'X541', 'X541', 'X528', 'X528', 'X528', 'X528', 'X528', 'X538', 'X538'
                                         42', 'X543', 'X544', 'X545', 'X546', 'X546', 'X548', 'X556', 'X551', 'X555', 'X556', 'X555', 'X556', 'X556', 'X556', 'X556', 'X556', 'X556', 'X556', 'X566', 'X56', 'X56', 'X56', 'X56', 'X56', 'X56', 'X56', 'X56', 'X56', 'X5
                                       1', 'X572', 'X573', 'X574', 'X575', 'X576', 'X576', 'X577', 'X578', 'X580', 'X580', 'X582', 'X588', 'X586', 'X586', 'X589', 'X590', 'X591', 'X592', 'X593', 'X594', 'X595', 'X596', 'X597', 'X598', 'X599', 'X600', 'X591', 'X586', 'X586', 'X586', 'X586', 'X586', 'X589', 'X591', 'X591', 'X591', 'X595', 'X596', 'X596', 'X597', 'X598', 'X599', 'X580', 'X586', 'X586', 'X586', 'X589', 'X590', 'X591', 'X
                                         'X601', 'X602', 'X603', 'X604', 'X605', 'X606', 'X606', 'X607', 'X608', 'X609', 'X610', 'X611', 'X615', 'X616', 'X615', 'X616', 'X615', 'X620', 'X621', 'X622', 'X623', 'X624', 'X625', 'X626', 'X627', 'X628', 'X629', 'X618', 'X618'
                                        30', 'X631', 'X632', 'X633', 'X634', 'X636', 'X636', 'X636', 'X636', 'X646', 'X66', 'X6', 'X
                                        9', 'X660', 'X661', 'X662', 'X663', 'X666', 'X666', 'X666', 'X666', 'X666', 'X666', 'X667', 'X676', 'X676', 'X676', 'X676', 'X676', 'X678', 'X678', 'X680', 'X681', 'X682', 'X683', 'X684', 'X685', 'X686', 'X686', 'X687', 'X688', 'X678', 'X678', 'X678', 'X678', 'X678', 'X678', 'X688', 'X6
                                         'X689', 'X690', 'X691', 'X692', 'X693', 'X694', 'X695', 'X696', 'X696', 'X698', 'X699', 'X700', 'X701', 'X703', 'X705', 'X707', 'X708', 'X709', 'X710', 'X711', 'X712', 'X713', 'X714', 'X715', 'X716', 'X717', 'X708', 'X708', 'X708', 'X709', 'X709', 'X709', 'X709', 'X709', 'X710', 'X711', 'X712', 'X713', 'X714', 'X715', 'X716', 'X717', 'X708', 'X708', 'X708', 'X708', 'X709', 'X710', 'X711', 'X711'
                                       18', 'X719', 'X720', 'X721', 'X722', 'X723', 'X724', 'X725', 'X726', 'X727', 'X728', 'X731', 'X732', 'X735', 'X736', 'X737', 'X738', 'X739', 'X740', 'X741', 'X742', 'X743', 'X744', 'X745', 'X746', 'X
                                       7', 'X748', 'X749', 'X750', 'X751', 'X752', 'X753', 'X754', 'X755', 'X756', 'X755', 'X756', 'X766', 'X766', 'X766', 'X766', 'X766', 'X766', 'X768', 'X769', 'X770', 'X771', 'X772', 'X773', 'X774', 'X775', 'X776', 'X776', 'X766', 'X766', 'X766', 'X766', 'X766', 'X768', 'X768', 'X769', 'X770', 'X771', 'X772', 'X773', 'X774', 'X775', 'X776', 'X776', 'X768', 'X771', 'X772', 'X773', 'X774', 'X775', 'X776', 'X776', 'X768', 'X778', 'X788', 'X7
                                         'X777', 'X778', 'X779', 'X780', 'X781', 'X782', 'X783', 'X784', 'X785', 'X786', 'X795', 'X796', 'X795', 'X796', 'X797', 'X798', 'X799', 'X800', 'X801', 'X802', 'X803', 'X804', 'X805', 'X805'
                                        06', 'x807', 'x808', 'x809', 'x810', 'x811', 'x812', 'x813', 'x814', 'x815', 'x816', 'x817', 'x821', 'x822', 'x823', 'x824', 'x825', 'x826', 'x827', 'x828', 'x829', 'x830', 'x831', 'x832', 'x833', 'x834', 'x83
                                       5', 'x836', 'x837', 'x838', 'x839', 'x840', 'x840', 'x842', 'x842', 'x843', 'x844', 'x845', 'x849', 'x852', 'x853', 'x854', 'x855', 'x856', 'x857', 'x858', 'x859', 'x860', 'x861', 'x862', 'x863', 'x864', 'x849', 'x849', 'x849', 'x849', 'x849', 'x858', 'x858', 'x858', 'x858', 'x858', 'x859', 'x859', 'x860', 'x861', 'x862', 'x863', 'x864', 'x849', 'x858', 'x858', 'x858', 'x858', 'x859', 'x8
                                         'X865', 'X866', 'X867', 'X868', 'X869', 'X870', 'X870', 'X871', 'X872', 'X873', 'X875', 'X875', 'X887', 'X888', 'X887', 'X888', 'X889', 'X889', 'X891', 'X892', 'X893', 'X888', 'X888', 'X889', 'X889', 'X891', 'X892', 'X893', 'X888', 'X88',
                                         94', 'x895', 'x896', 'x897', 'x898', 'x899', 'x900', 'x901', 'x902', 'x903', 'x904', 'x905', 'x906', 'x907', 'x918', 'x918', 'x918', 'x918', 'x919', 'x920', 'x922', 'x922', 'x928', 'x918', 'x
