codigoTFG

Jorge de Andrés

12 de enero de 2019

Lo primero que tengo que hacer es importar el dataset que he creado

```
dataset <- read.csv("C:/Users/jorge/Desktop/Documentos Clase/Universidad/4ºCarrera/2º Cuatrimestre/TFG/
```

Ahora lo que hago es pasarlo a una matriz, quitando tanto el nombre (que no me interesa) como la etiqueta (que no la necesito por ahora)

```
matriz.pacientes.etiquetas <- dataset[, -1]
matriz.pacientes.datos <- matriz.pacientes.etiquetas[, -25]
```

Análisis Exploratorio

Primero compruebo que todos los datos tienen un tipo correcto.

```
sapply(matriz.pacientes.datos, class)
```

```
##              edad               sex rel_ctxo_rel_mala   rel_ctxo_trauma
##         "integer"         "integer"         "integer"         "integer"
##    rel_ctxo_buena           ed_perm           ed_norm           ed_estr
##         "integer"         "integer"         "integer"         "integer"
##          resil_ba          resil_me          resil_al           pen_dic
##         "integer"         "integer"         "integer"         "integer"
##            gen_ex              etiq           fil_men           max_min
##         "integer"         "integer"         "integer"         "integer"
##          conc_arb          pseu_res               deb           raz_emo
##         "integer"         "integer"         "integer"         "integer"
##             inhib             asert             agres             impuls
##         "integer"         "integer"         "integer"         "integer"
```

Veo la media de la edad de los pacientes y el rango en el que se mueve

```
mean(matriz.pacientes.datos[, 1])
```

```
## [1] 26.46269
```

```
range(matriz.pacientes.datos[, 1])
```

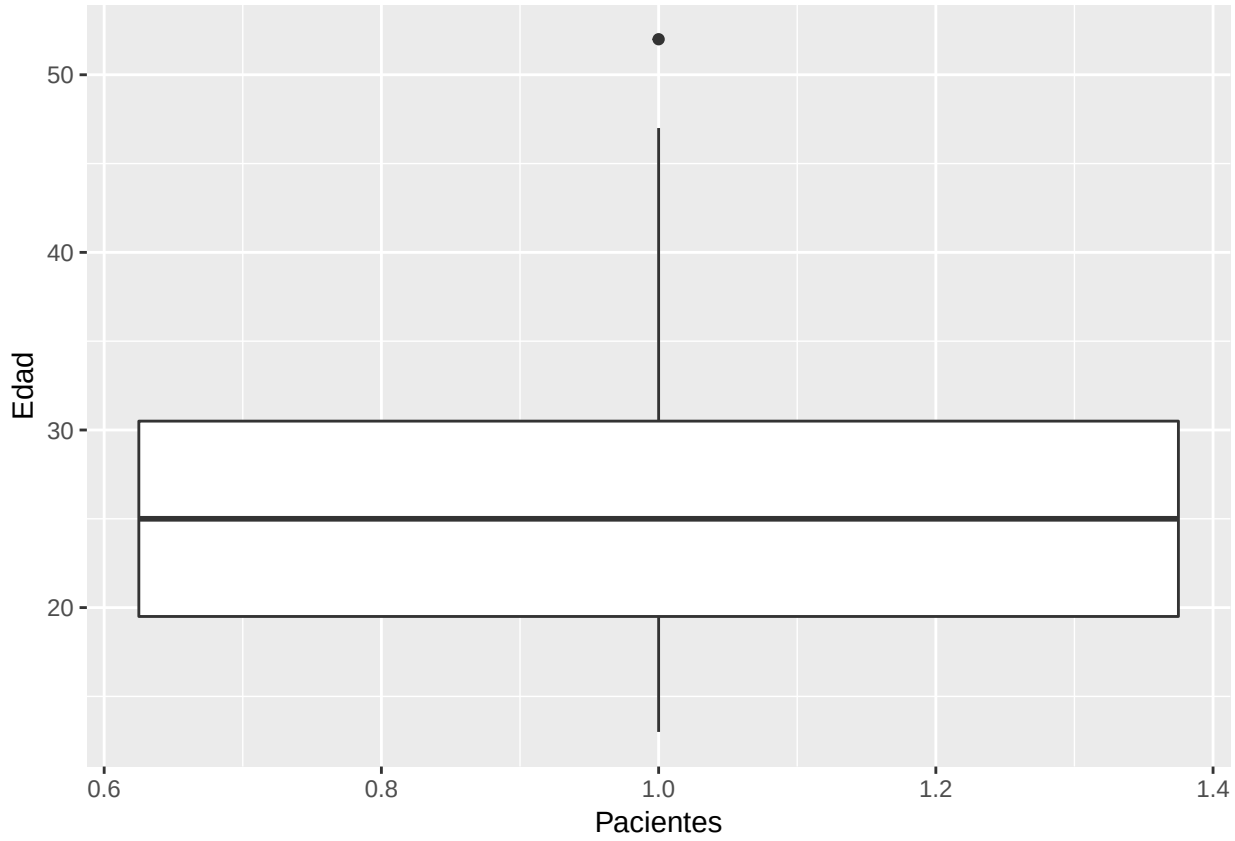
```
## [1] 13 52
```

Voy a ver estos datos gráficamente:

```
#install.packages("ggplot2")
library("ggplot2")
```

```
## Warning: package 'ggplot2' was built under R version 3.5.2
```

```
qplot(1, matriz.pacientes.datos[, 1], xlab = "Pacientes", ylab = "Edad", geom="boxplot")
```



Finalmente, veo un resúmen de cada columna

```
summary(matriz.pacientes.datos)
```

```
##       edad            sex        rel_ctxo_rel_mala rel_ctxo_trauma
##  Min.   :13.00   Min.   :0.000   Min.   :0.0000    Min.   :0.0000
##  1st Qu.:19.50   1st Qu.:0.000   1st Qu.:0.0000    1st Qu.:0.0000
##  Median :25.00   Median :0.000   Median :0.0000    Median :0.0000
##  Mean   :26.46   Mean   :0.209   Mean   :0.1343    Mean   :0.3582
##  3rd Qu.:30.50   3rd Qu.:0.000   3rd Qu.:0.0000    3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :52.00   Max.   :1.000   Max.   :1.0000    Max.   :1.0000
##  rel_ctxo_buena      ed_perm          ed_norm          ed_estr
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.0000
##  Median :1.0000   Median :0.0000   Median :0.0000   Median :0.0000
##  Mean   :0.5075   Mean   :0.2836   Mean   :0.4925   Mean   :0.2239
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:0.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :1.0000   Max.   :1.0000   Max.   :1.0000
##     resil_ba         resil_me         resil_al          pen_dic
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   :0.00000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.00000   1st Qu.:1.0000
##  Median :1.0000   Median :0.0000   Median :0.00000   Median :1.0000
##  Mean   :0.5672   Mean   :0.4179   Mean   :0.01493   Mean   :0.8955
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:0.00000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :1.0000   Max.   :1.00000   Max.   :1.0000
##      gen_ex            etiq           fil_men         max_min
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   :0.000   Min.   :0.0000
```

```
##  1st Qu.:1.0000   1st Qu.:0.5000   1st Qu.:1.000   1st Qu.:1.0000
##  Median :1.0000   Median :1.0000   Median :1.000   Median :1.0000
##  Mean   :0.9552   Mean   :0.7463   Mean   :0.791   Mean   :0.9701
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :1.0000   Max.   :1.000   Max.   :1.0000
##     conc_arb         pseu_res          deb            raz_emo
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   :0.000
##  1st Qu.:1.0000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:1.0000   1st Qu.:1.000
##  Median :1.0000   Median :1.0000   Median :1.0000   Median :1.000
##  Mean   :0.9851   Mean   :0.5075   Mean   :0.9403   Mean   :0.791
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:1.000
##  Max.   :1.0000   Max.   :1.0000   Max.   :1.0000   Max.   :1.000
##      inhib            asert            agres           impuls
##  Min.   :0.0000   Min.   :0.0000   Min.   :0.000   Min.   :0.0000
##  1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.0000   1st Qu.:0.000   1st Qu.:0.0000
##  Median :1.0000   Median :0.0000   Median :0.000   Median :1.0000
##  Mean   :0.6567   Mean   :0.1343   Mean   :0.209   Mean   :0.6119
##  3rd Qu.:1.0000   3rd Qu.:0.0000   3rd Qu.:0.000   3rd Qu.:1.0000
##  Max.   :1.0000   Max.   :1.0000   Max.   :1.000   Max.   :1.0000
```

Como se puede ver, los datos de los pacientes están muy distanciados, y además su media es muy alta. Así, la media de la edad difiere enormemente del resto de valores de la matriz. Debido a ello, debemos de hacer un preprocesado de los datos del problema.

Preparación de los datos

Como he comentado antes, Lo que voy a hacer ahora es un centrado y escalado de los datos de la matriz. De esta manera, la red neuronal no tendrá ningún valor que destaque especialmente y con ello no dará de inicio más peso a unos valores que a otros, ya que no lo buscamos.

Lo primero que hacemos es importar la librería caret

```
#install.packages("caret")
library(caret)
```

```
## Warning: package 'caret' was built under R version 3.5.2
```

```
## Loading required package: lattice
```

Ahora hacemos un centrado y escalado de los datos, ya que la edad no sigue el rango del resto de valores, y distorsionaría la predicción

```
preObjeto <- preProcess(matriz.pacientes.datos, method=c("center", "scale"))  # Quiero hacer un centrad
matriz.pacientes.datos.centscal <- predict(preObjeto, matriz.pacientes.datos) # Obtengo los valores en
```

Después del preprocesado, aunque con los datos no preprocesados, voy a hacer la visualización de algunas relaciones entre variables, de tal manera que podamos ver gráficamente algunos aspectos interesantes:

Visualización de Datos

Para empezar voy a sacar una nube de palabras para mostrar los nombres más comúnes en los datos facilitados:

```
# Lo primero que tengo que hacer es contar la frecuencia de los nombres

#install.packages("plyr")
library(plyr)
#install.packages("wordcloud")
library(wordcloud)
```

```
## Warning: package 'wordcloud' was built under R version 3.5.2

## Loading required package: RColorBrewer
```

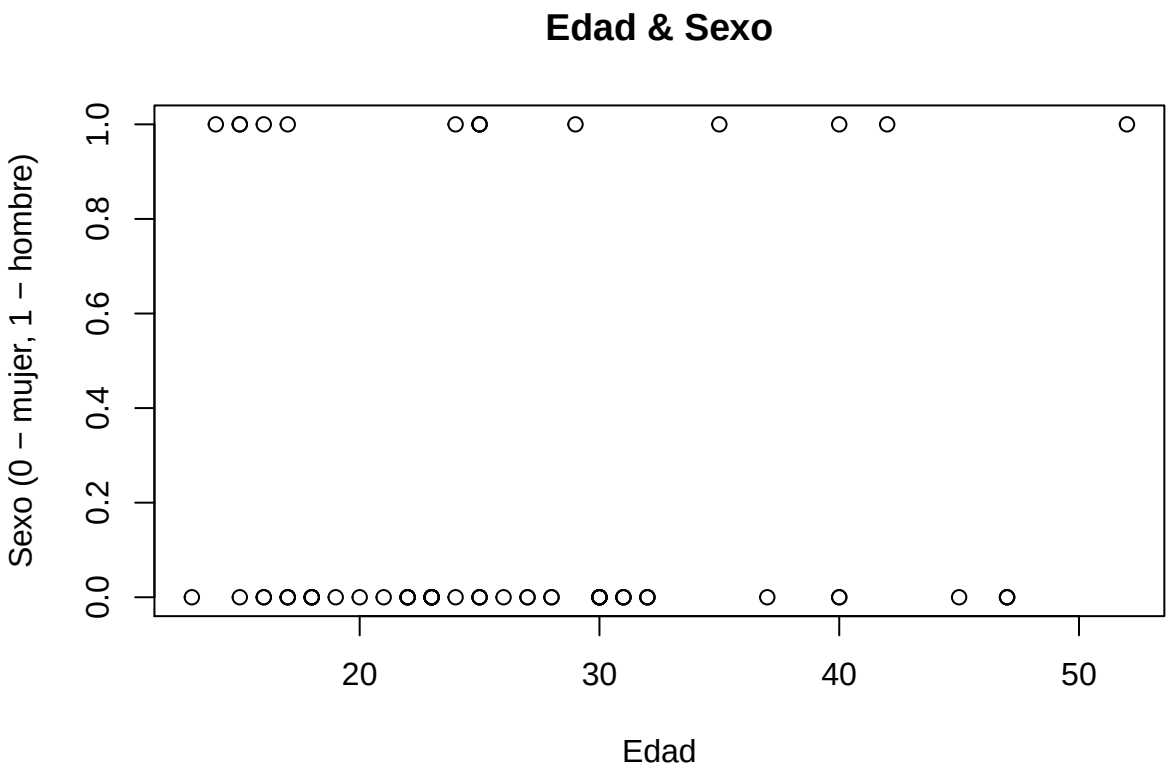
```
dataNombres <- ddply(dataset,.(nom),nrow)
dataNombres <- dataNombres[order(dataNombres$V1, decreasing = TRUE), ]
```

Una vez que tengo los nombres contados y ordenados, es el momento de crear la WordCloud

```
set.seed(9999) #Para el mantenimiento del mismo patrón

wordcloud(words = dataNombres$nom, freq = dataNombres$V1, min.freq = 1, random.order=FALSE, rot.per=0.5
```

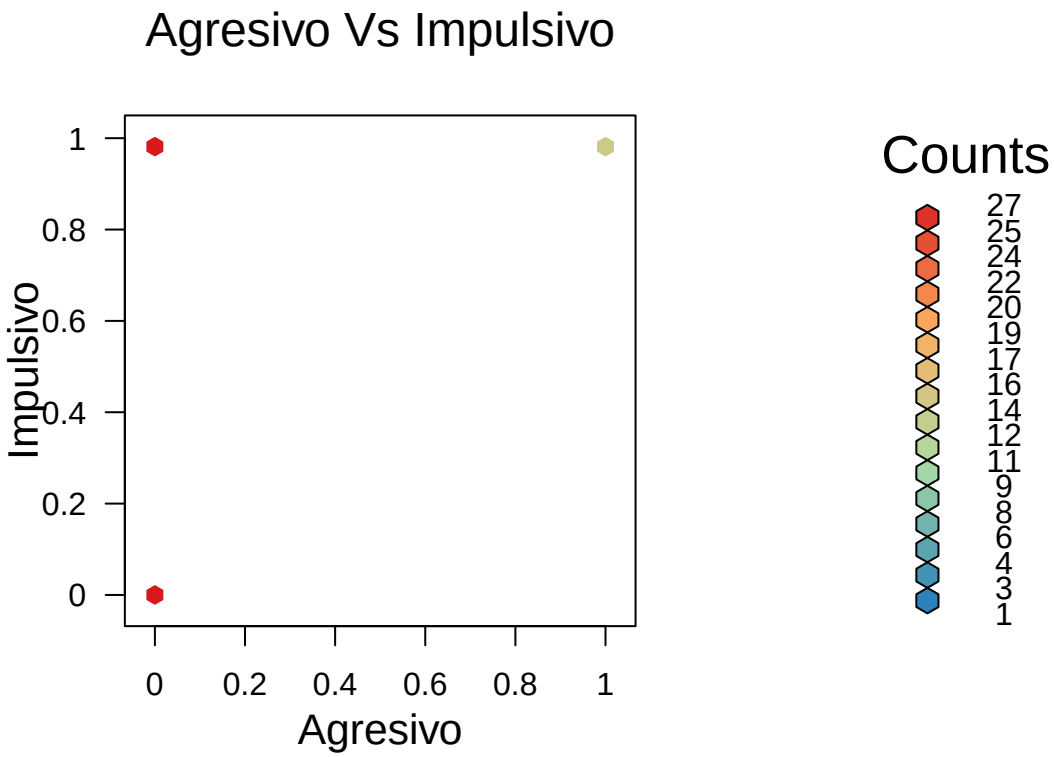
Ahora voy a sacar un plot para ver la relación entre la edad y el sexo de las personas que están en consulta

```
plot(matriz.pacientes.datos[,1], matriz.pacientes.datos[,2], xlab="Edad", ylab="Sexo (0 - mujer, 1 - hor
```



