1 Portada

Universidad Autónoma de Querétaro

Maestría en Ciencias en Inteligencia Artificial

Materia - Tópicos Selectos IV - Machine Learning

Examen 2 - Mushroom Classification

Profesor - Dr. Marco Aceves

Alumno - Juan Ignacio Ortega Gómez
Expediente - 309236

Quertearo, Queretaro a 10 de Junio de 2022

2 Introducción

Las micotoxinas son compuestos ubicuos que difieren mucho en sus propiedades químicas, biológicas y toxicológicas. Una micotoxicosis primaria se produce al consumir vegetales contaminados, y secundaria al ingerir carne o leche de animales que comieron forrajes con micotoxinas. Las micotoxinas son ingeridas con alimentos o forrajes contaminados directa o indirectamente.

La presencia de una micotoxina, y el peligro asociado, solamente puede ser determinada después de la extracción e identificación de la misma porque: - la presencia del hongo no asegura que exista una micotoxina, - la micotoxina continúa en el alimento aunque el moho haya desaparecido, - un hongo dado puede producir más de una micotoxina, - una determinada toxina puede ser formada por más de una especie de mohos [].

Po este motivo, se se pretende generar un algoritmo capaz de clasificar si un hongo es venenoso o comestible de acuerdo a ciertas características, para esto, se propone un algoritmo basado en ID3 para generar un árbol de decisión.

La inferencia inductiva es el proceso de pasar de ejemplos concretos a modelos generales. En una forma, el objetivo es aprender a clasificar objetos o situaciones mediante el análisis de un conjunto de instancias cuyas clases se conocen [5].

Un árbol de decisión es un formalismo para expresar mapeos. Un árbol es un nodo de hoja etiquetado con una clase o una estructura que consta de un nodo de prueba vinculado a dos o más subárboles. Un nodo de prueba calcula algún resultado en función de los valores de atributo de una instancia, donde cada posible resultado está asociado con uno de los subárboles[5].

Las técnicas de minería de datos utilizan básicamente el algoritmo ID3 ya que es el algoritmo básico de clasificación, proponen un marco de árbol de decisiones genérico que admite el diseño de componentes reutilizables. [2].

3 Marco teórico

3.1 Árboles de decisión

3.1.1 Definición

Los árboles de decisión (DT) son un método de aprendizaje supervisado no paramétrico que se utiliza para la clasificación y la regresión. El objetivo es crear un modelo que prediga el valor de una variable de destino mediante el aprendizaje de reglas de decisión simples deducidas de las características de los datos. Un árbol puede verse como una aproximación constante por partes [1].

3.1.2 Ventajas y Desventajas

Algunas ventajas de los árboles de decisión son:

- Fácil de entender y de interpretar. Los árboles se pueden visualizar.
- Requiere poca preparación de datos. Otras técnicas a menudo requieren la normalización de datos, es necesario crear variables ficticias y eliminar valores en blanco. Sin embargo, tenga en cuenta que este módulo no admite valores faltantes.
- El costo de usar el árbol (es decir, predecir datos) es logarítmico en la cantidad de puntos de datos usados para entrenar el árbol.
- Capaz de manejar datos numéricos y categóricos. Sin embargo, la implementación de scikit-learn no admite variables categóricas por ahora. Otras técnicas suelen estar especializadas en analizar conjuntos de datos que tienen un solo tipo de variable. Ver algoritmos para más información.
- Capaz de manejar problemas de múltiples salidas.
- Utiliza un modelo de caja blanca. Si una situación dada es observable en un modelo, la explicación de la condición se explica fácilmente mediante lógica booleana. Por el contrario, en un modelo de caja negra (por ejemplo, en una red neuronal artificial), los resultados pueden ser más difíciles de interpretar.
- Posibilidad de validar un modelo mediante pruebas estadísticas. Eso permite dar cuenta de la fiabilidad del modelo.
- Tiene un buen desempeño incluso si sus supuestos son algo violados por el verdadero modelo a partir del cual se generaron los datos.