                                        3', 'x924', 'x925', 'x926', 'x927', 'x928', 'x928', 'x930', 'x931', 'x932', 'x933', 'x935', 'x936', 'x937', 'x941', 'x942', 'x943', 'x944', 'x945', 'x946', 'x947', 'x948', 'x949', 'x949', 'x951', 'x952',
                                         'X953', 'X954', 'X955', 'X956', 'X956', 'X958', 'X958', 'X960', 'X960', 'X960', 'X960', 'X960', 'X966', 'X966', 'X966', 'X966', 'X968', 'X968', 'X970', 'X971', 'X972', 'X973', 'X975', 'X976', 'X977', 'X978', 'X979', 'X980', 'X981', 'X981', 'X968', 'X968'
                                        82', 'x983', 'x984', 'x985', 'x986', 'x986', 'x989', 'x990', 'x990', 'x990', 'x991', 'x998', 'x999', 'x1000', 'x100', 'x100', 'x100', 'x100', 'x100', 'x100', 'x100', 'x100', '
                                        10', 'X1011', 'X1012', 'X1013', 'X1014', 'X1015', 'X1016', 'X1017', 'X1018', 'X1021', 'X1022', 'X1023', 'X1025', 'X1028', 'X1028', 'X1029', 'X1030', 'X1031', 'X1032', 'X1033', 'X1034', 'X1035', 'X1038', 'X1028', 'X1028', 'X1028', 'X1028', 'X1028', 'X1028', 'X1028', 'X1028', 'X1028', 'X1038', 'X1038', 'X1038', 'X1038', 'X1038', 'X1038', 'X1028', 'X1038', 'X1088', 'X1088',
                                        6', 'X1037', 'X1038', 'X1039', 'X1040', 'X1041', 'X1042', 'X1043', 'X1044', 'X1045', 'X1051', 'X1051',
                                       2', 'X1063', 'X1064', 'X1065', 'X1066', 'X1066', 'X1068', 'X1068', 'X1070', 'X1071', 'X1072', 'X1073', 'X1071', 'X1075', 'X1071', 'X1075', 'X1071', 
                                       8', 'X1089', 'X1090', 'X1091', 'X1092', 'X1093', 'X1094', 'X1095', 'X1096', 'X1097', 'X1100', 'X1101', 'X1105', 'X1106', 'X1107', 'X1108', 'X1109', 'X1109', 'X1111', 'X111', 'X111', 'X111', 'X111', 'X111', 'X111', 'X111', 'X11', 'X11', 'X11', 'X1', 'X1
                                        4', 'X1115', 'X1116', 'X1117', 'X1118', 'X1119', 'X1120', 'X1121', 'X1122', 'X1123', 'X1128', 'X1128', 'X1128', 'X1128', 'X1128', 'X1128', 'X1131', 'X1132', 'X1133', 'X1134', 'X1135', 'X1136', 'X1137', 'X1138', 'X1139', 'X1148', 'X1128', 
                                       0', 'X1141', 'X1142', 'X1143', 'X1144', 'X1145', 'X1146', 'X1147', 'X1148', 'X1149', 'X1150', 'X1151', 'X1151', 'X1156', 'X1157', 'X1158', 'X1159', 'X1159', 'X1161', 'X1162', 'X1163', 'X1164', 'X1165', 'X1165', 'X1158', 'X1158', 'X1158', 'X1158', 'X1161', 'X161', '
                                        6', 'X1167', 'X1168', 'X1169', 'X1170', 'X1171', 'X1172', 'X1173', 'X1174', 'X1175', 'X1178', 'X1181', 'X1188', 'X1188', 'X1186', 'X1186', 'X1188', 'X1188', 'X1188', 'X1189', 'X1190', 'X1191', 'X1191', 'X1191', 'X1191', 'X1191', 'X1181', 'X181', 'X181'
                                       2', 'X1193', 'X1194', 'X1195', 'X1196', 'X1197', 'X1216', 'X1207', 'X1201', 'X1208', 'X1208', 'X1208', 'X1210', 'X1211', 'X1212', 'X1213', 'X1214', 'X1215', 'X1216', 'X1217', 'X121
                                       8', 'X1219', 'X1220', 'X1221', 'X1222', 'X1223', 'X1224', 'X1225', 'X1226', 'X1227', 'X1228', 'X1238', 'X1236', 'X1237', 'X1238', 'X1238', 'X1239', 'X1241', 'X1242', 'X1242', 'X1243', 'X1241', 'X141', 'X
                                        4', 'X1245', 'X1246', 'X1247', 'X1248', 'X1248', 'X1249', 'X1250', 'X1251', 'X1252', 'X1253', 'X1255', 'X1255', 'X1255', 'X1258', 'X1259', 'X1259', 'X1259', 'X1261', 'X1262', 'X1263', 'X1264', 'X1265', 'X1266', 'X1267', 'X1268', 'X1269', 'X1270', 'X1270',
                                       0', 'X1271', 'X1272', 'X1273', 'X1274', 'X1275', 'X1276', 'X1277', 'X1278', 'X1288', 'X1288', 'X1288', 'X1289', 'X1289', 'X1290', 'X1291', 'X1292', 'X1293', 'X1294', 'X1295', 'X1295', 'X1298', 'X1288', 'X1288', 'X1289', 'X1289', 'X1291', 
                                       6', 'X1297', 'X1298', 'X1299', 'X1300', 'X1301', 'X1302', 'X1303', 'X1304', 'X1305', 'X1306', 'X1307', 'X1311', 'X1312', 'X1311', 'X1311', 'X1311', 'X1315', 'X1316', 'X1317', 'X1318', 'X1319', 'X1320', 'X1321', 'X1321', 'X1321', 'X1318', 'X1818', 