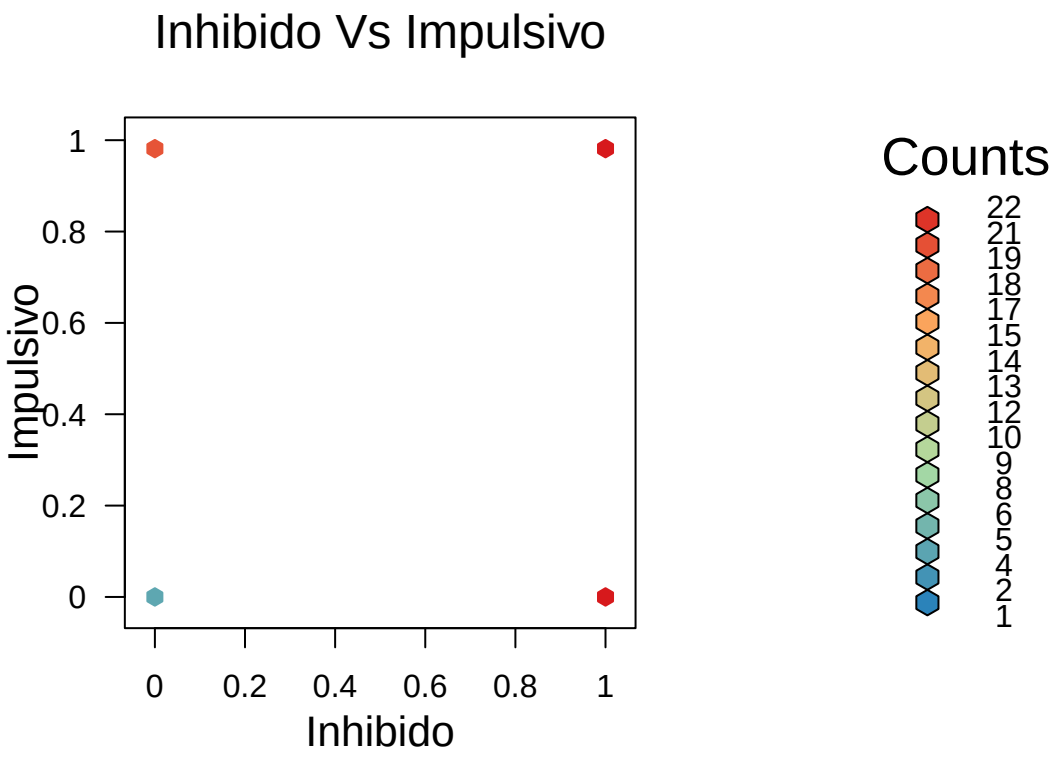
Otro plot para ver la correlación entre ser agresivo y ser impulsivo

```
#install.packages("hexbin")
#install.packages("RColorBrewer")

library(hexbin)
library(RColorBrewer)

rf <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(4,'Spectral')))
df <- data.frame(matriz.pacientes.datos[, 23], matriz.pacientes.datos[, 24])
h <- hexbin(df)
plot(h, colramp=rf, xlab="Agresivo", ylab="Impulsivo", main="Agresivo Vs Impulsivo")
```



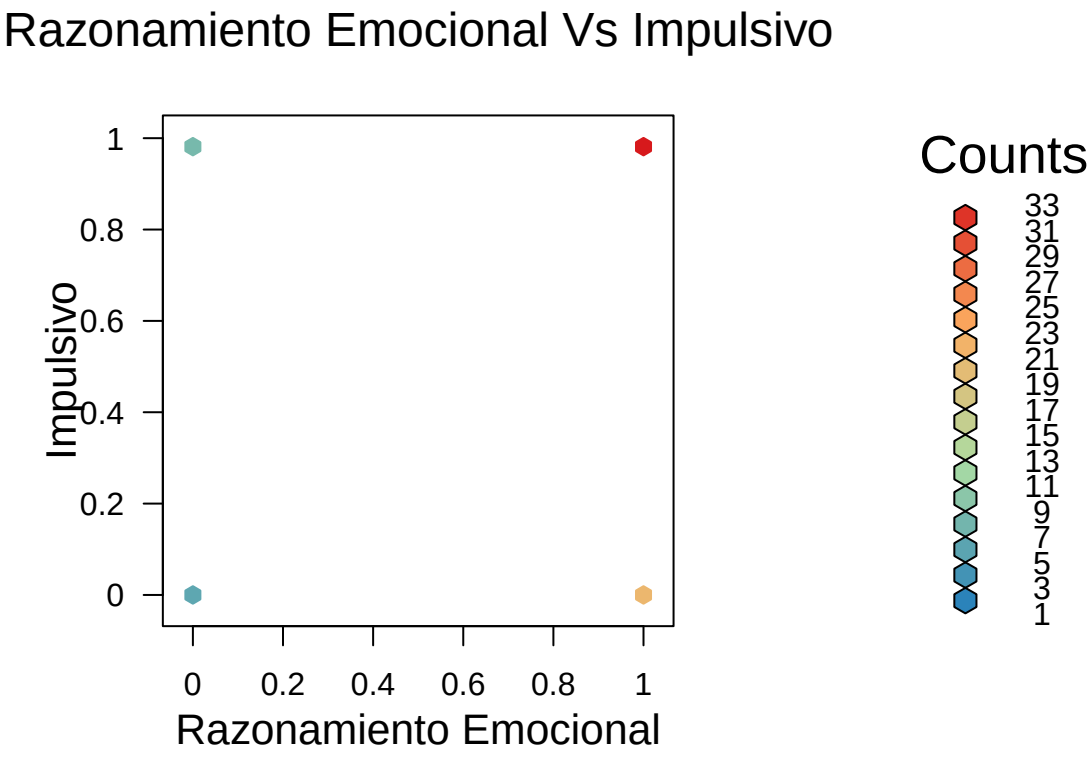
Otro plot similar para ver la relación de ser inhibido e impulsivo

```
df <- data.frame(matriz.pacientes.datos[, 21], matriz.pacientes.datos[, 24])
h <- hexbin(df)
plot(h, colramp=rf, xlab="Inhibido", ylab="Impulsivo", main="Inhibido Vs Impulsivo")
```



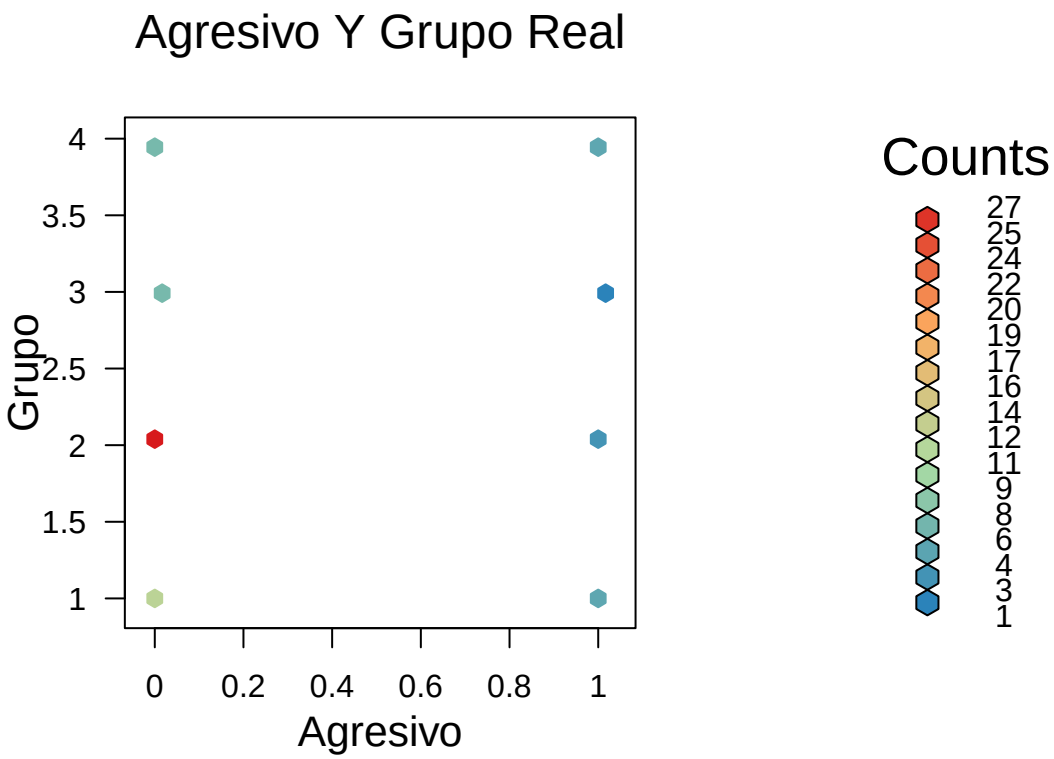
Voy a ver la relación entre el razonamiento emocional (actuar según tus sentimientos) y la impulsividad

```
df <- data.frame(matriz.pacientes.datos[, 20], matriz.pacientes.datos[, 24])
h <- hexbin(df)
plot(h, colramp=rf, xlab="Razonamiento Emocional", ylab="Impulsivo", main="Razonamiento Emocional Vs Imp
```



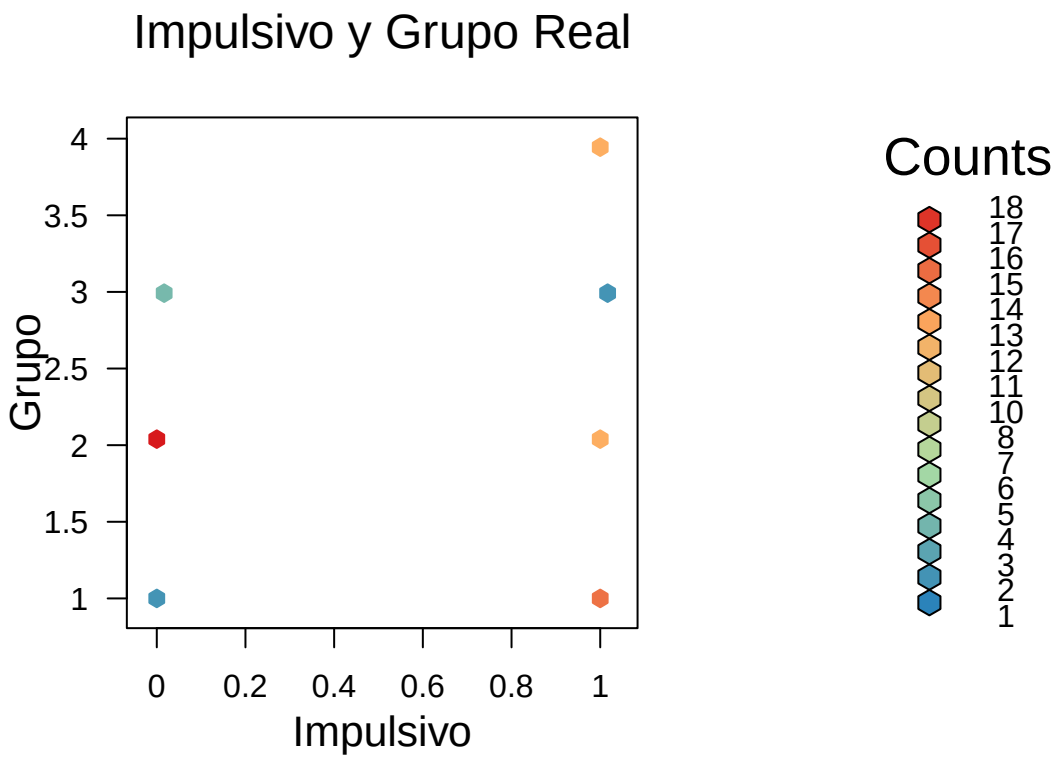
Ahora quiero sacar una relación entre ser agresivo y ver el grupo en el que están

```
rf <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(4,'Spectral')))
df <- data.frame(matriz.pacientes.datos[, 23], matriz.pacientes.etiquetas[, 25])
h <- hexbin(df)
plot(h, colramp=rf, xlab="Agresivo", ylab="Grupo", main="Agresivo Y Grupo Real")
```



Voy a hacer lo mismo con la impulsividad

```
rf <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(4,'Spectral')))
df <- data.frame(matriz.pacientes.datos[, 24], matriz.pacientes.etiquetas[, 25])
h <- hexbin(df)
plot(h, colramp=rf, xlab="Impulsivo", ylab="Grupo", main="Impulsivo y Grupo Real")
```



De estas gráficas estamos obteniendo información realmente interesante antes de la predicción de los datos. He preferido hacer gráficas en 2D porque las gráficas en 3D son mucho más difíciles de interpretar que estas bonitas gráficas en 2D

Vamos a ver la correlación que tienen mis variables

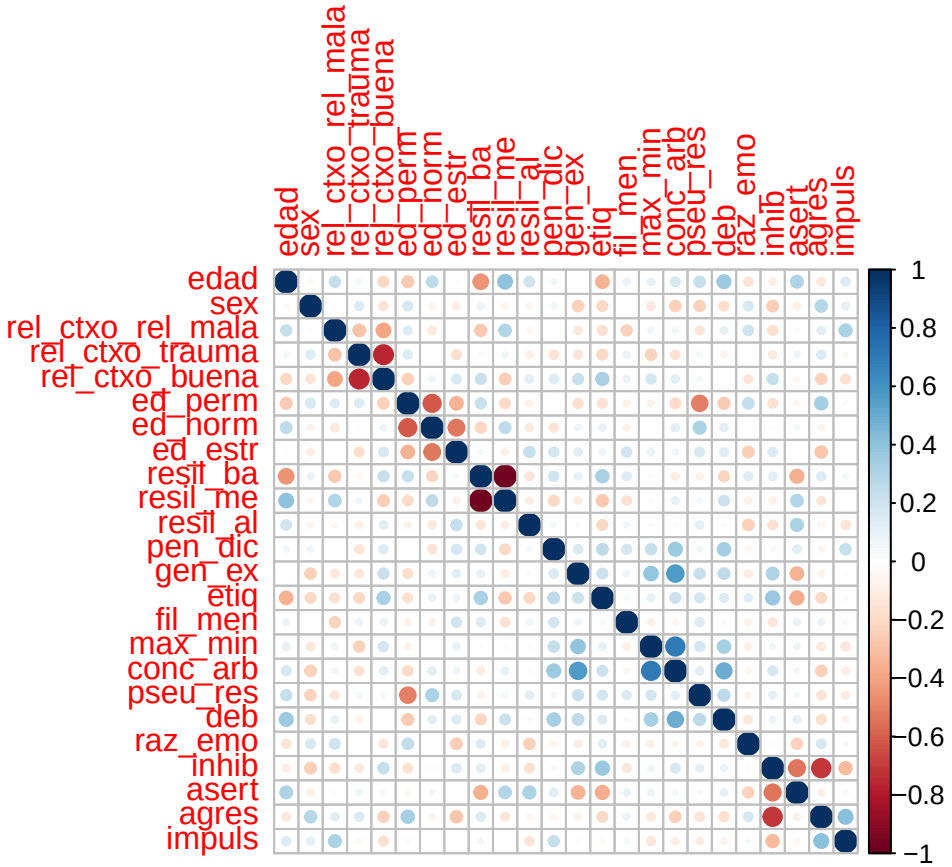
```
res <- cor(matriz.pacientes.datos[, 1:24], method = "spearman") # Por mi tipo de datos, hacemos la corr
options(width = 100)
res.round <- round(res, 2)
```

Como saca una tabla enorme, lo que voy a hacer es usar una librería que me da una función para sacar de una forma bonita las correlaciones entre las variables.

```
#install.packages("corrplot")
library(corrplot)
```

```
## corrplot 0.84 loaded
```

```
corrplot(res.round, method="circle")
```



Como podemos ver, por ejemplo, resiliencia baja y media tienen una correlación de -1, ya que si hay una no hay la otra y viceversa. Esto pasa igual con las relaciones entre contexto, ya que buena - trauma, trauma - mala, mala - buena tienen que ser inversas.