Las desventajas de los árboles de decisión incluyen:

- Los aprendices de árboles de decisión pueden crear árboles demasiado complejos que no generalizan bien los datos. Esto se llama sobreajuste. Para evitar este problema, son necesarios mecanismos como la poda, establecer el número mínimo de muestras requeridas en un nudo de la hoja o establecer la profundidad máxima del árbol.
- Los árboles de decisión pueden ser inestables porque pequeñas variaciones en los datos pueden generar un árbol completamente diferente. Este problema se mitiga mediante el uso de árboles de decisión dentro de un conjunto.
- Las predicciones de los árboles de decisión no son uniformes ni continuas, sino aproximaciones constantes por partes, como se ve en la figura anterior. Por lo tanto, no son buenos para la

extrapolación.

- Se sabe que el problema de aprender un árbol de decisión óptimo es NP-completo bajo varios aspectos de optimización e incluso para conceptos simples. En consecuencia, los algoritmos prácticos de aprendizaje del árbol de decisiones se basan en algoritmos heurísticos, como el algoritmo voraz, en el que se toman decisiones localmente óptimas en cada nodo. Dichos algoritmos no pueden garantizar la devolución del árbol de decisión globalmente óptimo. Esto se puede mitigar entrenando varios árboles en un alumno de conjunto, donde las características y las muestras se muestrean aleatoriamente con reemplazo.
- Hay conceptos que son difíciles de aprender porque los árboles de decisión no los expresan fácilmente, como XOR, problemas de paridad o multiplexor.
- Los aprendices de árboles de decisión crean árboles sesgados si dominan algunas clases. Por lo tanto, se recomienda equilibrar el conjunto de datos antes de ajustarlo al árbol de decisión [1].

3.1.3 Cálculos paso a paso:

Paso 1 - Calcular la entropía de los atributos y escoger el mayor como raíz.

Paso 2 - Calcular la ganancia de los atributos restantes y encontrar cuál atributo es el siguiente nodo.

Paso 3 - Encontrar un nodo por cada rama de la raíz si es que aún no se ha llegado a clasificaciones separadas en todas las ramas.

Paso 3 - Seguir el proceso de selección de nodos hasta que se terminen los atributos o se tenga clasificaciones separadas en cada rama [2].

3.2 K-Fold

K-Fold, también llamado validación cruzada, es un procedimiento que consiste en partir en k veces los datos y realizar pruebas con cada k-partición.

El parámetro K indica cuántas veces se tiene que particionar los datos. Los K más utilizados son 3, 5 y 10 particiones. La K se suele reemplazar por el número de k-particiones, '10-Fold'.

El método es muy popular porque los resultados tienen un menor sesgo y se realiza una estimación menos optimista del rendimiento y la exactitud de un algoritmo.

El algoritmo general es el siguiente:

1. Se desordenan los datos de manera aleatoria.

2. Se separan los datos en k grupos. En este caso, se recomienda crear copias de los datos, cada una con la aprtición que le corresponde. Por ejemplo, si se quiere hacer un '5-Fold', se hacen cinco copias con lso datos. En la primera copia se quita la primera quinta parte, en la segunda copia, la segunda quinta parte y así sucesivamente hasta completar las cinco copias.

3. Las partes que se quitaron serán los bancos de pruebas. La primera prueba se realiza con el modelo de la primera copia y los datos de prueba que se quitaron del mismo y así sucesivamente.

4. Se guardan la smétricas de calidad (error, tasa de clasificación, exactitud, precisión, sensitividad y puntaje F-beta).

5. Se desecha el modelo y el banco de pruebas con el que se realizó.

6. Se cambia al siguiente modelo con el siguiente banco de pruebas, se repite el procedimiento desde el paso cuatro hasta que se terminen las pruebas con todas las particiones.