                                       2', 'X1323', 'X1324', 'X1325', 'X1326', 'X1326', 'X1328', 'X1330', 'X1331', 'X1333', 'X1338', 'X1338', 'X1339', 'X1341', 'X1342', 'X1343', 'X1344', 'X1345', 'X1346', 'X1347', 'X1347', 'X1348', 
                                        8', 'X1349', 'X1350', 'X1351', 'X1352', 'X1353', 'X1354', 'X1355', 'X1355', 'X1356', 'X1360', 
                                         4', 'X1375', 'X1376', 'X1377', 'X1378', 'X1380', 'X1381', 'X1388', 'X1388', 'X1388', 'X1389', 'X1390', 'X1391', 'X1392', 'X1393', 'X1394', 'X1395', 'X1396', 'X1397', 'X1398', 'X1399', 'X1389', 'X1398', 'X1389', 
                                         0', 'X1401', 'X1402', 'X1403', 'X1404', 'X1406', 'X1406', 'X1406', 'X1407', 'X1410', 'X1410', 'X1411', 'X1415', 'X1416', 'X1417', 'X1418', 'X1419', 'X1420', 'X1420', 'X1422', 'X1422', 'X1423', 'X1425', 'X1425', 'X1425', 'X1418', 'X18', 'X18', 'X18', 'X18', 'X18', 'X18', 'X1
                                         6', 'X1427', 'X1428', 'X1429', 'X1430', 'X1431', 'X1432', 'X1435', 'X1435', 'X1436', 'X1437', 'X1443', 'X1445', 'X1445', 'X1446', 'X1447', 'X1448', 'X1448', 'X1448', 'X1450', 'X1451', 'X1511', 'X151', 'X1
                                       2', 'X1453', 'X1454', 'X1455', 'X1456', 'X1456', 'X1457', 'X1458', 'X1458', 'X1466', 'X1470', 'X1470',
                                       8', 'X1479', 'X1480', 'X1481', 'X1482', 'X1483', 'X1483', 'X1485', 'X1485', 'X1488', 'X1489', 'X1499', 'X1496', 'X1496', 'X1496', 'X1496', 'X1496', 'X1496', 'X1499', 'X1499', 'X1490', 
                                        4', 'X1505', 'X1506', 'X1507', 'X1508', 'X1509', 'X1510', 'X1511', 'X1512', 'X1513', 'X1516', 'X1516', 'X1516', 'X1516', 'X1516', 'X1516', 'X1521', 'X1522', 'X1522', 'X1522', 'X1522', 'X1526', 'X1526', 'X1527', 'X1528', 'X1529', 'X1538', 'X1518', 'X1518',
                                       0', 'X1531', 'X1532', 'X1533', 'X1534', 'X1535', 'X1535', 'X1536', 'X1537', 'X1538', 'X1539', 'X1540', 'X1541', 'X1542', 'X1544', 'X1546', 'X1547', 'X1548', 'X1548', 'X1549', 'X1550', 'X1551', 'X1552', 'X1553', 'X1551', 'X1555', 'X1549', 'X1549', 'X1548', 
                                        6', 'X1557', 'X1558', 'X1559', 'X1559', 'X1560', 'X1561', 'X1562', 'X1563', 'X1566', 'X1566', 'X1566', 'X1567', 'X1566', 'X1571', 'X1572', 'X1573', 'X1573', 'X1575', 'X1576', 'X1577', 'X1577', 'X1578', 'X1579', 'X1580', 'X1581', 'X1588', 'X1589', 'X1571', 'X1572', 'X1571', 'X1571',
                                       2', 'X1583', 'X1584', 'X1585', 'X1586', 'X1586', 'X1587', 'X1588', 'X1589', 'X1590', 'X1590', 'X1592', 'X1593', 'X1596', 'X1596', 'X1599', 'X1599', 'X1590', 'X1600', 
                                       8', 'X1609', 'X1610', 'X1611', 'X1612', 'X1613', 'X1613', 'X1615', 'X1615', 'X1616', 'X1618', 'X1621', 'X1622', 'X1623', 'X1626', 'X1626', 'X1627', 'X1628', 'X1629', 'X1629', 'X1630', 'X1631', 'X1632', 'X1633', 'X1631', 
                                        4', 'X1635', 'X1636', 'X1637', 'X1638', 'X1638', 'X1639', 'X1640', 'X1641', 'X1642', 'X1644', 'X1645', 'X1646', 'X1647', 'X1648', 'X1650', 'X1651', 'X1652', 'X1653', 'X1654', 'X1655', 'X1656', 'X1657', 'X1658', 'X1659', 'X1659', 'X1648', 'X1648', 'X1648', 'X1648', 'X1651', 'X1651', 'X1651', 'X1651', 'X1658', 'X1658', 'X1658', 'X1658', 'X1648', 'X1648', 'X1648', 'X1648', 'X1658', 'X1658',
                                       0', 'X1661', 'X1662', 'X1663', 'X1664', 'X1665', 'X1666', 'X1666', 'X1668', 'X1669', 'X1670', 'X1671', 'X1673', 'X1676', 'X1677', 'X1678', 'X1679', 'X1679', 'X1681', 'X1682', 'X1682', 'X1683', 'X1688', 'X1689', 'X1689', 'X1679', 'X1679', 'X1679', 'X1679', 'X1679', 'X1679', 'X1679', 'X1681', 'X1681',
                                       6', 'X1687', 'X1688', 'X1689', 'X1690', 'X1690', 'X1691', 'X1692', 'X1693', 'X1694', 'X1695', 'X1696', 'X1699', 'X1700', 'X1701', 'X1702', 'X1703', 'X1704', 'X1705', 'X1706', 'X1707', 'X1708', 'X1709', 'X1711', 'X171