Ahora voy a sacar un PCA para ver la importancia de las variables:

```
#install.packages("FactoMineR")
library("FactoMineR")
```

```
## Warning: package 'FactoMineR' was built under R version 3.5.2
```

```
#devtools::install_github("kassambara/factoextra")
```

Para los cálculos, uso la matriz con el centrado y escalado ya hechos

```
resultado.pca <- PCA(matriz.pacientes.datos.centscal, graph = FALSE)
#Con la siguiente línea podemos ver que podemos hacer con esto calculado
print(resultado.pca)
```

```
## **Results for the Principal Component Analysis (PCA)**
## The analysis was performed on 67 individuals, described by 24 variables
## *The results are available in the following objects:
##
##    name               description
## 1  "$eig"             "eigenvalues"
## 2  "$var"             "results for the variables"
## 3  "$var$coord"       "coord. for the variables"
## 4  "$var$cor"         "correlations variables - dimensions"
## 5  "$var$cos2"        "cos2 for the variables"
```

```
## 6  "$var$contrib"     "contributions of the variables"
## 7  "$ind"             "results for the individuals"
## 8  "$ind$coord"       "coord. for the individuals"
## 9  "$ind$cos2"        "cos2 for the individuals"
## 10 "$ind$contrib"     "contributions of the individuals"
## 11 "$call"            "summary statistics"
## 12 "$call$centre"     "mean of the variables"
## 13 "$call$ecart.type" "standard error of the variables"
## 14 "$call$row.w"      "weights for the individuals"
## 15 "$call$col.w"      "weights for the variables"
```

Nos interesa ver los eigenvalues, que son los que presentarán la cantidad de varianza que aportan las variables:

```
eigenvalues.PCA <- resultado.pca$eig
eigenvalues.PCA
```

```
##           eigenvalue percentage of variance cumulative percentage of variance
## comp 1  3.896946e+00           1.623727e+01                           16.23727
## comp 2  3.348839e+00           1.395349e+01                           30.19077
## comp 3  2.189584e+00           9.123265e+00                           39.31403
## comp 4  2.044520e+00           8.518834e+00                           47.83287
## comp 5  1.737900e+00           7.241252e+00                           55.07412
## comp 6  1.521215e+00           6.338397e+00                           61.41252
## comp 7  1.374042e+00           5.725176e+00                           67.13769
## comp 8  1.079722e+00           4.498843e+00                           71.63653
## comp 9  9.591848e-01           3.996603e+00                           75.63314
## comp 10 9.311536e-01           3.879807e+00                           79.51294
## comp 11 8.644377e-01           3.601824e+00                           83.11477
## comp 12 8.099267e-01           3.374695e+00                           86.48946
## comp 13 6.658121e-01           2.774217e+00                           89.26368
## comp 14 5.935233e-01           2.473014e+00                           91.73669
## comp 15 4.698651e-01           1.957771e+00                           93.69447
## comp 16 4.632196e-01           1.930082e+00                           95.62455
## comp 17 3.922638e-01           1.634433e+00                           97.25898
## comp 18 2.445767e-01           1.019069e+00                           98.27805
## comp 19 2.251255e-01           9.380229e-01                           99.21607
## comp 20 1.497768e-01           6.240699e-01                           99.84014
## comp 21 3.836592e-02           1.598580e-01                          100.00000
## comp 22 1.475982e-31           6.149926e-31                          100.00000
## comp 23 3.435901e-32           1.431625e-31                          100.00000
## comp 24 4.473592e-33           1.863997e-32                          100.00000
```

Como se puede comprobar, de las 24 variables (componentes) que tenemos, la mitad de la varianza la conseguimos con aproximadamente 5 variables. También se puede ver que a parti de las 17 variables prácticamente no hay un aumento de la varianza. En el caso de un problema grande, sería interesante la eliminación de algunas de las variables, para dejar un dataset más pequeño con el que poder trabajar. En nuestro caso, nuestro problema es pequeño, y además las variables están escogidas a mano, por lo que no haré una reducción del dataset.

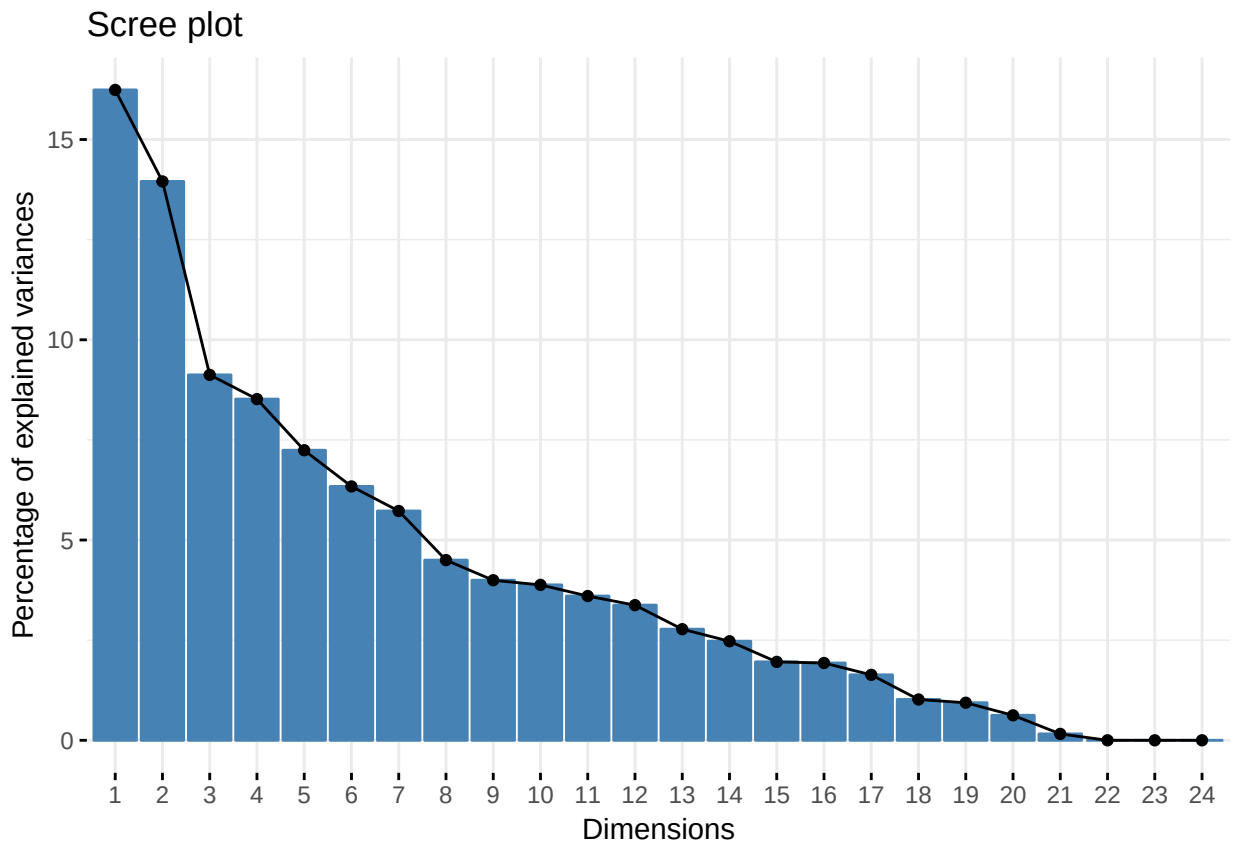
Ahora, para completar este apartado de PCA, lo que voy a hacer es sacar la gráfica de la varianza acumulada con los valores anteriores:

```
#install.packages("factoextra")
library("factoextra")
```

```
## Warning: package 'factoextra' was built under R version 3.5.2
```

```
## Welcome! Related Books: `Practical Guide To Cluster Analysis in R` at https://goo.gl/13EFCZ
```

```
plotPCA <- fviz_screeplot(resultado.pca, ncp=24)
plot(plotPCA)
```



Ahora voy a sacar un "Factor Map" de las variables. Esto lo puedo hacer gracias a las coordenadas que me da una de las variables tras hacer el PCA. Así, voy primero a ver la tabla y luego voy a sacar el mapa:

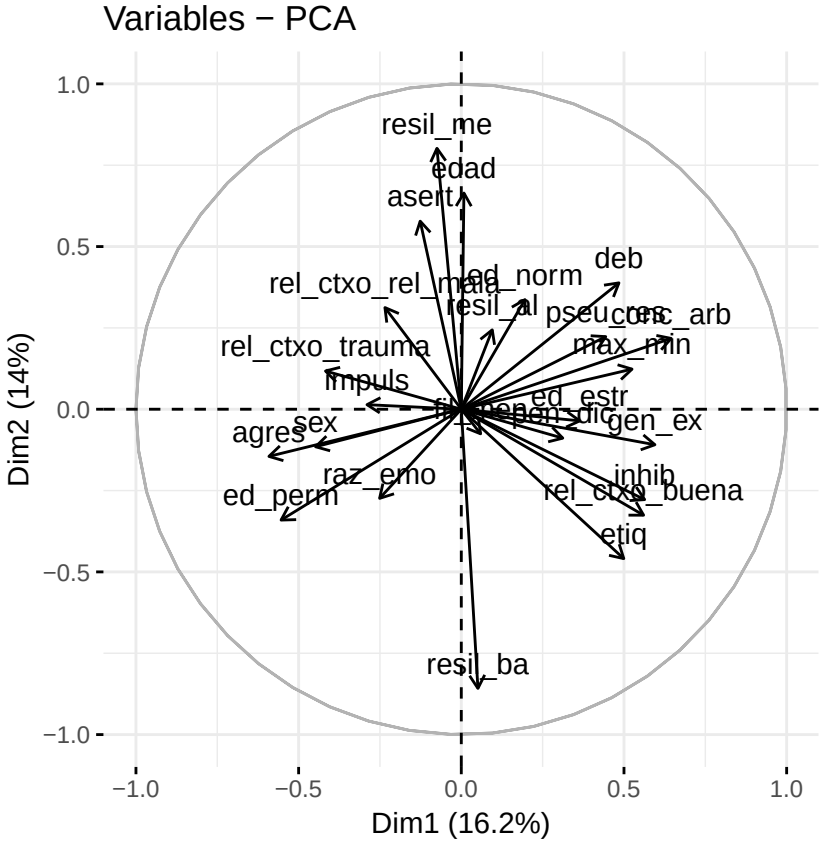
```
resultado.pca$var$coord
```

```
##                         Dim.1       Dim.2       Dim.3       Dim.4       Dim.5
## edad                0.007991017  0.66451493  0.19586260  0.007841951  0.02805228
## sex                -0.447913174 -0.11533971  0.10245651  0.057192465  0.11492883
## rel_ctxo_rel_mala  -0.234645431  0.31242667  0.16869825  0.565844840 -0.35019764
## rel_ctxo_trauma    -0.417381244  0.11742230 -0.21001522 -0.136376092  0.34458474
## rel_ctxo_buena      0.560339731 -0.32571613  0.08634947 -0.255162421 -0.09161091
## ed_perm            -0.553915390 -0.34063941  0.23874352  0.241008740 -0.33289199
## ed_norm             0.195717913  0.33691768 -0.54551596  0.069259334  0.57202966
## ed_estr             0.364218109 -0.03574847  0.39611368 -0.343671891 -0.32610946
## resil_ba            0.051112365 -0.85796492  0.20216746 -0.039061871  0.21241196
## resil_me           -0.074743641  0.80191325 -0.29969255  0.153867444 -0.18199709
## resil_al            0.095173049  0.24393919  0.39293737 -0.466258490 -0.12766293
## pen_dic             0.311964031 -0.08886036  0.58511514  0.186141485  0.18431008
## gen_ex              0.595148670 -0.10912103  0.08286185  0.282531851  0.16255400
## etiq                0.499365039 -0.45912251 -0.17281954  0.173075672  0.14741419
## fil_men             0.059354773 -0.07552104  0.31916448 -0.355626217  0.39559535
## max_min             0.524773891  0.12325520  0.31096225  0.378637566 -0.01643986
## conc_arb            0.645068936  0.21765964  0.22093906  0.466271365  0.04542650
```

```
## pseu_res           0.443972323  0.22314014 -0.11950533 -0.176808668  0.43526671
## deb                0.484524206  0.38834362  0.18502988  0.268386661  0.11400205
## raz_emo           -0.251049993 -0.27394959 -0.20413968  0.433531845  0.02071493
## inhib              0.563528317 -0.27772651 -0.48974596  0.018053816 -0.35529325
## asert             -0.126327074  0.57800397  0.34437650 -0.343315766  0.04021108
## agres             -0.591302668 -0.14500954  0.29219301  0.239210208  0.43081535
## impuls            -0.289816690  0.01403726  0.32193103  0.339678159  0.27914883
```

Como se puede ver, me está poniendo mis 24 variables en 5 dimensiones, con unas coordenadas concretas. Ahora, lo que voy a hacer, es representarlo. Con esta representación podré sacar algunas conclusiones:

```
fviz_pca_var(resultado.pca)
```



Con esto puedo sacar conclusiones al igual que con el gran gráfico de correlaciones de variables, solo que esta representación está intencionada para más de 2 dimensiones.

Puedo ver algunas de las conclusiones fáciles que saqué anteriormente, como que resiliencia media es contraria a baja, o que la relación con el contexto de trauma y mala son contrarias a buena.

Otras relaciones también puedo ver, como que los deberías y el razonamiento emocional parecen ser ciertamente contrarios, o que el filtro mental no depende de prácticamente nada ya que está en todo el centro.

También es importante ver como, mediante dos componentes principales (dos dimensiones), solo estoy explicando un del 30,2% del total, lo que es muy poco. Por unirlo con los gráficos anteriores, estas dos componentes que se han elegido como x e y son las dos variables que más varianza (y por lo tanto, explicación) tenían en el gráfico de barras anterior.