Los datos se dividen lo más homogéneamente posible, es decir, que cada partición contenga aproximadamente la misma cantidad de datos, como forma gráfica de representar esto se peude mostrar el ejemplo de la siguiente figura [5]:

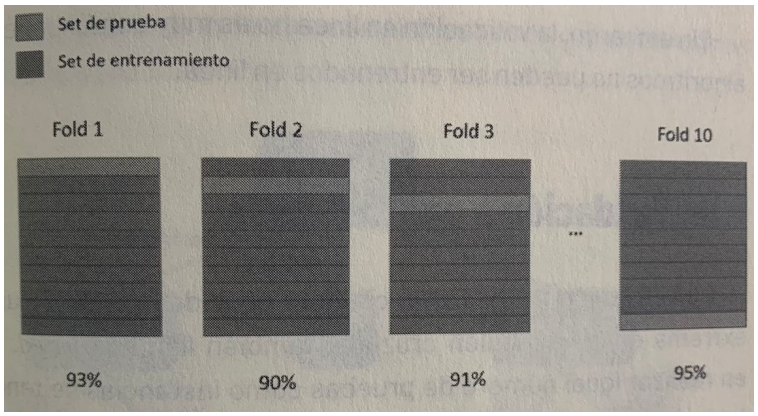


Figura 1. Ejemplo de la distribución de las pruebas para una validación cruzada '10-Fold' [5].

Figura 1. Ejemplo de la distribución de las pruebas para una validación cruzada '10-FOld' [5].

3.3 Métricas de rendimiento

3.3.1 MSE

Es probablemente el método más comúnmente utilizado para poder predecir el error. Permite evaluar el rendimiento de múltiples modelos en un problema de predicción cuando se trata de datos continuos.

Varía en un rango de $[0, inf]$, siendo menor valor de MSE, un mejor rendimiento del modelo.

Su formulación es la siguiente:

$MSE = \frac{(p_1-a_1)^2+...+(p_n-a_n)^2}{n}$

Donde 'a' es el valor real actual y 'p' es el valor predicho [5].

3.3.2 Tasa de clasificación

La manera más simple de evaluar un modelo con características nominales y discretas es por medio de la tasa de clasificación, cuya formulación es la siguiente [5]:

$Tasadeclasificacin = 1 - \frac{Clasificacionesincorrectas}{Totaldepredicciones realizadas}$

3.3.3 Matriz de confusión binaria

Solo puede haber cuatro diferentes tipos de resultados que arrojen la matriz de confusión, mostrada en la fig. 2:

- Verdadero positivo (TP) - Se espera que tenga in valor positivo de su carcterística y se obtiene un valor positivo también.
- Verdadero negativo (TN) - Se espera un valor negativo de su carcaterística y se predice un valor negativo también.
- Falso positivo (FP) - Se tiene un valor negativo a pesar de haber predicho un valor positivo.
- Falso negativo (FN) - Se tiene un valor positivo a pesar de haber predicho un valor negativo [5].

		Predicción	
		Positivos	**Negativos**
Observación	**Positivos**	Verdaderos Positivos (VP)	Falsos Negativos (FN)
	Negativos	Falsos Positivos (FP)	Verdaderos Negativos (VN)

Figura 2. Matriz de confusión para cálculo del error [5].

Figura 2. Matriz de confusión para cálculo del error [5].

3.3.4 Exactitud

Se puede calcular la tasa de clasificación de una manera más precisa con la matriz de confusión. Se puede calcular como una métrica de exactitud del modelo, cuya formulación es la siguiente [5]:

$Exactitud = \frac{(TP+TN)}{(TP+TN+FP+FN)}$

3.3.5 Precisión

Se puede definir como la tasa de las muestras predichas que son relevantes, se calcula como sigue [5]:

Precisión $= \frac{TP}{TP+FP}$

3.3.6 Sensitividad (Recall)

La sensitividad, también llamado recall, se puede definir como la tasa de las muestras seleccionadas que son relevantes a la prueba. Se obtiene de la siguiente manera:

$Sensitividad = \frac{TP}{TP+FN}$

3.3.7 Puntaje F1

El puntaje F1 (F1 Score en inglés), puntaje F-beta con una beta de 1, se puede definir como la media harmónica entre recall y precisión, y secalcula como se meustra en la siguiente ecuación:

$PuntajeF1 = \frac{2^*TP}{2^*TP+FP+FN}$

3.4 Conceptos en el manejo de datos

3.4.1 Cuartiles

La mediana divide la muestra a la mitad, los cuartiles lo dividen, tanto como sea posible, en cuartos.