                                       2', 'X1713', 'X1714', 'X1715', 'X1716', 'X1716', 'X1717', 'X1718', 'X1720', 'X1720', 'X1722', 'X1723', 'X1726', 'X1726', 'X1728', 'X1729', 'X1730', 'X1731', 'X1732', 'X1733', 'X1734', 'X1735', 'X1736', 'X1737', 'X1737', 'X1728', 'X1728', 'X1729', 'X1731', 'X1731', 'X1731', 'X1733', 'X1734', 'X1735', 'X1736', 'X1737', 'X1731', 'X1728', 'X1731', 
                                       8', 'X1739', 'X1740', 'X1741', 'X1742', 'X1742', 'X1743', 'X1744', 'X1745', 'X1746', 'X1748', 'X1749', 'X1750', 'X1751', 'X1751', 'X1755', 'X1756', 'X1757', 'X1758', 'X1759', 'X1759', 'X1760', 'X1761', 'X1762', 'X1763', 'X1761', 'X1751', 
                                       4', 'X1765', 'X1766', 'X1767', 'X1768', 'X1768', 'X1769', 'X1770', 'X1771', 'X1772', 'X1773', 'X1775', 'X1775', 'X1778', 'X1778', 'X1781', 'X1782', 'X1783', 'X1784', 'X1785', 'X1786', 'X1786', 'X1787', 'X1789', 'X1789', 'X1779', 'X1779', 'X1781', 'X1781', 'X1781', 'X1788', 'X1788', 'X1786', 'X1786', 'X1786', 'X1787', 'X1788', 'X1789', 'X1779', 'X1778', 'X1781', 'X1781', 'X1788', 'X1888', 'X1888',
                                       0', 'X1791', 'X1792', 'X1793', 'X1794', 'X1795', 'X1796', 'X1797', 'X1798', 'X1899', 'X1800', 'X1806', 'X1806', 'X1806', 'X1808', 'X1808', 'X1809', 'X1811', 'X1812', 'X1813', 'X1815', 'X1815', 'X1815', 'X1811', 
                                       6', 'X1817', 'X1818', 'X1819', 'X1820', 'X1821', 'X1822', 'X1823', 'X1824', 'X1825', 'X1826', 'X1827', 'X1830', 'X1831', 'X1833', 'X1834', 'X1835', 'X1836', 'X1837', 'X1838', 
                                       2', 'X1843', 'X1844', 'X1845', 'X1846', 'X1846', 'X1847', 'X1848', 'X1850', 
                                       8', 'X1869', 'X1870', 'X1871', 'X1872', 'X1873', 'X1873', 'X1875', 'X1875', 'X1876', 'X1877', 'X1880', 'X1880', 'X1888', 'X1886', 'X1887', 'X1888', 'X1888', 'X1889', 'X1889', 'X1890', 'X1891', 'X1892', 'X1893', 'X1891', 
                                       4', 'X1895', 'X1896', 'X1897', 'X1898', 'X1899', 'X1900', 'X1900', 'X1901', 'X1902', 'X1903', 'X1905', 'X1905', 'X1907', 'X1911', 'X1912', 'X1913', 'X1914', 'X1915', 'X1916', 'X1917', 'X1918', 'X1919', 'X1907', 'X1908', 'X1907', 'X1918', 'X1908', 'X1908', 'X1908', 'X1911', 'X1911',
                                       0', 'X1921', 'X1922', 'X1923', 'X1924', 'X1925', 'X1926', 'X1927', 'X1928', 'X1938', 'X1938', 'X1938', 'X1938', 'X1939', 'X1941', 'X1942', 'X1943', 'X1944', 'X1945', 'X1945', 'X1945', 'X1945', 'X1946', 
                                       6', 'X1947', 'X1948', 'X1949', 'X1950', 'X1951', 'X1952', 'X1953', 'X1954', 'X1955', 'X1955', 'X1955', 'X1955', 'X1955', 'X1958', 'X1960', 'X1961', 'X1962', 'X1963', 'X1965', 'X1965', 'X1966', 'X1967', 'X1968', 'X1969', 'X1970', 'X1971', 'X1971',
                                       2', 'X1973', 'X1974', 'X1975', 'X1976', 'X1977', 'X1978', 'X1986', 'X1980', 'X1988', 'X1988', 'X1989', 'X1990', 'X1991', 'X1992', 'X1993', 'X1994', 'X1995', 'X1996', 'X1997', 'X1988', 'X1988', 'X1989', 'X1991', 'X1992', 'X1993', 'X1994', 'X1995', 'X1996', 'X1997', 'X1998', 'X1988', 'X1989', 'X1991', 'X1991',
                                       8', 'X1999', 'X2000', 'X2001', 'X2002', 'X2003', 'X2003', 'X2004', 'X2005', 'X2006', 'X2007', 'X2018', 
                                       4', 'x2025', 'x2026', 'x2027', 'x2028', 'x2028', 'x2029', 'x2030', 'x2031', 'x2032', 'x2033', 'x2034', 'x2035', 'x2037', 'x2041', 'x2042', 'x2047', 'x2048', 'x2047', 'x2048', 
                                       0', 'x2051', 'x2052', 'x2053', 'x2054', 'x2055', 'x2056', 'x2056', 'x2057', 'x2058', 'x2067', 'x2061', 'x2062', 'x2065', 'x2066', 'x2066', 'x2066', 'x2068', 'x2069', 'x2070', 'x2071', 'x2072', 'x2073', 'x2074', 'x2075', 
                                       6', 'x2077', 'x2078', 'x2079', 'x2080', 'x2081', 'x2081', 'x2082', 'x2083', 'x2084', 'x2085', 'x2086', 'x2087', 'x2088', 'x2087', 'x2090', 'x2091', 'x2092', 'x2093', 'x2095', 'x2096', 'x2097', 'x2098', 'x2099', 'x2100', 'x2101', 'x2101',
                                       2', 'x2103', 'x2104', 'x2105', 'x2106', 'x2120', 'x2126', 'x2120', 'x2110', 'x2112', 'x2112', 'x2112', 'x2118', 'x2118', 'x2118', 'x2119', 'x2121', 'x2122', 'x2123', 'x2124', 'x2125', 'x2126', 'x2127', 'x212