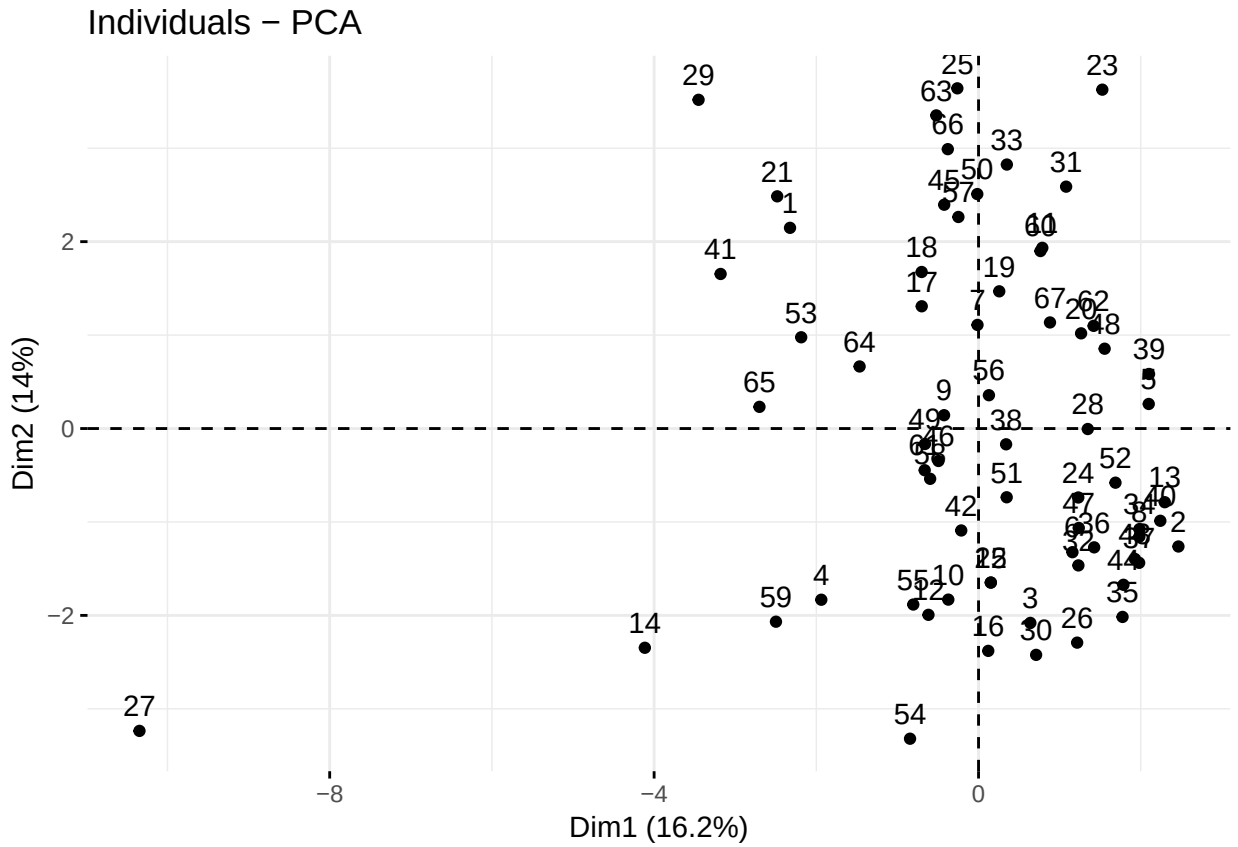
Ahora mi siguiente paso es sacar un gráfico de los individuos, para ver donde están colocados en este sistema:

```
head(resultado.pca$ind$coord) # Solo saco los primeros para no ocupar demasiado espacio
```

```
##        Dim.1     Dim.2      Dim.3      Dim.4      Dim.5
## 1 -2.3243690  2.147815 -1.1849618  2.4481512 -0.7586328
## 2  2.4647257 -1.262473  0.2217190 -1.1784100 -1.4473760
## 3  0.6387125 -2.080331 -0.1818521  0.7676582 -2.0265412
## 4 -1.9384395 -1.832160  1.4628618  1.1820858  1.1852182
## 5  2.0986406  0.262897 -0.2150152 -0.7686587 -1.2663434
## 6  1.1578332 -1.323444 -0.8453683  0.9774806 -0.1661987
```

Ahora, tras ver que todos mis individuos tienen unas ciertas coordenadas, vamos a representarlos gráficamente:

```
fviz_pca_ind(resultado.pca)
```



Se puede ver que la mayoría de los pacientes están en torno al centro, mientras que tenemos un outlayer, que es el número 27.

Modelos de Inteligencia Artificial supervisados

Ahora vamos a importar la librería nnet, que nos sirve para hacer perceptrones

```
#install.packages("nnet")
library(nnet)
```

Ahora lo que hago es coger un conjunto muy grande de los datos para hacer el entrenamiento

```
conjuntoEntrenamiento <- sample(1:67, 55)
```

1 NEURONA

Lo que voy a hacer ahora es entrenar la red neuronal con diferente cantidad de neuronas,y voy a ir comparando el resultado...

SIN SOFTMAX

```
pacientes.1neu <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind( matriz
```

```
## # weights:  33
## initial  value 51.862628
## iter  10 value 40.017741
## iter  20 value 37.710606
## iter  30 value 37.505552
## iter  40 value 33.503243
## iter  50 value 32.995063
## iter  60 value 27.307868
## iter  70 value 26.685843
## iter  80 value 26.503322
## iter  90 value 26.117161
## iter 100 value 25.725855
## final  value 25.725855
## stopped after 100 iterations
```

```
#Una vez que lo tengo entrenado, lo que voy a hacer es calcular el error tanto en el entrenamiento como

pacientes.prediccion.1neu <- predict( pacientes.1neu, matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamie
head(pacientes.prediccion.1neu) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##             1         2           3         4
## 35 0.02471211 0.8241317 0.006846030 0.0000000
## 7  0.48642792 0.0000000 0.065734152 0.4517097
## 13 0.02423317 0.8715470 0.006759076 0.0000000
## 8  0.02423317 0.8715470 0.006759076 0.0000000
## 29 0.02423324 0.8715412 0.006759088 0.0000000
## 64 0.02423317 0.8715470 0.006759076 0.0000000
```

```
# Ahora que los tengo todos entrenados, Determinamos cual es la máxima, es decir, la clase a la que hay

pacientes.prediccion.1neu.class <- apply( pacientes.prediccion.1neu, MARGIN=1, FUN='which.is.max')
pacientes.prediccion.1neu.class
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  1  2  2  2  2  1  1  2  1  2  1  2  1  2  1  2  1  2  1  2  2  1  2  1  2  2  1  1  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  2  1  1  1  2  1  1  2  2  2  2  1  2  2  2  1  1  1  1  1  2  1
```

```
# Lo visualizo en forma de tabla para ir viendo el error

table( pacientes.prediccion.1neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )  # Lo v
```

```
##
## pacientes.prediccion.1neu.class  1  2  3  4
##                               1 14  2  2 11
##                               2  1 20  5  0
```

```
#Calculo el acierto

sum( diag( table( pacientes.prediccion.1neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25]

## [1] 0.6181818
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.1neu <- predict( pacientes.1neu, matriz.pacientes.datos.centscal[-conjuntoEnt
pacientes.prediccion.test.1neu

##             1        2           3         4
## 1  0.02423317 0.871547 0.006759076 0.0000000
## 2  0.02423317 0.871547 0.006759076 0.0000000
## 9  0.48642763 0.000000 0.065734106 0.4516981
## 16 0.48642792 0.000000 0.065734152 0.4517097
## 19 0.02423317 0.871547 0.006759076 0.0000000
## 21 0.02423317 0.871547 0.006759076 0.0000000
## 23 0.02423317 0.871547 0.006759076 0.0000000
## 31 0.02423317 0.871547 0.006759076 0.0000000
## 38 0.48642792 0.000000 0.065734152 0.4517097
## 44 0.48642792 0.000000 0.065734152 0.4517097
## 53 0.48642792 0.000000 0.065734152 0.4517097
## 60 0.02423317 0.871547 0.006759076 0.0000000

pacientes.prediccion.test.1neu.class <- apply( pacientes.prediccion.test.1neu, MARGIN=1, FUN='which.is.
pacientes.prediccion.test.1neu.class

##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  1  1  2  2  2  2  1  1  1  2

table( pacientes.prediccion.test.1neu.class , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento, 25] )

##
## pacientes.prediccion.test.1neu.class 1 2 3 4
##                                    1 0 3 1 1
##                                    2 2 5 0 0

sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.1neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamien

## [1] 0.4166667
```

Lo voy a entrenar también con el SOFTMAX = true. Esto optimiza la verosimilitud, no el error cuadrático medio... ########################## CON SOFTMAX ##############################

```
pacientes.1neu.softmax <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind

## # weights:  33
## initial  value 74.527157
## iter  10 value 54.298664
## iter  20 value 51.835971
## iter  30 value 51.614314
## iter  40 value 51.575723
## iter  50 value 51.450384
## iter  60 value 51.447976
## final  value 51.447972
## converged
```

```
#Una vez que lo tengo entrenado, lo que voy a hacer es calcular el error tanto en el entrenamiento como

pacientes.prediccion.1neu.softmax <- predict( pacientes.1neu.softmax, matriz.pacientes.datos.centscal[c
head(pacientes.prediccion.1neu.softmax) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##            1          2          3           4
## 35 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 7  0.4129254 0.01955695 0.03692291 0.530594707
## 13 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 8  0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 29 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 64 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
```

```
# Ahora que los tengo todos entrenados, Determinamos cual es la máxima, es decir, la clase a la que hay

pacientes.prediccion.1neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.1neu.softmax, MARGIN=1, FUN='whi
pacientes.prediccion.1neu.class.softmax
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  4  2  2  2  2  2  1  2  4  2  1  2  4  2  4  2  4  2  4  2  2  4  2  4  2  2  2  2  4  1  4  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  2  4  2  1  2  4  4  2  2  2  2  1  2  2  2  2  1  4  4  1  2  4
```

```
# Lo visualizo en forma de tabla para ir viendo el error

table( pacientes.prediccion.1neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.1neu.class.softmax  1  2  3  4
##                                       1  8  0  0  0
##                                       2  3 21  6  1
##                                       4  4  1  1 10
```

```
#Calculo el acierto

sum( diag( table( pacientes.prediccion.1neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenami
```

```
## [1] 0.5454545
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.1neu.softmax <- predict( pacientes.1neu.softmax, matriz.pacientes.datos.cents
pacientes.prediccion.test.1neu.softmax
```

```
##            1          2          3           4
## 1  0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 2  0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 9  0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 16 0.4129254 0.01955695 0.03692291 0.530594707
## 19 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 21 0.4129254 0.01955695 0.03692291 0.530594707
## 23 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 31 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
## 38 0.4129254 0.01955695 0.03692291 0.530594707
## 44 0.4129254 0.01955695 0.03692291 0.530594707
## 53 0.4129254 0.01955695 0.03692291 0.530594707
## 60 0.1330273 0.67877714 0.17842780 0.009767797
```

```
pacientes.prediccion.test.1neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.test.1neu.softmax, MARGIN=1
pacientes.prediccion.test.1neu.class.softmax
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  4  2  4  2  2  4  4  4  2
```

```
table( pacientes.prediccion.test.1neu.class.softmax , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.1neu.class.softmax 1 2 3 4
##                                              2 2 5 0 0
##                                              4 0 3 1 1
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.1neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEnt
```

```
## [1] 0.4166667
```

2 NEURONAS

A partir de ahora voy a hacer exactamente lo mismo, por lo que haré chunks más grandes para evitar una sobrecarga de chunks, y reduciré la cantidad de comentarios, ya que serán redundantes

SIN SOFTMAX

```
pacientes.2neu <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind( matriz
```

```
## # weights:  62
## initial  value 49.538983
## iter  10 value 28.265769
## iter  20 value 21.648355
## iter  30 value 20.729675
## iter  40 value 19.925328
## iter  50 value 19.732282
## iter  60 value 19.592685
## iter  70 value 19.539035
## iter  80 value 19.474595
## iter  90 value 19.435052
## iter 100 value 19.389785
## final  value 19.389785
## stopped after 100 iterations
```

```
pacientes.prediccion.2neu <- predict( pacientes.2neu, matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenami
head(pacientes.prediccion.2neu) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##             1         2            3         4
## 35 0.04399746 0.9068493 0.0000000000 0.0000000
## 7  0.58184743 0.0000000 0.0008188038 0.3709968
## 13 0.04399735 0.9068503 0.0000000000 0.0000000
## 8  0.04399735 0.9068503 0.0000000000 0.0000000
## 29 0.04399735 0.9068503 0.0000000000 0.0000000
## 64 0.04399735 0.9068503 0.0000000000 0.0000000
```

```
pacientes.prediccion.2neu.class <- apply( pacientes.prediccion.2neu, MARGIN=1, FUN='which.is.max')
pacientes.prediccion.2neu.class
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  1  2  2  2  2  2  1  3  4  2  1  2  1  2  1  2  1  2  1  2  2  4  2  1  2  3  1  3  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  1  1  2  1  2  1  1  2  2  2  3  1  2  2  1  3  1  4  1  1  2  4
```

```
table( pacientes.prediccion.2neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )  # Lo v
```

```
##
## pacientes.prediccion.2neu.class  1  2  3  4
##                               1 13  1  3  6
##                               2  1 21  0  1
##                               3  1  0  4  0
##                               4  0  0  0  4
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.2neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25]
```

```
## [1] 0.7636364
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.2neu <- predict( pacientes.2neu, matriz.pacientes.datos.centscal[-conjuntoEnt
pacientes.prediccion.test.2neu
```

```
##             1            2            3         4
## 1  0.04527193 8.942445e-01 0.0000000000 0.0000000
## 2  0.04399743 9.068496e-01 0.0000000000 0.0000000
## 9  0.04399735 9.068503e-01 0.0000000000 0.0000000
## 16 0.10697593 1.319347e-06 0.0000000000 0.9159080
## 19 0.04399735 9.068503e-01 0.0000000000 0.0000000
## 21 0.04399735 9.068503e-01 0.0000000000 0.0000000
## 23 0.34685167 9.570256e-05 0.7833317375 0.0000000
## 31 0.34686283 9.566449e-05 0.7833681779 0.0000000
## 38 0.58184926 0.000000e+00 0.0008187502 0.3710486
## 44 0.58184926 0.000000e+00 0.0008187502 0.3710486
## 53 0.57008106 0.000000e+00 0.0005168065 0.3856317
## 60 0.34685980 9.568566e-05 0.7833879588 0.0000000
```

```
pacientes.prediccion.test.2neu.class <- apply( pacientes.prediccion.test.2neu, MARGIN=1, FUN='which.is.
pacientes.prediccion.test.2neu.class
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  4  2  2  3  3  1  1  1  3
```

```
table( pacientes.prediccion.test.2neu.class , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.2neu.class 1 2 3 4
##                                    1 0 2 1 0
##                                    2 1 4 0 0
##                                    3 1 2 0 0
##                                    4 0 0 0 1
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.2neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamien
```

```
## [1] 0.4166667
```

CON SOFTMAX

```
pacientes.2neu.softmax <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind
```

```
## # weights:  62
## initial  value 82.062671
## iter  10 value 44.878111
## iter  20 value 39.410574
```

```
## iter  30 value 38.715237
## iter  40 value 38.080741
## iter  50 value 37.984463
## iter  60 value 37.960784
## iter  70 value 37.957038
## iter  80 value 37.956238
## final  value 37.956160
## converged
```

```
pacientes.prediccion.test.2neu.softmax <- predict( pacientes.2neu.softmax, matriz.pacientes.datos.centsc
head(pacientes.prediccion.test.2neu.softmax)
```

```
##             1          2          3         4
## 1  0.04175584 0.56988046 0.27725286 0.1111108
## 2  0.11225648 0.82475938 0.06298414 0.0000000
## 9  0.04175584 0.56988046 0.27725286 0.1111108
## 16 0.11894351 0.01061556 0.10120990 0.7692310
## 19 0.04175584 0.56988046 0.27725286 0.1111108
## 21 0.11225648 0.82475938 0.06298414 0.0000000
```

```
pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.test.2neu.softmax, MARGIN=1
pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  4  2  2  2  2  4  1  1  1
```

```
table( pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax 1 2 3 4
##                                            1 0 3 0 0
##                                            2 2 5 0 0
##                                            4 0 0 1 1
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEnt
```

```
## [1] 0.5
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.2neu.softmax <- predict( pacientes.2neu.softmax, matriz.pacientes.datos.centsc
pacientes.prediccion.test.2neu.softmax
```

```
##             1          2          3         4
## 1  0.04175584 0.56988046 0.27725286 0.1111108
## 2  0.11225648 0.82475938 0.06298414 0.0000000
## 9  0.04175584 0.56988046 0.27725286 0.1111108
## 16 0.11894351 0.01061556 0.10120990 0.7692310
## 19 0.04175584 0.56988046 0.27725286 0.1111108
## 21 0.11225648 0.82475938 0.06298414 0.0000000
## 23 0.11225648 0.82475938 0.06298414 0.0000000
## 31 0.11225648 0.82475938 0.06298414 0.0000000
## 38 0.11894351 0.01061556 0.10120990 0.7692310
## 44 0.89289881 0.04289966 0.06420153 0.0000000
## 53 0.89289881 0.04289966 0.06420153 0.0000000
## 60 0.89289881 0.04289966 0.06420153 0.0000000
```

```
pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.test.2neu.softmax, MARGIN=1
pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  4  2  2  2  2  4  1  1  1
```

```
table( pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax 1 2 3 4
##                                              1 0 3 0 0
##                                              2 2 5 0 0
##                                              4 0 0 1 1
```

```
sum(diag(table(pacientes.prediccion.test.2neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrena
```

```
## [1] 0.5
```