$Primercuartil = 0.25 * (n + 1)$

$Segundocuartil = 0.5 * (n + 1)$ –> Idéntico a la mediana

$Tercercuartil = 0.75 * (n + 1)$

El resultado te dice el número del valor que representa el X cuartil, de los datos ordenados de forma ascendente.

Solo si el resultado es un entero, si no, se toma el promedio de los valores de la muestra de cualquier lado de este valor, tomando la muestrta de forma ordenada ascendente [5].

3.4.2 Normalización de datos

Algunos algoritmos de inteligencia artificial requieren que todos los datos se centren en un rango específico de valores, normalmente de $-1a1$ o de $0a1$. Incluso si no se requiere que los datos se encuentren dentro de los valores, es buena idea generalmente asegurarse de que los avlores se encuentran dentro de un rango específico.

Normalización de valores ordinales Para normalizar un set ordinal, se tiene que preservar el orden.

Normalización de valores cuantitativos Lo primero que se tiene que hacer es observar el rango en el cual se encuentran dichos valores y el intervalo al que se quiere normalizar. No todos los valores requieren ser normalizados.

Es necesario realizar los cálculos de las siguientes variables para encontrar el valor normalizado:

1. $Maximodelosdatos = elvalormsaltodelaobservacinsinnormalizar$
2. $Mnimodelosdatos = elmenoraltodelaobservacinsinnormalizar$
3. $Maximonormalizado = elvalormsaltolimtrofealqueelmximodelosdatossernormalizado$
4. $Mnimonormalizado = Elvalormsbajolimtrofealqueelmnimodelosdatossernormalizado$
5. $Rangodespacedatos = Maximodelosdatos - Mnimodelosdatos$
6. $Rangonormalizado = Maximonormalizado - Mnimonormalizado$
7. $D = Valoranormalizar - Mnimodelosdatos$
8. $DPct = \frac{D}{Rangodedatos}$
9. $dNorm = Rangonormalizado * DPct$
10. $Normalizado = Mnimonormalizado + dNorm$

De esta forma se obtiene el valor normalizado [5].

3.5 Intervalo de confianza

3.5.1 Definición

Un intervalo de confianza es un rango de valores en el que estamos bastante seguros de que reside nuestro verdadero valor [3].

3.5.2 Cálculo del intervalo de confianza

Paso 1: Empieza con - El número de observaciones n - La media X - La Desviación Estándar s

Paso 2: decide qué intervalo de confianza quieres: 95% o 99% son opciones comunes. Luego encuentra el valor "Z" para ese intervalo de confianza aquí:

Intervalo de Confianza de:

80% genera –> Z = 1.282

85% genera –> Z = 1.440

90% genera –> Z = 1.645

95% genera –> Z = 1.960

99% genera –> Z = 2.576

99.5% genera –> Z = 2.807

99.9% genera –> Z = 3.291

Paso 3: usa ese valor Z en esta fórmula para el intervalo de confianza

$XZ * \frac{s}{razcuadrada(n)}$

Donde: - X es la media - Z es el valor Z elegido de la tabla anterior - s es la desviación estándar - n es el número de observaciones

El valor después del ± se llama margen de error [4].

3.6 Definiciones estadísticas

- La media muestral (Promedio)

Indica el centro de los datos.

$Promedio = \frac{1}{n} * sumatoriadeXi$ [8]

- Desviaciones ((X1 - Xpromedio), . . . , (Xn - Xpromedio)) Distancias de cada valor de la muestra a la media de la muestra. Al ser una resta, genera valores tanto positivos como negativos, por eso se eleva al cuadrado al utilizarse en la varianza y en la desviación estándar, para hacer todos los resultados de la resta positivos.
- Varianza muestral Constituye el promedio de las desviaciones al cuadrado, excepto que lo dividimos entre n-1 en lugar de n.