                                       8', 'X2129', 'X2130', 'X2131', 'X2132', 'X2133', 'X2134', 'X2135', 'X2136', 'X2135', 'X2136', 'X2137', 'X2138', 'X2140', 'X2141', 'X2145', 'X2145', 'X2146', 'X2147', 'X2148', 'X2149', 'X2150', 'X2151', 'X2152', 'X2153', 'X2153', 'X2158', 'X2158', 'X2148', 'X2148', 'X2148', 'X2148', 'X2148', 'X2148', 'X2148', 'X2148', 'X2151', 'X2152', 'X2153', 'X2158', 
                                        4', 'X2155', 'X2156', 'X2157', 'X2158', 'X2158', 'X2159', 'X2160', 'X2161', 'X2162', 'X2163', 'X2163', 'X2166', 'X2166', 'X2167', 'X2168', 'X2169', 'X2170', 'X2171', 'X2172', 'X2173', 'X2174', 'X2175', 'X2176', 'X2177', 'X2178', 'X2179', 'X2188', 'X2169', 'X2169', 'X2169', 'X2170', 'X2170',
                                       0', 'x2181', 'x2182', 'x2183', 'x2184', 'x2185', 'x2186', 'x2187', 'x2188', 'x2189', 'x2190', 'x2191', 'x2196', 'x2197', 'x2198', 'x2199', 'x2199', 'x2190', 'x2201', 'x2202', 'x2203', 'x2204', 'x2205', 'x2207', 'x2198', 'x2188', 'x2188', 'x2188', 'x2188', 'x2188', 'x2198', 'x2188', 
                                       6', 'x2207', 'x2208', 'x2209', 'x2210', 'x2211', 'x2212', 'x2213', 'x2213', 'x2216', 'x2216', 'x2218', 'x2221', 'x2222', 'x2223', 'x2224', 'x2225', 'x2226', 'x2227', 'x2228', 'x2228', 'x2229', 'x2231', 'x2231', 'x2218', 'x218', 'x218', 'x218', 'x218', 'x218', 'x218
                                       2', 'X2233', 'X2234', 'X2235', 'X2236', 'X2236', 'X2236', 'X2236', 'X2236', 'X2246', 
                                       8', 'x2259', 'x2260', 'x2261', 'x2262', 'x2263', 'x2263', 'x2261', 'x2265', 'x2265', 'x2267', 'x2268', 'x2268', 'x2268', 'x2271', 'x271', 'x2
                                        4', 'X2285', 'X2286', 'X2287', 'X2288', 'X2288', 'X2289', 'X2290', 'X2291', 'X2292', 'X2293', 'X2296', 'X2296', 'X2299', 'X2300', 'X2301', 'X2302', 'X2303', 'X2304', 'X2305', 'X2306', 'X2307', 'X2308', 'y']
                                        Variable clase identificada: 'y' con valores [1, 2, 3, 4]
                                         Valores faltantes totales: 0
                                        Top 10 genes con mayor diferencia absoluta de medias (clase 2 vs 4):
                                        X187
                                                                                   3.323151
                                        X509
                                                                                  2.906537
                                         X2046 2.424515
                                        X2050 2.401783
                                        X129
                                                                                   2.165185
                                        X1645 2.065460
                                        X1319
                                                                                2.045941
                                        X1955 2.037340
                                        X1003 2.011337
                                        X246
                                                                                1.837830
                                         dtype: float64
                                             Análisis:
                                               Las diferencias en la expresión de genes como X187 y X509 entre los tipos de cáncer 2 y 4 sugieren que podrían ser clave para distinguir ambos tumores, ya sea por medio de estudios. En este estudio de inferencia, encotrar esto nos da pistas valiosas
                                               sobre las diferencias biológicas entre estos cánceres, pero es importante confirmarlos con análisis estadísticos más sobustos como con pruebas de significancia o validación cruzada, ya que por ahora solo sabemos que indican una asociación interesante que requiere más
                                               investigación para establecer su verdadero significado clínico y biológico.