3 NEURONAS

SIN SOFTMAX

```
pacientes.3neu <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind( matriz
```

```
## # weights:  91
## initial  value 61.871178
## iter  10 value 47.817664
## iter  20 value 35.301007
## iter  30 value 33.397692
## iter  40 value 27.491537
## iter  50 value 26.718529
## iter  60 value 25.237718
## iter  70 value 24.603305
## iter  80 value 23.897311
## iter  90 value 23.835162
## iter 100 value 23.728130
## final  value 23.728130
## stopped after 100 iterations
```

```
pacientes.prediccion.3neu <- predict( pacientes.3neu, matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenami
head(pacientes.prediccion.3neu) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##               1          2            3            4
## 35 0.0790717188 0.86307818 1.011850e-06 0.000000e+00
## 7  0.0514413954 0.04334407 0.000000e+00 0.000000e+00
## 13 0.0085650607 0.99865510 6.622849e-06 1.774781e-06
## 8  0.0806728681 0.85810479 9.960454e-07 0.000000e+00
## 29 0.0028626209 0.95274697 6.398238e-07 4.053717e-07
## 64 0.0005845275 0.99999496 5.980341e-05 2.263103e-05
```

```
pacientes.prediccion.3neu.class <- apply( pacientes.prediccion.3neu, MARGIN=1, FUN='which.is.max')
pacientes.prediccion.3neu.class
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  1  2  2  2  2  2  1  1  1  2  1  2  1  2  2  2  1  2  1  2  2  1  2  1  2  1  1  1  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  1  1  1  1  2  1  1  2  2  2  1  1  2  2  1  1  1  1  1  1  2  1
```

```
table( pacientes.prediccion.3neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )  # Lo v
```

```
##
## pacientes.prediccion.3neu.class  1  2  3  4
##                               1 14  0  7 11
##                               2  1 22  0  0
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.3neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25]
```

```
## [1] 0.6545455
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.3neu <- predict( pacientes.3neu, matriz.pacientes.datos.centscal[-conjuntoEnt
pacientes.prediccion.test.3neu
```

```
##               1           2           3           4
## 1  0.0005887647 0.999994745 5.861290e-05 2.223046e-05
## 2  0.0248025521 0.002217553 0.000000e+00 0.000000e+00
## 9  0.0077799158 0.714804490 0.000000e+00 0.000000e+00
## 16 0.7404113928 0.000000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 19 0.0028524065 0.953592695 6.457713e-07 4.087532e-07
## 21 0.0028612552 0.952791652 6.400741e-07 4.055552e-07
## 23 0.9390174608 0.000000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 31 0.1073746767 0.000000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 38 0.2838860861 0.001122148 0.000000e+00 0.000000e+00
## 44 0.7586529062 0.000000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 53 0.1784726285 0.000000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 60 0.0058818925 0.816656446 3.534651e-07 0.000000e+00
```

```
pacientes.prediccion.test.3neu.class <- apply( pacientes.prediccion.test.3neu, MARGIN=1, FUN='which.is.
pacientes.prediccion.test.3neu.class
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  1  2  1  2  2  1  1  1  1  1  2
```

```
table( pacientes.prediccion.test.3neu.class , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.3neu.class 1 2 3 4
##                                    1 1 4 1 1
##                                    2 1 4 0 0
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.3neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamien
```

```
## [1] 0.4166667
```

CON SOFTMAX

```
pacientes.3neu.softmax <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind
```

```
## # weights:  91
## initial  value 76.645794
## iter  10 value 39.722801
## iter  20 value 23.909792
## iter  30 value 21.739006
## iter  40 value 20.636657
## iter  50 value 19.463426
## iter  60 value 18.636896
```

```
## iter  70 value 16.789124
## iter  80 value 15.476038
## iter  90 value 14.292593
## iter 100 value 13.917275
## final  value 13.917275
## stopped after 100 iterations
```

```
pacientes.prediccion.3neu.softmax <- predict( pacientes.3neu.softmax, matriz.pacientes.datos.centscal[c
head(pacientes.prediccion.3neu.softmax) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##               1            2            3            4
## 35 5.867156e-04 9.994133e-01 2.025784e-10 3.919818e-59
## 7  9.287588e-07 1.192536e-09 2.175601e-03 9.978235e-01
## 13 2.023741e-03 9.975806e-01 3.956480e-04 6.499652e-42
## 8  9.848131e-01 1.518687e-02 5.037061e-10 7.194121e-79
## 29 6.528380e-08 9.999967e-01 3.189913e-06 1.940646e-26
## 64 2.634249e-11 4.948343e-01 3.205757e-03 5.019600e-01
```

```
pacientes.prediccion.3neu.class.softmax <- apply(pacientes.prediccion.3neu.softmax, MARGIN=1, FUN='whic
pacientes.prediccion.3neu.class.softmax
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  4  2  1  2  4  2  1  3  4  2  1  2  4  2  4  2  4  2  1  2  2  4  2  4  2  3  1  1  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  3  4  4  2  2  3  4  2  2  2  3  1  2  2  3  1  1  4  4  1  2  4
```

```
table( pacientes.prediccion.3neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.3neu.class.softmax  1  2  3  4
##                                       1 13  0  1  0
##                                       2  1 20  0  0
##                                       3  0  0  6  0
##                                       4  1  2  0 11
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.3neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenami
```

```
## [1] 0.9090909
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.3neu.softmax <- predict( pacientes.3neu.softmax, matriz.pacientes.datos.cents
pacientes.prediccion.test.3neu.softmax
```

```
##               1            2            3            4
## 1  1.468009e-06 1.943408e-09 3.269218e-03 9.967293e-01
## 2  6.356359e-04 9.993644e-01 1.724356e-10 1.229489e-59
## 9  2.544318e-11 4.823744e-01 3.129657e-03 5.144959e-01
## 16 9.287588e-07 1.192536e-09 2.175601e-03 9.978235e-01
## 19 1.217431e-01 8.780797e-01 1.771480e-04 6.144726e-52
## 21 2.544318e-11 4.823744e-01 3.129657e-03 5.144959e-01
## 23 6.382309e-04 9.993618e-01 1.716794e-10 1.188347e-59
## 31 1.220686e-01 8.777549e-01 1.765075e-04 5.988973e-52
## 38 1.000000e+00 1.066274e-10 5.155116e-12 1.024574e-60
## 44 1.000000e+00 8.879413e-09 8.722955e-10 2.334808e-48
## 53 1.000000e+00 1.063948e-10 5.147360e-12 1.013220e-60
## 60 9.972831e-01 2.716763e-03 1.445202e-07 8.660553e-63
```

```
pacientes.prediccion.test.3neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.test.3neu.softmax, MARGIN=1
pacientes.prediccion.test.3neu.class.softmax
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  4  2  4  4  2  4  2  2  1  1  1  1
```

```
table( pacientes.prediccion.test.3neu.class.softmax , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.3neu.class.softmax 1 2 3 4
##                                              1 0 3 1 0
##                                              2 1 3 0 0
##                                              4 1 2 0 1
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.3neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEnt
```

```
## [1] 0.25
```

3 NEURONAS

Con Decay

SIN SOFTMAX

```
pacientes.3neu.decay <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind( m
```

```
## # weights:  91
## initial  value 53.360776
## iter  10 value 34.587550
## iter  20 value 32.461109
## iter  30 value 32.308555
## iter  40 value 32.305073
## final  value 32.305070
## converged
```

```
pacientes.prediccion.3neu.decay <- predict( pacientes.3neu.decay, matriz.pacientes.datos.centscal[conju
head(pacientes.prediccion.3neu.decay) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##             1         2         3          4
## 35 0.19143783 0.5294518 0.1972312 0.17498425
## 7  0.32932890 0.2493516 0.2306942 0.34437529
## 13 0.26574009 0.7187337 0.0938256 0.05024108
## 8  0.19302034 0.6920074 0.1388143 0.07768974
## 29 0.10848820 0.6973226 0.1628088 0.20100781
## 64 0.07680703 0.7351412 0.1844644 0.22525715
```

```
pacientes.prediccion.3neu.class.decay <- apply( pacientes.prediccion.3neu.decay, MARGIN=1, FUN='which.is
pacientes.prediccion.3neu.class.decay
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  4  2  2  2  2  2  1  2  2  2  1  2  1  2  1  2  1  2  1  2  2  4  2  1  2  2  1  2  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  2  4  2  2  2  4  4  2  2  2  2  1  2  2  2  2  1  4  4  1  2  4
```

```
table( pacientes.prediccion.3neu.class.decay, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.3neu.class.decay  1  2  3  4
##                                     1 12  1  0  2
##                                     2  3 21  6  2
```

```
##                                   4  0  0  1  7
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.3neu.class.decay, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamien
```

```
## [1] 0.6181818
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.3neu.decay <- predict( pacientes.3neu.decay, matriz.pacientes.datos.centscal[
pacientes.prediccion.test.3neu.decay
```

```
##             1         2          3          4
## 1  0.11479502 0.4769102 0.36453329 0.23937238
## 2  0.30177983 0.6681470 0.09433532 0.05821056
## 9  0.07480884 0.7246551 0.21908156 0.19714766
## 16 0.38841079 0.2635217 0.17626687 0.30631392
## 19 0.07169629 0.7046126 0.27075163 0.17680643
## 21 0.05429864 0.8081079 0.21238206 0.15679923
## 23 0.36056764 0.5428384 0.12297850 0.06725794
## 31 0.38477687 0.4682036 0.09848236 0.14737872
## 38 0.67360778 0.1362528 0.15015957 0.23809737
## 44 0.63247940 0.2045096 0.10406588 0.23010604
## 53 0.38422086 0.2011038 0.21287287 0.41256789
## 60 0.20536251 0.3636631 0.26524601 0.30770728
```

```
pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay <- apply( pacientes.prediccion.test.3neu.decay, MARGIN=1, FU
pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  1  2  2  2  2  1  1  4  2
```

```
table( pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento, 1
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay 1 2 3 4
##                                          1 0 1 1 1
##                                          2 2 6 0 0
##                                          4 0 1 0 0
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrer
```

```
## [1] 0.5
```

CON SOFTMAX

```
pacientes.3neu.decay.softmax <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], clas
```

```
## # weights:  91
## initial  value 73.613757
## iter  10 value 46.287694
## iter  20 value 34.545127
## iter  30 value 31.877008
## iter  40 value 30.319204
## iter  50 value 30.067493
## iter  60 value 29.983304
## iter  70 value 29.552233
## iter  80 value 29.346772
## iter  90 value 28.649292
## iter 100 value 27.880725
```

```
## final  value 27.880725
## stopped after 100 iterations
```

```
pacientes.prediccion.3neu.decay.softmax <- predict( pacientes.3neu.decay.softmax, matriz.pacientes.datos
head(pacientes.prediccion.3neu.decay.softmax) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##               1          2           3           4
## 35 3.531878e-03 0.95404045 0.0400578740 0.002369794
## 7  2.463093e-02 0.09176792 0.0165621392 0.867039018
## 13 3.333570e-03 0.95382620 0.0411025750 0.001737658
## 8  1.020107e-01 0.53191629 0.3637301557 0.002342877
## 29 6.477595e-02 0.73383341 0.1148460321 0.086544608
## 64 2.383382e-05 0.97395884 0.0005018983 0.025515424
```

```
pacientes.prediccion.3neu.class.decay.softmax <- apply( pacientes.prediccion.3neu.decay.softmax, MARGIN=
pacientes.prediccion.3neu.class.decay.softmax
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  4  2  2  2  2  2  1  3  4  2  1  2  4  2  2  2  4  2  1  2  2  4  2  1  2  3  3  3  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  1  4  2  1  2  1  4  2  2  2  3  1  3  2  3  3  1  4  4  1  2  4
```

```
table( pacientes.prediccion.3neu.class.decay.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento,
```

```
##
## pacientes.prediccion.3neu.class.decay.softmax  1  2  3  4
##                                             1 12  0  2  0
##                                             2  1 21  0  1
##                                             3  2  1  5  0
##                                             4  0  0  0 10
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.3neu.class.decay.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEnt
```

```
## [1] 0.8727273
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.3neu.decay.softmax <- predict( pacientes.3neu.decay.softmax, matriz.pacientes
pacientes.prediccion.test.3neu.decay.softmax
```

```
##               1            2           3            4
## 1  1.444490e-04 9.788053e-01 0.0020601530 1.899008e-02
## 2  3.055655e-03 9.600707e-01 0.0340823332 2.791297e-03
## 9  3.719402e-05 9.836348e-01 0.0007887197 1.553926e-02
## 16 7.380398e-01 2.524370e-03 0.0498200381 2.096158e-01
## 19 8.638381e-05 9.723937e-01 0.0012782175 2.624172e-02
## 21 3.331787e-05 9.662755e-01 0.0006114489 3.307972e-02
## 23 9.837426e-01 2.580638e-06 0.0161835877 7.122648e-05
## 31 7.743745e-01 9.792208e-03 0.1809706032 3.486267e-02
## 38 7.191849e-01 8.354252e-03 0.0820715994 1.903892e-01
## 44 8.248876e-01 4.638339e-03 0.1364162027 3.405788e-02
## 53 4.636544e-02 1.089406e-02 0.0100593272 9.326812e-01
## 60 2.545860e-01 3.361961e-01 0.3728025147 3.641533e-02
```

```
pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay.softmax <- apply( pacientes.prediccion.test.3neu.decay.softma
pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay.softmax
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  1  2  2  1  1  1  1  4  3
```

```
table( pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay.softmax , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenar
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay.softmax 1 2 3 4
##                                                    1 1 2 1 1
##                                                    2 1 4 0 0
##                                                    3 0 1 0 0
##                                                    4 0 1 0 0
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.3neu.class.decay.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conjur
```

```
## [1] 0.4166667
```

5 NEURONAS

SIN SOFTMAX

```
pacientes.5neu <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind( matriz
```

```
## # weights:  149
## initial  value 77.393461
## iter  10 value 41.294234
## iter  20 value 34.752125
## iter  30 value 34.008274
## final  value 34.000141
## converged
```

```
pacientes.prediccion.5neu <- predict( pacientes.5neu, matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamie
head(pacientes.prediccion.5neu) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##               1         2           3           4
## 35 0.000000e+00 0.9999839 0.000000e+00 0.000000e+00
## 7  0.000000e+00 0.0000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 13 1.291181e-06 1.0000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 8  1.291229e-06 1.0000000 0.000000e+00 0.000000e+00
## 29 1.149782e-04 1.0000000 3.475805e-06 1.486962e-05
## 64 6.489409e-05 1.0000000 1.355004e-06 7.260470e-06
```

```
pacientes.prediccion.5neu.class <- apply( pacientes.prediccion.5neu, MARGIN=1, FUN='which.is.max')
pacientes.prediccion.5neu.class
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  3  2  2  2  2  2  3  1  2  2  1  2  2  2  2  2  1  2  2  2  2  4  2  2  2  2  4  2  1  2  2  2
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  1  1  2  4  2  2  2  2  2  2  1  4  2  2  4  2  4  2  1  2  2  2
```

```
table( pacientes.prediccion.5neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )  # Lo v
```

```
##
## pacientes.prediccion.5neu.class  1  2  3  4
##                               1  2  0  3  3
##                               2  8 22  3  6
##                               3  1  0  0  1
##                               4  4  0  1  1
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.5neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25]
```

```
## [1] 0.4545455
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.5neu <- predict( pacientes.5neu, matriz.pacientes.datos.centscal[-conjuntoEnt
pacientes.prediccion.test.5neu
```

```
##               1            2 3 4
## 1  0.000000e+00 4.847313e-07 0 0
## 2  0.000000e+00 9.989812e-01 0 0
## 9  1.191935e-06 3.561018e-05 0 0
## 16 0.000000e+00 0.000000e+00 0 0
## 19 1.993962e-06 9.962742e-01 0 0
## 21 0.000000e+00 9.989728e-01 0 0
## 23 0.000000e+00 0.000000e+00 0 0
## 31 0.000000e+00 2.571683e-05 0 0
## 38 0.000000e+00 0.000000e+00 0 0
## 44 0.000000e+00 0.000000e+00 0 0
## 53 0.000000e+00 0.000000e+00 0 0
## 60 0.000000e+00 7.627999e-04 0 0
```

```
pacientes.prediccion.test.5neu.class <- apply( pacientes.prediccion.test.5neu, MARGIN=1, FUN='which.is.
pacientes.prediccion.test.5neu.class
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  4  2  2  1  2  2  3  3  2
```

```
table( pacientes.prediccion.test.5neu.class , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.5neu.class 1 2 3 4
##                                    1 1 0 0 0
##                                    2 1 6 1 0
##                                    3 0 2 0 0
##                                    4 0 0 0 1
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.5neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamien
```

```
## [1] 0.6666667
```