                                                       2. Calcularemos el estadístico t y el p-value para comparar las medias de todos los genes entre la clase 4 de la base de datos. Usaremos la metodología de Bonferroni, de Holm, y de Benjamini-Hochberg para corregir por múltiples pruebas.
                                               Se indicará para cada una qué genes tienen una expresión significativamente distinta entre las clases manejando un control de 0.05.
In [34]: from scipy import stats
                                               from statsmodels.stats.multitest import multipletests
                                               # Filtrar datos para clases 2 y 4
                                               class_2 = X[y == 2]
                                               class\_4 = X[y == 4]
                                               # Calcular estadístico t y p-values para cada gen
                                               t_stats, p_values = stats.ttest_ind(class_2, class_4, axis=0, equal_var=False)
                                               # Correcciones para múltiples pruebas
                                               methods = ['bonferroni', 'holm', 'fdr_bh'] # Benjamini-Hochberg es 'fdr_bh'
                                               significant_genes = {}
                                               for method in methods:
                                                                   # Aplicar corrección
                                                                  rejected, corrected_p, _, _ = multipletests(p_values, alpha=0.05, method=method)
                                                                    # Guardar resultados
                                                                  significant_genes[method] = {
                                                                                       'total_significant': sum(rejected),
                                                                                        'genes': X.columns[rejected],
                                                                                         'p_values': corrected_p[rejected]
                                                                    # Imprimir resumen
                                                                  print(f"\nMétodo {method.upper()}:")
                                                                print(f"Genes significativos: {significant_genes[method]['total_significant']}")
                                                                print("Top 10 genes más significativos:")
                                                                  top_10_idx = np.argsort(significant_genes[method]['p_values'])[:10]
                                                                   for idx in top_10_idx:
                                                                                       gene = significant_genes[method]['genes'][idx]
                                                                                       p_val = significant_genes[method]['p_values'][idx]
                                                                                       print(f"{gene}: p = {p_val:.5f}")
                                         Método BONFERRONI:
                                         Genes significativos: 72
                                        Top 10 genes más significativos:
                                        X1003: p = 0.00000
                                       X187: p = 0.00000
                                        X2050: p = 0.00000
                                        X1955: p = 0.00000
                                        X1645: p = 0.00000
                                        X246: p = 0.00000
                                         X2046: p = 0.00000
                                        X509: p = 0.00000
                                        X1954: p = 0.00000
                                        X1389: p = 0.00000
                                        Método HOLM:
                                         Genes significativos: 72
                                        Top 10 genes más significativos:
                                         X1003: p = 0.00000
                                        X187: p = 0.00000
                                         X2050: p = 0.00000
                                        X1955: p = 0.00000
                                        X1645: p = 0.00000
                                         X246: p = 0.00000
                                         X2046: p = 0.00000
                                         X509: p = 0.00000
                                         X1954: p = 0.00000
                                       X1389: p = 0.00000
                                       Método FDR_BH:
                                        Genes significativos: 296
                                       Top 10 genes más significativos:
                                        X1003: p = 0.00000
                                        X187: p = 0.00000
                                         X2050: p = 0.00000
                                        X1955: p = 0.00000
                                         X1645: p = 0.00000
                                         X246: p = 0.00000
                                         X2046: p = 0.00000
                                         X509: p = 0.00000
                                         X1954: p = 0.00000
                                         X1389: p = 0.00000
                                             Análisis:
                                               Bonferroni con un criterio más conservador identificó 72 genes con diferencias significativas (p<0.05), incluyendo X1003, X187 y X2050 como los más relevantes p=0. Holm parecido a Bonferroni pero ligeramente menos estricto, también detectó 72 genes significativos, coincidiendo en
                                               los primeros 10 genes con Bonferroni. FDR BH más felxible encontró 296 genes diferenciales, manteniendo los mismos 10 genes top con p=0, pero incluyendo muchos más candidatos posibles. Todos los métodos encuentran que X1003, X187 y X2050 son los genes con diferencias
                                               más extremas entre clases.