CON SOFTMAX

```
pacientes.5neu.softmax <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind
```

```
## # weights:  149
## initial  value 74.417415
## iter  10 value 23.034961
## iter  20 value 8.300445
## iter  30 value 7.489889
## iter  40 value 6.980184
## iter  50 value 6.953290
## iter  60 value 6.939518
## iter  70 value 6.937036
## iter  80 value 6.898074
## iter  90 value 6.829923
## iter 100 value 6.757621
## final  value 6.757621
## stopped after 100 iterations
```

```
pacientes.prediccion.5neu.softmax <- predict( pacientes.5neu.softmax, matriz.pacientes.datos.centscal[c
head(pacientes.prediccion.5neu.softmax) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##               1            2            3            4
## 35 1.512695e-09 1.000000e+00 3.360357e-10 2.597440e-20
## 7  9.148869e-08 2.661221e-20 5.255573e-06 9.999947e-01
## 13 3.528086e-08 1.000000e+00 7.282038e-13 5.292564e-22
## 8  2.975084e-01 7.024910e-01 6.507887e-07 7.374263e-23
## 29 1.696553e-14 9.999849e-01 1.508363e-05 3.289168e-16
## 64 2.168360e-19 9.999511e-01 4.889323e-05 1.732838e-08
```

```
pacientes.prediccion.5neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.5neu.softmax, MARGIN=1, FUN='whi
pacientes.prediccion.5neu.class.softmax
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  4  2  2  2  2  2  1  3  4  2  1  2  2  2  2  2  4  2  1  2  2  4  2  2  2  3  1  3  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  3  4  4  1  2  3  4  2  2  2  3  1  2  2  3  3  1  4  4  1  2  4
```

```
table( pacientes.prediccion.5neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.5neu.class.softmax  1  2  3  4
##                                       1 12  0  0  0
##                                       2  2 22  0  1
##                                       3  1  0  7  0
##                                       4  0  0  0 10
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.5neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenami
```

```
## [1] 0.9272727
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.5neu.softmax <- predict( pacientes.5neu.softmax, matriz.pacientes.datos.cents
pacientes.prediccion.test.5neu.softmax
```

```
##               1            2            3            4
## 1  3.828020e-19 9.999301e-01 6.990122e-05 3.452630e-08
## 2  3.528086e-08 1.000000e+00 7.282038e-13 5.292564e-22
## 9  2.218978e-05 2.421065e-03 9.971538e-01 4.029245e-04
## 16 1.696656e-01 3.425064e-07 8.303341e-01 7.468970e-10
## 19 2.506382e-14 4.178556e-07 3.238713e-04 9.996757e-01
## 21 2.186451e-19 9.999512e-01 4.879881e-05 1.700813e-08
## 23 9.999552e-01 4.483995e-05 8.702427e-10 9.094930e-12
## 31 9.999868e-01 1.317458e-05 1.093286e-12 2.364499e-13
## 38 9.118103e-08 2.251733e-20 4.709600e-06 9.999952e-01
## 44 9.999869e-01 1.314015e-05 1.092929e-12 2.357253e-13
## 53 9.684551e-03 1.741833e-10 6.738615e-04 9.896416e-01
## 60 1.000000e+00 3.867076e-13 8.171475e-14 4.326095e-21
```

```
pacientes.prediccion.test.5neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.test.5neu.softmax, MARGIN=1
pacientes.prediccion.test.5neu.class.softmax
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  3  3  4  2  1  1  4  1  4  1
```

```
table( pacientes.prediccion.test.5neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento,
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.5neu.class.softmax 1 2 3 4
##                                            1 1 3 0 0
```

```
##                                         2 1 2 0 0
##                                         3 0 1 0 1
##                                         4 0 2 1 0
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.5neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEnt
```

```
## [1] 0.25
```

5 NEURONAS

CON DECAY

SIN SOFTMAX

```
pacientes.5neu.decay <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], class.ind( m
```

```
## # weights:  149
## initial  value 52.375807
## iter  10 value 29.383238
## iter  20 value 25.744753
## iter  30 value 24.933954
## iter  40 value 24.840943
## iter  50 value 24.767431
## iter  60 value 24.679744
## iter  70 value 24.654604
## iter  80 value 24.652131
## iter  90 value 24.652048
## iter  90 value 24.652048
## iter  90 value 24.652048
## final  value 24.652048
## converged
```

```
pacientes.prediccion.5neu.decay <- predict( pacientes.5neu.decay, matriz.pacientes.datos.centscal[conjun
head(pacientes.prediccion.5neu.decay) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##             1         2          3          4
## 35 0.10264898 0.6821730 0.23044727 0.14295809
## 7  0.17288169 0.1391311 0.16026890 0.48814966
## 13 0.29010585 0.8952882 0.04107492 0.02098322
## 8  0.21812660 0.8089657 0.14857651 0.01757076
## 29 0.04689942 0.8031595 0.13134707 0.12902323
## 64 0.05495244 0.7977479 0.15939985 0.19419123
```

```
pacientes.prediccion.5neu.decay.class <- apply( pacientes.prediccion.5neu.decay, MARGIN=1, FUN='which.is
pacientes.prediccion.5neu.decay.class
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  4  2  2  2  2  1  1  3  4  2  1  2  1  2  2  2  1  2  1  2  2  4  2  1  2  3  1  2  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  3  4  4  1  2  4  4  2  2  2  3  1  2  2  3  2  1  4  4  1  2  4
```

```
table( pacientes.prediccion.5neu.decay.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento, 25] )
```

```
##
## pacientes.prediccion.5neu.decay.class  1  2  3  4
##                                     1 13  1  0  2
##                                     2  2 21  1  0
##                                     3  0  0  5  0
##                                     4  0  0  1  9
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.5neu.decay.class, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamien
```

```
## [1] 0.8727273
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.decay.5neu <- predict( pacientes.5neu.decay, matriz.pacientes.datos.centscal[
pacientes.prediccion.test.decay.5neu
```

```
##             1          2          3          4
## 1  0.04994066 0.77983599 0.14900039 0.12781777
## 2  0.47083319 0.68918317 0.03054322 0.03488642
## 9  0.01646834 0.76080682 0.25290340 0.32641544
## 16 0.37940097 0.15938666 0.08542637 0.52810383
## 19 0.01777844 0.57967573 0.35629919 0.32042600
## 21 0.01083372 0.73015435 0.25885963 0.42311760
## 23 0.62811729 0.41189732 0.20674800 0.01310582
## 31 0.37493099 0.49651022 0.02183679 0.19284275
## 38 0.73392890 0.03793791 0.22571329 0.20228526
## 44 0.62160693 0.17373931 0.04357842 0.46016291
## 53 0.29389273 0.15332482 0.24267419 0.25578093
## 60 0.08731519 0.46844844 0.06293776 0.29285021
```

```
pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class <- apply( pacientes.prediccion.test.decay.5neu, MARGIN=1, FU
pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  2  2  2  4  2  2  1  2  1  1  1  2
```

```
table( pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenamiento, 
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class 1 2 3 4
##                                          1 1 2 1 0
##                                          2 1 6 0 0
##                                          4 0 0 0 1
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class, matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntre
```

```
## [1] 0.5833333
```

CON SOFTMAX

```
pacientes.5neu.decay.softmax <- nnet( matriz.pacientes.datos.centscal[conjuntoEntrenamiento, 1:24], cla
```

```
## # weights:  149
## initial  value 94.853354
## iter  10 value 40.630240
## iter  20 value 25.041876
## iter  30 value 22.526756
## iter  40 value 21.682599
## iter  50 value 21.373516
## iter  60 value 21.341268
## iter  70 value 21.340207
## final  value 21.340190
## converged
```

```
pacientes.prediccion.5neu.decay.softmax <- predict( pacientes.5neu.decay.softmax, matriz.pacientes.datos
head(pacientes.prediccion.5neu.decay.softmax) # Vemos las probabilidades de pertenencia de cada valor
```

```
##              1          2           3           4
## 35 0.050224577 0.88892492 0.0572271127 0.0036233896
## 7  0.094578278 0.02385735 0.0213395925 0.8602247787
## 13 0.072960474 0.92632537 0.0006006058 0.0001135457
## 8  0.314176778 0.63525652 0.0503871346 0.0001795640
## 29 0.010075479 0.97792058 0.0079026846 0.0041012602
## 64 0.001332565 0.97354150 0.0024318281 0.0226941050
```

```
pacientes.prediccion.5neu.decay.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.5neu.decay.softmax, MARGIN=
pacientes.prediccion.5neu.decay.class.softmax
```

```
## 35  7 13  8 29 64 46 25 63  6 50 55 66 51 30 61 33 24  3 56 10 39 27 45 49 20 54 67 22 14 12 42 52
##  2  4  2  2  2  2  2  1  3  4  2  1  2  4  2  2  2  4  2  1  2  2  4  2  1  2  3  1  3  1  1  1  1
## 41 59 17 62 11 32 65 36 37 18 57 58 34 48 26 15 43 47  4 40  5 28
##  3  4  4  1  2  3  4  2  2  2  3  1  2  2  3  3  1  4  4  1  2  4
```

```
table( pacientes.prediccion.5neu.decay.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEntrenamiento,
```

```
##
## pacientes.prediccion.5neu.decay.class.softmax  1  2  3  4
##                                             1 13  0  0  0
##                                             2  1 22  0  0
##                                             3  1  0  7  0
##                                             4  0  0  0 11
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.5neu.decay.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[conjuntoEnt
```

```
## [1] 0.9636364
```

TEST

```
pacientes.prediccion.test.decay.5neu.softmax <- predict( pacientes.5neu.decay.softmax, matriz.pacientes
pacientes.prediccion.test.decay.5neu.softmax
```

```
##               1           2           3           4
## 1  0.0045613455 0.004778606 0.4499968157 5.406632e-01
## 2  0.6265411775 0.371774855 0.0002963616 1.387606e-03
## 9  0.0017411664 0.967016717 0.0084754757 2.276664e-02
## 16 0.5313489055 0.041115487 0.1579253190 2.696103e-01
## 19 0.0193597065 0.906991842 0.0395072178 3.414123e-02
## 21 0.0006523018 0.982613979 0.0016215893 1.511213e-02
## 23 0.9816112728 0.018275460 0.0001038186 9.448468e-06
## 31 0.7851785092 0.208958895 0.0007354453 5.127151e-03
## 38 0.9546200279 0.003824067 0.0148988018 2.665710e-02
## 44 0.9645622736 0.009482156 0.0069392853 1.901628e-02
## 53 0.3222326345 0.017548702 0.4385367310 2.216819e-01
## 60 0.4918261895 0.237846637 0.2284746848 4.185249e-02
```

```
pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class.softmax <- apply( pacientes.prediccion.test.decay.5neu.softma
pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class.softmax
```

```
##  1  2  9 16 19 21 23 31 38 44 53 60
##  4  1  2  1  2  2  1  1  1  1  3  1
```

```
table( pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class.softmax , matriz.pacientes.etiquetas[-conjuntoEntrenar
```

```
##
## pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class.softmax 1 2 3 4
##                                                    1 1 4 1 1
```

```
##                                                 2 0 3 0 0
##                                                 3 0 1 0 0
##                                                 4 1 0 0 0
```

```
sum( diag( table( pacientes.prediccion.test.decay.5neu.class.softmax, matriz.pacientes.etiquetas[-conju
```

```
## [1] 0.3333333
```

Obtención de Resultados de Perceptrón

Importo los datos:

```
dataset.resultados <- read.csv2("C:/Users/jorge/Desktop/Documentos Clase/Universidad/4ºCarrera/1er Cuat
```

Ahora voy a sacar un gráfico interactivo donde comparo los resultados.

```
#install.packages("plotly")
library("plotly")
```

```
##
## Attaching package: 'plotly'
```

```
## The following objects are masked from 'package:plyr':
##
##     arrange, mutate, rename, summarise
```

```
## The following object is masked from 'package:ggplot2':
##
##     last_plot
```

```
## The following object is masked from 'package:stats':
##
##     filter
```

```
## The following object is masked from 'package:graphics':
##
##     layout
```

```
tipos = dataset.resultados[, 1]
real = dataset.resultados[, 2]
practico = dataset.resultados[, 3]

p<- plot_ly(dataset.resultados, x = ~tipos, y = ~real, type = 'bar', name = 'Real') %>% add_trace(y = ~

p
```

```
## PhantomJS not found. You can install it with webshot::install_phantomjs(). If it is installed, pleas
```

```
#Mostramos el gráfico interactivo
```

Ahora que hemos sacado los resultados obtenidos con el perceptrón multicapa, vamos con otras técnicas supervisadas:

KNN

Instalamos la librería class:

```
#install.packages("class")
library("class")
```

```
## Warning: package 'class' was built under R version 3.5.2
```

Hacemos nuevos conjuntos:

```
# Para hacer la predicción con knn, voy a coger los grupos de una manera distinta:

conjuntoEntrenamiento = matriz.pacientes.datos.centscal[1:55, 1:24]
conjuntoTest = matriz.pacientes.datos.centscal[56:67, 1:24]
# Utilizo por supuesto la matriz de centrado y escalado

etiquetasEntrenamiento = matriz.pacientes.etiquetas[1:55, 25]
etiquetasTest = matriz.pacientes.etiquetas[56:67, 25]
```

Si quisiéramos mostrar los conjuntos de entrenamiento y de test...

```
conjuntoEntrenamiento
conjuntoTest
etiquetasEntrenamiento
etiquetasTest
```

Para sacar los resultados de una manera visual, importamos lo siguiente:

```
#install.packages("gmodels")
library("gmodels")
```

Comenzamos las pruebas. Como sabemos, normalmente el mejor valor de K para KNN suele ser el valor que más se acerque a la raíz cuadrada del total de los valores. Por eso, empezaremos por K = 8:

Para K = 8...

```
prediccion.knn.8 <- knn(train = conjuntoEntrenamiento, test = conjuntoTest, cl = etiquetasEntrenamiento
prediccion.knn.8
```

```
##  [1] 1 2 2 1 2 1 2 2 2 1 2 2
## Levels: 1 2 3 4
```

Sacamos crosstable:

```
CrossTable(x = etiquetasTest , y = prediccion.knn.8, prop.chisq = FALSE)
```

```
##
##
##    Cell Contents
## |-------------------------|
## |                       N |
## |           N / Row Total |
## |           N / Col Total |
## |         N / Table Total |
## |-------------------------|
##
##
## Total Observations in Table:  12
##
##
##                | prediccion.knn.8
## etiquetasTest |         1 |         2 | Row Total |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             1 |         1 |         3 |         4 |
```

```
##               |     0.250 |     0.750 |     0.333 |
##               |     0.250 |     0.375 |           |
##               |     0.083 |     0.250 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             2 |         1 |         3 |         4 |
##               |     0.250 |     0.750 |     0.333 |
##               |     0.250 |     0.375 |           |
##               |     0.083 |     0.250 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             3 |         0 |         2 |         2 |
##               |     0.000 |     1.000 |     0.167 |
##               |     0.000 |     0.250 |           |
##               |     0.000 |     0.167 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             4 |         2 |         0 |         2 |
##               |     1.000 |     0.000 |     0.167 |
##               |     0.500 |     0.000 |           |
##               |     0.167 |     0.000 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##  Column Total |         4 |         8 |        12 |
##               |     0.333 |     0.667 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##
##
```

Para K = 6

```
prediccion.knn.6 <- knn(train = conjuntoEntrenamiento, test = conjuntoTest, cl = etiquetasEntrenamiento
prediccion.knn.6
```

```
##  [1] 1 2 2 1 2 1 2 2 2 1 2 2
## Levels: 1 2 3 4
```