                                                       3. Realizaremos un experimento parecido al anterior, pero ahora comparando las medias de las 4 clases de la base de datos. Para lograrlo, en vez de trabajar con el estadístico t, probaremos el análisis de varianza ANOVA. Dicha prueba la realizaremos con la funciónf_oneway de
                                                                scipy.stats, pero para usar la función, necesitaremos primero estratificarlos por clase.
 In [36]: from scipy.stats import f_oneway
                                               # Preparar datos para ANOVA
                                               anova_results = []
                                               for gene in X.columns:
                                                              # Separar datos por clase
                                                                  groups = [X[y == cls][gene] for cls in sorted(y.unique())]
                                                                  # Calcular ANOVA
                                                                f_stat, p_val = f_oneway(*groups)
                                                                  anova_results.append({'gene': gene, 'F': f_stat, 'p': p_val})
                                               # Convertir a DataFrame y ordenar
                                               anova_df = pd.DataFrame(anova_results).sort_values('p')
                                               # Corrección Benjamini-Hochberg
                                               rejected, corrected_p, _, _ = multipletests(anova_df['p'], alpha=0.05, method='fdr_bh')
                                               anova_df['significant'] = rejected
                                               anova_df['corrected_p'] = corrected_p
                                               # Resultados
                                               print (f"\nANOVA - Genes significativos: {sum(rejected)}")
                                             print("\nTop 10 genes más significativos:")
                                             print(anova_df[['gene', 'F', 'corrected_p']].head(10))
                                         ANOVA - Genes significativos: 1162
                                        Top 10 genes más significativos:
                                                            gene F corrected_p
                                       1954 X1955 84.364086 2.045755e-21
                                       1388 X1389 83.817537 2.045755e-21
                                       1002 X1003 77.795622 1.245542e-20
                                       2049 X2050 69.230799 2.731346e-19
                                       245 X246 68.414042 3.062126e-19
                                       741 X742 65.572797 8.445542e-19
                                      0 X1 59.118264 1.265852e-17
                                       2161 X2162 56.987623 2.986387e-17
                                       1953 X1954 55.419914 5.597246e-17
                                       1644 X1645 54.768403 6.751740e-17
                                             Análisis:
                                               Ahora, mientras los métodos de comparación directa entre las clases 2 y 4 (Bonferroni, Holm y FDR_BH) identificaron entre 72 y 296 genes significativos, ANOVA que compara simultáneamente detectó un conjunto mucho más amplio, alrededor de 1,162 genes, indicando genes como
                                               X1955 (p=2.04e-21) y X1389 como los más significativos.
                                               Aunque se mantiene cierta coincidencia en genes top como X1955, X1003, X2050, X1645 que aparecían en ambos análisis, el ANOVA revela genes adicionales relevantes, como X742 y X1, que las comparaciones por pares no capturaron, sugiriendo que estos podrían estar
                                               expresados diferente en otros contrastes entre clases o mostrar patrones complejos que solo se podrían ver al considerar todas las clases simultáneamente.
                                                        4. Separaremos los datos en entrenamiento y prueba, construiremos y entrenaremos un modelo de SVM con un kernel polinomial de orden 3, y con un kernel radial. Para evitar que el tiempo de procesamiento sea exagerado, seleccionaremos solamente algunas
                                                                variables, partiendo de los resultados que obtuvimos en los puntos anteriores. Pero lo ideal sería que la selección de características se basara solamente en experimentos realizados con los datos de entrenamiento. Pero, en este caso, obviaremos este detalle.
 In [38]: from sklearn.model_selection import train_test_split
                                               from sklearn.svm import SVC
                                               from sklearn.preprocessing import StandardScaler
                                               # Seleccionar los 50 genes más significativos del ANOVA
                                               selected_genes = anova_df.head(50)['gene'].values
                                               X_selected = X[selected_genes]
                                               # Estandarizar datos
                                               scaler = StandardScaler()
                                               X_scaled = scaler.fit_transform(X_selected)
                                               # Dividir datos (70% entrenamiento, 30% prueba)
                                               X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X_scaled, y, test_size=0.3, random_state=42)
                                               # Modelos SVM
                                               models = {
                                                                   'Lineal': SVC(kernel='linear', C=1, random_state=42),
                                                                   'Polinomial (grado 3)': SVC(kernel='poly', degree=3, C=1, random_state=42),
                                                                    'RBF': SVC(kernel='rbf', C=1, gamma='scale', random_state=42)
                                               # Entrenamiento
                                               for name, model in models.items():
                                                                print(f"\nEntrenando modelo {name}...")
                                                                  model.fit(X_train, y_train)
                                         Entrenando modelo Lineal...
                                         Entrenando modelo Polinomial (grado 3)...
                                        Entrenando modelo RBF...
                                                       5. Calcularemos, para los 3 modelos, métricas importantes como exactitud (accuracy), precisión, recall (sensibilidad), F1-score y matriz de confusión para comparar los desempeños. analizaremos los resultados, especificando si uno de los kernels es mejor para esta tarea específica,
                                                                considerando tanto el rendimiento como la complejidad computacional
In [40]: from sklearn.metrics import classification_report, confusion_matrix, accuracy_score
                                               import seaborn as sns
                                               import matplotlib.pyplot as plt
                                               for name, model in models.items():
                                                                  print(f"\n=== Evaluación modelo {name} ===")
                                                                   # Predicciones
                                                                  y_pred = model.predict(X_test)
                                                                  print(f"Exactitud: {accuracy_score(y_test, y_pred):.4f}")
                                                                  print("\nReporte de clasificación:")
                                                                  print(classification_report(y_test, y_pred))
                                                                    # Matriz de confusión
                                                                  cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)
                                                                  plt.figure(figsize=(6,4))
                                                                  sns.heatmap(cm, annot=True, fmt='d', cmap='Blues',
                                                                                                                              xticklabels=sorted(y.unique()),
                                                                                                                              yticklabels=sorted(y.unique()))
                                                                  plt.title(f'Matriz de Confusión - {name}')
                                                                  plt.ylabel('Verdadero')
                                                                  plt.xlabel('Predicho')
                                                                plt.show()
                                          === Evaluación modelo Lineal ===
                                         Exactitud: 1.0000
                                         Reporte de clasificación:
                                                                                                                precision recall f1-score support
                                                                                                                                       1.00
                                                                                                                                                                                          1.00
                                                                                                                                                                                                                                              1.00
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                             1.00
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                             1.00
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                            1.00
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                                                                                                                                                                                              25
                                                            accuracy
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                             1.00
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                                                                                                                                                                                              25
                                                        macro avg
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                                                                                                                                                                                              25
                                          weighted avg
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                             1.00
                                                                                                                      Matriz de Confusión - Lineal
                                                                                                                                                                                                                             0
                                                                                                                                                                                                                                                                                         0
                                                                                                                                                                                                                                                                                        0
                                                                                                                                                                                                                             0
                                                                                                  0
                                                                                                                                                                                                                                                                                        0
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       - 3
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       - 2
                                                                                                                                                                                                                             0
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    - 1
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     - 0
                                                                                                                                                                             Predicho
                                          === Evaluación modelo Polinomial (grado 3) ===
                                         Exactitud: 0.9200
                                         Reporte de clasificación:
                                                                                                              precision
                                                                                                                                                                                   recall f1-score
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                             1.00
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                         0.82
                                                                                                                                                                                            1.00
                                                                                                                                                                                                                                                0.90
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                            0.50
                                                                                                                                                                                                                                                0.67
                                                                                                                                         1.00
                                                                                                                                                                                                                                                1.00
                                                                                                                                                                                                                                                                                                              25
                                                                                                                                                                                                                                                0.92
                                                            accuracy
                                                                                                                                                                                                                                                                                                              25
                                                        macro avg
                                                                                                                                         0.95
                                                                                                                                                                                             0.88
                                                                                                                                                                                                                                                0.89
                                                                                                                                                                                            0.92
                                                                                                                                                                                                                                                0.91
                                                                                                                                                                                                                                                                                                              25
                                          weighted avg
                                                                                                                                         0.93
                                                                              Matriz de Confusión - Polinomial (grado 3)
```

rendimiento ligeramente inferior (92% exactitud), con dificultades específicas en la clase 3 (recall=0.50, F1=0.67), indicando posibles limitaciones para capturar patrones complejos en esta categoría. La consistencia del RBF y el lineal en todas las métricas (precisión, recall y F1) los posiciona como los mejores candidatos, aunque el kernel lineal podría preferirse por su simplicidad computacional al ofrecer el mismo rendimiento perfecto. El polinomial, aunque útil, requeriría ajustes (ej. modificar el grado o parámetros de regularización) para mejorar su capacidad predictiva en la clase 3.

Mientras que los resultados sugieren que el lineal y RBF son óptimos, la perfección es estadísticamente sospechosa. El polinomial (92%) podría ser más realista, y su error en la clase 3 merece investigación. Yo personalemente de debo la exactitud del 100% a la selexxipon d

Análisis:

0

genomas y la fuga de datos que tenemos en el código que permite correr más rápido el sistema.

Referencias:

OpenAI. (2025). ChatGPT (versión GPT-4) [Modelo de lenguaje grande]. https://chat.openai.com/

Tanto el modelo lineal como el RBF alcanzaron una exactitud perfecta (100%), clasificando correctamente todos los casos (F1-score=1.00 en todas las clases), lo que sugiere una separabilidad óptima de los datos con estos kernels. El modelo polinomial (grado 3) mostró un

0

2

recall f1-score support

1.00

1.00

1.00

1.00

1.00

1.00

1.00

4

8

25

25

25

0

0

0

- 3

- 2

- 1

- 0

Predicho

1.00

1.00

1.00

1.00

1.00

1.00

0

0

0

Predicho

Matriz de Confusión - RBF

0

=== Evaluación modelo RBF ===

precision

1.00

1.00

1.00

1.00

1.00

1.00

Reporte de clasificación:

Exactitud: 1.0000

accuracy

macro avg

weighted avg

Verdader

0

0

- 3

- 2

- 1

- 0