Obtenemos la crosstable:

```
CrossTable(x = etiquetasTest , y = prediccion.knn.6, prop.chisq = FALSE)
```

```
##
##
##    Cell Contents
## |-------------------------|
## |                       N |
## |           N / Row Total |
## |           N / Col Total |
## |         N / Table Total |
## |-------------------------|
##
##
## Total Observations in Table:  12
##
##
##               | prediccion.knn.6
## etiquetasTest |         1 |         2 | Row Total |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             1 |         1 |         3 |         4 |
```

```
##               |     0.250 |     0.750 |     0.333 |
##               |     0.250 |     0.375 |           |
##               |     0.083 |     0.250 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             2 |         1 |         3 |         4 |
##               |     0.250 |     0.750 |     0.333 |
##               |     0.250 |     0.375 |           |
##               |     0.083 |     0.250 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             3 |         0 |         2 |         2 |
##               |     0.000 |     1.000 |     0.167 |
##               |     0.000 |     0.250 |           |
##               |     0.000 |     0.167 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##             4 |         2 |         0 |         2 |
##               |     1.000 |     0.000 |     0.167 |
##               |     0.500 |     0.000 |           |
##               |     0.167 |     0.000 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##  Column Total |         4 |         8 |        12 |
##               |     0.333 |     0.667 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|
##
##
```

Para k = 10

```
prediccion.knn.10 <- knn(train = conjuntoEntrenamiento, test = conjuntoTest, cl = etiquetasEntrenamiento
prediccion.knn.10
```

```
##  [1] 1 2 2 1 2 1 2 2 4 1 2 2
## Levels: 1 2 3 4
```

Obtenemos la crosstable:

```
CrossTable(x = etiquetasTest , y = prediccion.knn.10, prop.chisq = FALSE)
```

```
##
##
##    Cell Contents
## |-------------------------|
## |                       N |
## |           N / Row Total |
## |           N / Col Total |
## |         N / Table Total |
## |-------------------------|
##
##
## Total Observations in Table:  12
##
##
##               | prediccion.knn.10
## etiquetasTest |         1 |         2 |         4 | Row Total |
## --------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
##             1 |         1 |         3 |         0 |         4 |
```

```
##               |     0.250 |     0.750 |     0.000 |     0.333 |
##               |     0.250 |     0.429 |     0.000 |           |
##               |     0.083 |     0.250 |     0.000 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
##             2 |         1 |         2 |         1 |         4 |
##               |     0.250 |     0.500 |     0.250 |     0.333 |
##               |     0.250 |     0.286 |     1.000 |           |
##               |     0.083 |     0.167 |     0.083 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
##             3 |         0 |         2 |         0 |         2 |
##               |     0.000 |     1.000 |     0.000 |     0.167 |
##               |     0.000 |     0.286 |     0.000 |           |
##               |     0.000 |     0.167 |     0.000 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
##             4 |         2 |         0 |         0 |         2 |
##               |     1.000 |     0.000 |     0.000 |     0.167 |
##               |     0.500 |     0.000 |     0.000 |           |
##               |     0.167 |     0.000 |     0.000 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
##  Column Total |         4 |         7 |         1 |        12 |
##               |     0.333 |     0.583 |     0.083 |           |
## --------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
##
##
```

Como se puede observar, la mejor predicción la hemos hecho con K = 8

Random Forest

Ahora voy a implementar una solución mediante Random Forest:

Lo primero que hacemos es importar el paquete de Random Forest

```
#install.packages("randomForest")
library(randomForest)
```

```
## Warning: package 'randomForest' was built under R version 3.5.2
```

```
## randomForest 4.6-14
```

```
## Type rfNews() to see new features/changes/bug fixes.
```

```
##
## Attaching package: 'randomForest'
```

```
## The following object is masked from 'package:ggplot2':
##
##     margin
```

```
set.seed(1000) #Pongo una seed para reproducibilidad
```

Una vez instalado e importado, lo que tengo que hacer es crear el Random Forest, y ejecutarlo...

```
model <- randomForest(grupo ~ ., data = dataset[, 2:26], importance = TRUE, ntree = 450)
```

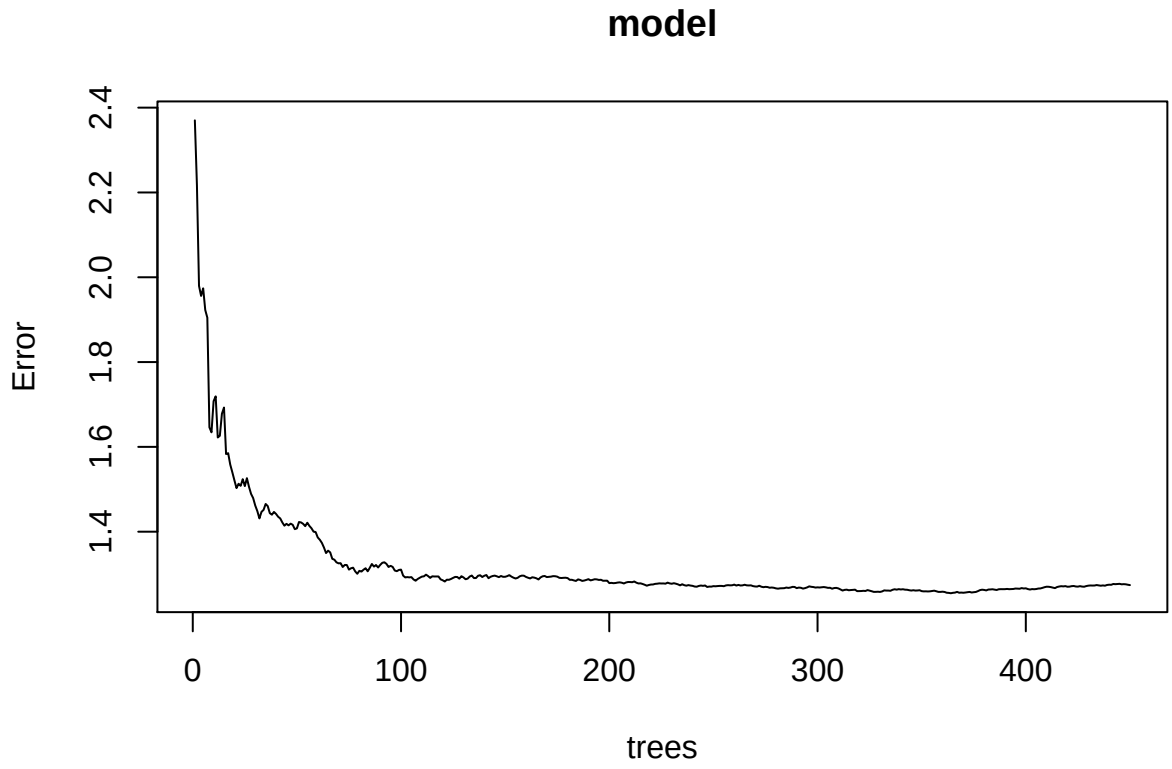
```
## Warning in randomForest.default(m, y, ...): The response has five or fewer unique values. Are you
## sure you want to do regression?
```

```
model
```

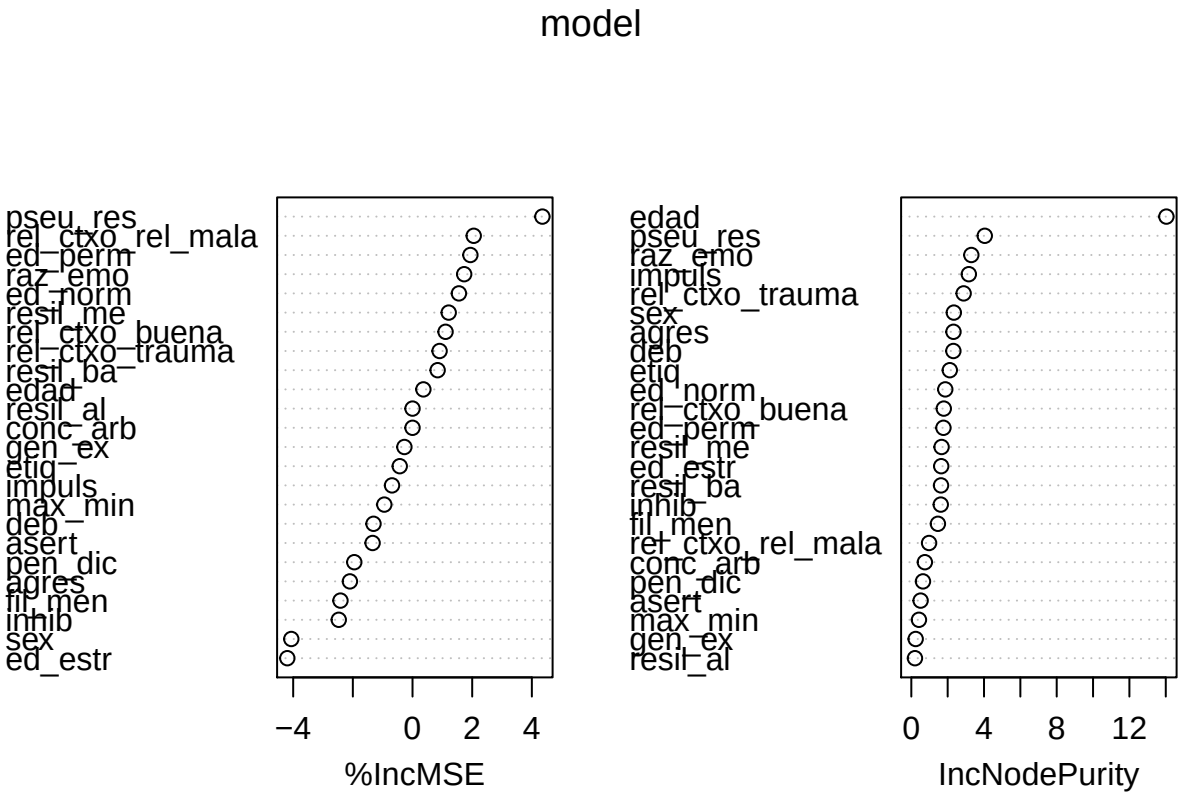
```
##
## Call:
##  randomForest(formula = grupo ~ ., data = dataset[, 2:26], importance = TRUE,      ntree = 450)
##                Type of random forest: regression
##                      Number of trees: 450
## No. of variables tried at each split: 8
##
##           Mean of squared residuals: 1.274016
##                     % Var explained: -22.57
```

Ahora obtenemos el número de árboles que necesitamos realmente, y la importancia de las variables en este modelo:

```
plot(model)
```




```
varImpPlot(model) # Gracias a importance = true
```



Ahora voy a buscar los valores óptimos:

```
which.min(model$mse) # Esta función me dice con qué cantidad de árboles tengo el mínimo MSE
```

```
## [1] 364
```

Ahora lo voy a hacer con 10 fold X Validation:

```
result <- rfcv(dataset[, 2:26], dataset$grupo, cv.fold=10)
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, , drop = FALSE], trainy[idx != : The response has
## five or fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?

## Warning in randomForest.default(trainx[idx != i, imp.idx, drop = FALSE], : The response has five or
## fewer unique values. Are you sure you want to do regression?
```

```
head(result)
```

```
## $n.var
## [1] 25 12  6  3  1
##
## $error.cv
##           25           12            6            3            1
## 3.319396e-01 2.716757e-01 1.700439e-01 2.837366e-01 5.970149e-08
##
## $predicted
## $predicted$`25`
##  [1] 1.993913 1.992933 2.020184 3.363310 1.905232 3.343434 3.054079 1.612227 2.073325 2.177215
## [11] 2.032144 1.783364 1.761988 2.532818 1.903002 3.342102 2.924512 1.821971 2.109888 1.999068
## [21] 2.091529 2.695563 1.596475 2.879952 1.739348 2.519102 2.788335 2.971437 2.126533 1.953144
## [31] 1.808795 3.252565 1.878313 1.772235 2.001307 1.712775 2.013070 2.956271 1.898763 1.310238
## [41] 2.780433 1.665579 1.358530 1.914749 2.018933 2.115638 3.265650 1.885177 1.861808 2.078862
## [51] 2.823874 1.538091 2.048812 3.022628 1.908127 1.545318 2.798718 1.635731 2.943768 2.112265
## [61] 1.800125 1.822014 2.730315 2.163588 3.147196 2.011407 1.619086
##
## $predicted$`12`
##  [1] 1.709995 1.956950 2.015193 3.440359 1.958112 3.473471 3.032968 1.602529 2.073045 2.128853
## [11] 1.926740 1.749157 1.824326 2.409255 1.731112 3.505878 2.940621 1.803618 2.086426 2.003724
## [21] 2.011963 2.655634 1.640717 2.991330 1.659466 2.565823 2.773655 3.148435 2.008919 2.020365
## [31] 1.836467 3.258050 1.878895 1.844532 2.014800 1.758636 1.996487 3.043573 2.004080 1.309799
## [41] 2.799811 1.445589 1.420034 1.838659 1.878004 2.101720 3.411599 1.949641 1.582048 2.017598
## [51] 2.989975 1.305952 1.919479 3.028261 1.743228 1.529141 2.798607 1.775220 2.856588 2.061387
## [61] 1.666717 1.666561 2.894403 2.326226 3.257801 1.863595 1.512275
##
## $predicted$`6`
##  [1] 1.581944 1.947100 2.068890 3.557709 1.868991 3.548561 3.333730 1.592866 2.117311 2.022979
## [11] 1.833490 1.518219 1.815977 2.201090 1.705856 3.540774 3.296121 1.909515 1.975406 2.052500
## [21] 2.003345 2.676291 1.534018 2.848940 1.474212 2.832342 3.524832 3.326607 2.127145 1.975406
## [31] 1.849392 3.209098 1.898669 1.877851 1.950933 1.912061 1.950933 3.125555 2.019295 1.318627
## [41] 2.923891 1.371492 1.371492 1.680691 1.906288 1.916684 3.677957 2.001872 1.387722 1.902593
## [51] 3.103785 1.385533 2.001872 2.824331 1.562654 1.487184 2.770162 1.487184 3.319743 2.052829
## [61] 1.743882 1.547959 2.813965 1.980946 3.317444 1.835531 1.311050
##
## $predicted$`3`
##  [1] 1.761616 1.945078 2.089546 3.464108 1.913485 3.290192 3.118778 1.737515 2.027963 1.992519
## [11] 1.843369 1.700665 1.836772 2.608658 1.737905 3.341112 2.817290 1.869232 2.012031 2.045992
```

```
## [21] 2.007803 2.816391 1.737515 2.679074 1.461020 2.820341 3.312161 3.123645 2.056795 2.012031
## [31] 1.765664 3.080258 1.848597 1.920581 1.996053 1.913032 1.996053 2.922194 2.027963 1.461020
## [41] 2.954493 1.652053 1.652053 1.765664 1.874456 1.931836 3.276952 1.972680 1.691276 1.913485
## [51] 3.055519 1.694666 1.972680 2.724928 1.698051 1.625836 2.816391 1.625836 3.140082 1.869232
## [61] 1.920581 1.673087 2.885527 2.089546 3.413341 1.893312 1.598987
##
## $predicted$`1`
##  [1] 1.000 2.000 2.000 4.000 2.000 4.000 4.000 1.000 2.000 2.000 2.000 1.000 2.000 1.000 1.000 4.000
## [17] 4.000 2.000 2.000 2.000 2.000 3.000 1.000 4.000 1.000 3.000 4.000 4.000 2.000 2.000 2.000 3.000
## [33] 2.000 2.000 2.000 2.000 2.000 3.000 2.000 1.000 3.000 1.000 1.000 2.000 2.000 2.000 4.000 2.000
## [49] 1.000 2.000 4.000 1.000 2.000 2.998 1.000 1.000 3.000 1.000 4.000 2.000 2.000 1.000 3.000 2.000
## [65] 4.000 2.000 1.000
```

Podemos ver el error, bajo la variable $error.cv, y podemos ver las predicciones que se han hecho para cada una de las n.var.

SVM de Kernel Lineal

Lo bueno que tiene SVM es que es muy robusto frente a la dimensión, por lo que deberíamos de obtener a priori buenos resultados con este método.

Lo primero que hay que hacer es importar la librería...

```
#install.packages("e1071")
library("e1071")
```

```
## Warning: package 'e1071' was built under R version 3.5.2
```

Con este método no necesito tener un conjunto de entrenaminento y otro de test, por lo que sigo adelante.

Ahora que hemos instalado la librería, vamos a crear el SVM:

```
modelo.svm <- svm(matriz.pacientes.datos.centscal, dataset[, 26])
summary(modelo.svm)
```

```
##
## Call:
## svm.default(x = matriz.pacientes.datos.centscal, y = dataset[, 26])
##
##
## Parameters:
##    SVM-Type:  eps-regression
##  SVM-Kernel:  radial
##        cost:  1
##       gamma:  0.04166667
##     epsilon:  0.1
##
##
## Number of Support Vectors:  60
```

Ahora que tenemos creado este primer modelo, toca predecir:

```
prediccion <- predict(modelo.svm, matriz.pacientes.datos.centscal)
prediccion
```

```
##        1        2        3        4        5        6        7        8        9       10       11
## 1.549973 1.897491 2.102992 2.931869 1.958610 2.933492 2.460079 1.968849 2.102839 2.102609 2.102858
##       12       13       14       15       16       17       18       19       20       21       22
## 1.834806 1.897158 1.792309 2.081453 3.345387 2.644334 1.896957 2.102818 2.101751 2.102659 2.081453
```

```
##       23       24       25       26       27       28       29       30       31       32       33
## 1.102789 2.171444 1.688974 2.247323 3.098435 2.310026 2.102645 2.090946 1.897066 2.757770 2.102934
##       34       35       36       37       38       39       40       41       42       43       44
## 1.935061 2.103190 1.897447 2.078152 2.427070 1.897235 1.396473 2.724358 1.577114 1.558528 1.911562
##       45       46       47       48       49       50       51       52       53       54       55
## 2.102722 2.093837 2.558446 2.102649 1.964595 2.102263 1.784159 1.755280 2.102747 2.897155 1.865630
##       56       57       58       59       60       61       62       63       64       65       66
## 1.404453 2.647560 1.341993 2.806776 2.103103 2.102609 1.945673 2.749015 2.102654 3.127086 2.102353
##       67
## 1.482761
```

El problema que tenemos con estas predicciones es que están siendo contínuas, y no discretas, por lo que las voy a discretizar redondeando:

```
prediccion <- round(prediccion, digits = 0) #No quiero dígitos decimales
prediccion
```

```
##  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33
##  2  2  2  3  2  3  2  2  2  2  2  2  2  2  2  3  3  2  2  2  2  2  1  2  2  2  3  2  2  2  2  3  2
## 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66
##  2  2  2  2  2  2  1  3  2  2  2  2  2  3  2  2  2  2  2  2  3  2  1  3  1  3  2  2  2  3  2  3  2
## 67
##  1
```

Ahora que hemos predicho, tenemos que sacar la matriz de confusión:

```
matriz.conf <- table(prediccion, dataset[ ,26])
matriz.conf
```

```
##
## prediccion  1  2  3  4
##          1  5  0  0  0
##          2 12 30  3  4
##          3  0  0  5  8
```

```
sum(diag(matriz.conf))/67
```

```
## [1] 0.5970149
```

Obtenemos un porcentaje de acierto medio, pero esto es sin tener en cuenta que los pacientes del grupo 2 pueden pertenecer al 1, lo cual suma alrededor de 10 pacientes más, por lo que obtendríamos valores mucho más altos que rondarían el 65-70% de acierto.

SVM de Kernel RBF

```
modelo_svm.radial <- svm(grupo ~ ., data=dataset[2:26], kernel="radial")
summary(modelo_svm.radial)
```

```
##
## Call:
## svm(formula = grupo ~ ., data = dataset[2:26], kernel = "radial")
##
##
## Parameters:
##    SVM-Type:  eps-regression
##  SVM-Kernel:  radial
##        cost:  1
##       gamma:  0.04166667
```

```
##     epsilon:  0.1
##
##
## Number of Support Vectors:  60
```

Ahora que tenemos creado este primer modelo, toca predecir:

```
prediccion.radial <- predict(modelo_svm.radial,dataset[,2:25])
prediccion.radial
```

```
##        1        2        3        4        5        6        7        8        9       10       11
## 1.549973 1.897491 2.102992 2.931869 1.958610 2.933492 2.460079 1.968849 2.102839 2.102609 2.102858
##       12       13       14       15       16       17       18       19       20       21       22
## 1.834806 1.897158 1.792309 2.081453 3.345387 2.644334 1.896957 2.102818 2.101751 2.102659 2.081453
##       23       24       25       26       27       28       29       30       31       32       33
## 1.102789 2.171444 1.688974 2.247323 3.098435 2.310026 2.102645 2.090946 1.897066 2.757770 2.102934
##       34       35       36       37       38       39       40       41       42       43       44
## 1.935061 2.103190 1.897447 2.078152 2.427070 1.897235 1.396473 2.724358 1.577114 1.558528 1.911562
##       45       46       47       48       49       50       51       52       53       54       55
## 2.102722 2.093837 2.558446 2.102649 1.964595 2.102263 1.784159 1.755280 2.102747 2.897155 1.865630
##       56       57       58       59       60       61       62       63       64       65       66
## 1.404453 2.647560 1.341993 2.806776 2.103103 2.102609 1.945673 2.749015 2.102654 3.127086 2.102353
##       67
## 1.482761
```

El problema que tenemos con estas predicciones es que están siendo contínuas, y no discretas, por lo que las voy a discretizar redondeando:

```
prediccion.radial <- round(prediccion.radial, digits = 0)
prediccion.radial
```

```
##  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33
##  2  2  2  3  2  3  2  2  2  2  2  2  2  2  2  3  3  2  2  2  2  2  1  2  2  2  3  2  2  2  2  3  2
## 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66
##  2  2  2  2  2  2  1  3  2  2  2  2  2  3  2  2  2  2  2  2  3  2  1  3  1  3  2  2  2  3  2  3  2
## 67
##  1
```

Ahora que hemos predicho, tenemos que sacar la matriz de confusión:

```
matriz.conf.radial <- table(prediccion.radial, dataset[,26])
matriz.conf.radial
```

```
##
## prediccion.radial  1  2  3  4
##                 1  5  0  0  0
##                 2 12 30  3  4
##                 3  0  0  5  8
```

```
sum(diag(matriz.conf.radial))/67
```

```
## [1] 0.5970149
```

Obtenemos un acierto del 60%, al que hay que sumar otros 12 pacientes. ### Si añadimos estos pacientes, nos encontramos con un acierto del 77% Por lo tanto, SVM de Kernel radial es una buena técnica para la predicción en este problema.

Ahora pasamos a los modelos de inteligencia artificial no supervisados:

Modelos de inteligencia artificial no supervisados

El primer modelo de inteligencia artificial no supervisado que voy a usar es un modelo de clustering llamado Dendrograma.

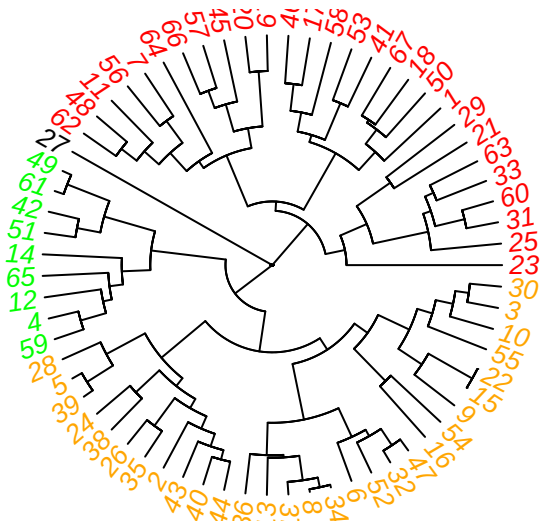
Dendrograma

Para esto, lo que voy a hacer es dividirlo en 4 clusters, coincidiendo con los 4 grupos de trastornos que tengo.

```
#install.packages("ape")
library(ape)
```

```
## Warning: package 'ape' was built under R version 3.5.2
```

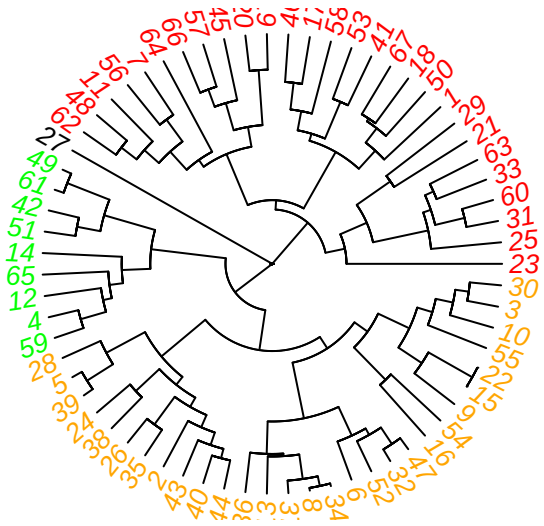
```
dd <- dist(scale(dataset[,2:25]), method = "euclidean") #Nos basamos en la distancia euclídea
hier.clust <- hclust(dd, method = "ward.D2")
colores.dendrograma <- c("red", "orange", "green", "black") # Creamos los colores con los que queremos
cluster.4 <- cutree(hier.clust, 4) # Cluster jerárquico de 4...
plot(as.phylo(hier.clust), type = "fan", tip.color = colores.dendrograma[cluster.4], label.offset = 0.3
```



Como vemos, estamos obteniendo el indentificador de cada paciente en el dendrograma, donde los pacientes que mas se parecen estarán más juntos, mientras que los que menos se parecen estarán más separados. Es interesante analizar como los pacientes verdes y los naranjas surgen de la misma salida del centro, cosa que no ocurre con los rojos y los negros, lo cual quiere decir que algo tienen en común estos dos tipos de casos.

Ahora voy a hacer el mismo dendrograma pero con el DataSet de centrado y escalado, de tal manera que veamos a ver si hay diferencias:

```
dd <- dist(scale(matriz.pacientes.datos.centscal), method = "euclidean")
hier.clust <- hclust(dd, method = "ward.D2")
colores.dendrograma <- c("red", "orange", "green", "black")
cluster.4 <- cutree(hier.clust, 4)
plot(as.phylo(hier.clust), type = "fan", tip.color = colores.dendrograma[cluster.4], label.offset = 0.3
```



Si lo comparamos, vemos que hemos obtenido exactamente el mismo resultado, por lo que en este caso el centrado y escalado no es necesario.

Vamos a analizar algunos pacientes aleatoriamente para ver si ha acertado, o al menos si se ha aproximado:

- Paciente 1: Analizado - Rojo ——— Real: 1
- Paciente 2: Analizado - Naranja —— Real: 2
- Paciente 3: Analizado - Naranja —— Real: 2
- Paciente 4: Analizado - Verde ——— Real: 4
- Paciente 5: Analizado - Naranja —— Real: 2
- Paciente 27: Analizado - Negro ——- Real: 4

Es decir, a la vista de estos resultados, podemos concluir que el grupo 1 es el de los pacientes en rojo, el grupo 2 es el de los pacientes en naranja, y luego entre el grupo 3 y el grupo 4 hay dudas, pero teniendo varios pacientes tanto del grupo 3 como del grupo 4 en nuestro DataSet parece ser que algo de error ha cometido.

K-Means

El algoritmo KMeans en principio no es el algoritmo más adecuado para este trabajo, ya que se basa en círculos para la clasificación de los individuos, cuando en principio en mis datos esto no es así. De todas formas, voy a clasificar a los pacientes siguiendo este algoritmo para comprobar la eficacia que tiene sobre mi problema:

```
#install.packages("cluster")
#install.packages("fpc")

library(cluster)
library(fpc)
```

```
## Warning: package 'fpc' was built under R version 3.5.2
```

Hacemos el clustering y vemos algunos resultados:

```
datos.kmeans <- matriz.pacientes.datos # Sin la clasificación dentro del dataset

clusters <- kmeans(datos.kmeans, centers=4)
clusters$centers
```

```
##       edad       sex rel_ctxo_rel_mala rel_ctxo_trauma rel_ctxo_buena    ed_perm   ed_norm
## 1 18.96667 0.1666667        0.10000000       0.3000000      0.6000000 0.43333333 0.3000000
## 2 39.00000 0.5000000        0.33333333       0.3333333      0.3333333 0.50000000 0.3333333
## 3 28.15385 0.1923077        0.07692308       0.4230769      0.5000000 0.03846154 0.7692308
## 4 47.60000 0.2000000        0.40000000       0.4000000      0.2000000 0.40000000 0.4000000
##     ed_estr  resil_ba  resil_me resil_al   pen_dic    gen_ex      etiq   fil_men   max_min
## 1 0.2666667 0.7666667 0.2333333      0.0 0.9000000 0.9666667 0.8666667 0.7666667 0.9666667
## 2 0.1666667 0.1666667 0.8333333      0.0 1.0000000 1.0000000 0.3333333 0.6666667 1.0000000
## 3 0.1923077 0.4615385 0.5384615      0.0 0.8846154 0.9615385 0.7692308 0.8076923 0.9615385
## 4 0.2000000 0.4000000 0.4000000      0.2 0.8000000 0.8000000 0.4000000 1.0000000 1.0000000
##    conc_arb  pseu_res       deb   raz_emo     inhib      asert     agres    impuls
## 1 0.9666667 0.3666667 0.8666667 0.8333333 0.7333333 0.03333333 0.2333333 0.5333333
## 2 1.0000000 0.3333333 1.0000000 0.6666667 0.5000000 0.16666667 0.3333333 0.8333333
## 3 1.0000000 0.7307692 1.0000000 0.8076923 0.6153846 0.19230769 0.1923077 0.6538462
## 4 1.0000000 0.4000000 1.0000000 0.6000000 0.6000000 0.40000000 0.0000000 0.6000000
```

```
clusters$cluster
```

```
##  [1] 1 1 1 1 1 1 3 1 1 1 3 1 1 1 1 1 2 1 3 3 3 1 4 1 2 1 1 1 4 1 3 1 3 3 1 3 1 3 3 3 2 3 3 1 2 4 3 3
## [49] 3 3 3 2 2 1 1 4 3 3 1 1 3 3 3 3 3 4 1
```

Interpretando estos resultados, obtenemos:

- El cluster 1 destaca por sexo más hacia masculino que otros, una relación contexto ciertamente buena, una educación permisiva, una resiliencia baja, maximización y minimización, razonamiento emocional, cierta inhibición y poca agresividad.
- El cluster 2 destaca por una edad mayor, es el cluster con mejor relación con el contexto, y suelen tener las personas de este cluster una educación normal. Destaca por una resiliencia media, pensamiento dicotómico, generalización excesiva, etiquetado, conclusiones arbitrarias, deberías, razonamiento emocional e inhibición.
- El cluster número 3 destaca por tener una edad aún más elevada, más ratio de personas del sexo femenino que ningún otro cluster, y tienen una relación con el contexto bastante variable. La educación de estas personas es principalmente normal, con una resiliencia que puede ser tanto baja como media. Destacan por el pensamiento dicotómico, generalización excesiva, poco etiquetado, maximización y minimización, filtro mental, conclusiones arbitrarias, pseudoresponsabilidad, deberías, y suelen ser bastante inhibidos e impulsivos.
- Finalmente, el cluster 4 destaca por ser el que tiene la edad más elevada y el ratio de sexo más masculino. La relación con el contexto de estos individuos clasificados en este grupo es principalmente de trauma, aunque también hay buenas y malas. La educación de estos individuos es principalmente permisiva, y la resiliciencia tiende a media. Destacan por la poca etiquetación que hacen, pero un gran fitro mental,

conclusiones arbitrarias, poca pseudo-responsabilidad, muchos deberías, poco razonamiento emocional, y son principalmente inhibidos e impulsivos.

Ahora sacamos la gráfica para poder ver como los ha clasificado sobre dos componentes principales artificiales:

```
clusplot(datos.kmeans, clusters$cluster, color = TRUE, main = "Representación 2D con Clusplot", labels =
```