$s^2 = \frac{1}{n-1} * sumatoriade((Xi - Xpromedio)^2)$ [8]

- Desviación estandar Mide el grado de dispersión.

$s = (s^2)^{\frac{1}{2}} or a z cuadrada de (s^2)$ [8]

- Cuartiles

La mediana divide la muestra a la mitad, los cuartiles lo dividen, tanto como sea posible, en cuartos.

$Primer cuartil = 0.25(n+1)$ [8]

$Segundo cuartil = 0.5(n+1)$ [8] –> Idéntico a la mediana

$Tercer cuartil = 0.75(n+1)$ [8]

El resultado te dice el número del valor que representa el X cuartil, de los datos ordenados de forma ascendente.

Solo si el resultado es un entero, si no, se toma el promedio de los valores de la muestra de cualquier lado de este valor, tomando la muestrta de forma ordenada ascendente [8].

3.7 Base de datos

Se utilizó la base de datos (DB por sus siglas en inglés) Mushroom Classification obtenida de Kaggle, donde se incluyen descripciones de muestras hipotéticas correspondientes a 23 especies de hongos con branquias en el hongo de la familia Agaricus y Lepiota extraídas de la Guía de campo de hongos de América del Norte de la Sociedad Audubon (1981). Cada especie se identifica como definitivamente comestible, definitivamente venenosa o de comestibilidad desconocida y no recomendada. Esta última clase se combinó con la venenosa [6].

4 Metodología

4.1 Recolección de datos

Importamos librerías necesarias durante le desarrollo del algoritmo.

[ ]:
```
import pandas as pd
import seaborn as sns
import numpy as np
import math as mt
import random as rd
from collections import Counter
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.metrics import confusion_matrix
import matplotlib.pyplot as plt
```

Accedemos a la carpeta de drive donde se encuentra la base de datos.

[ ]:
```
from google.colab import drive
drive.mount('/content/drive')
```

```
Mounted at /content/drive
```

Cargamos la base de datos Drugs ABCXY, dentro de la variable 'DB'.

[ ]:
```
DB = pd.read_csv('/content/drive/MyDrive/ML_TSIV/Examen_2/mushrooms.csv')
```

Dejamos estática la base de datos sin modificar procesos posteriores.

[ ]:
```
DB_STAY = DB
```

Damos un primer vistazo a la base de datos, mostrando los datos organizados en una tabla.

[ ]:
```
DB.head()
```

[ ]:
```
  class cap-shape cap-surface cap-color bruises odor gill-attachment  \
0     p         x           s         n       t    p               f
1     e         x           s         y       t    a               f
2     e         b           s         w       t    l               f
3     p         x           y         w       t    p               f
4     e         x           s         g       f    n               f

  gill-spacing gill-size gill-color  ... stalk-surface-below-ring  \
0            c         n          k  ...                        s
1            c         b          k  ...                        s
2            c         b          n  ...                        s
3            c         n          n  ...                        s
4            w         b          k  ...                        s
[5 rows x 23 columns]
```

Función para transformar cada atributo cualitativo dentro de la base de datos a datos numéricos.

[ ]:
```
def Cualit2Num(DBCN):
  Titles = list(DBCN.columns)

  Titles_str = []
  for title in Titles:
    if type(DBCN[title][0]) == str:
      Titles_str.append(title)

  for title in Titles_str:
    types = pd.unique(DBCN[title])
    i = 0
    for data in types:
      data_loc = np.where(DBCN[title] == data)[0]
      for pos in data_loc:
        DBCN[title][pos] = i
      i += 1
  return(DBCN)
```

Llamamos a la función 'Cualit2Num' anterior para transformar la base de datos.

[ ]:
```
DB = Cualit2Num(DB)
DB.head()
```

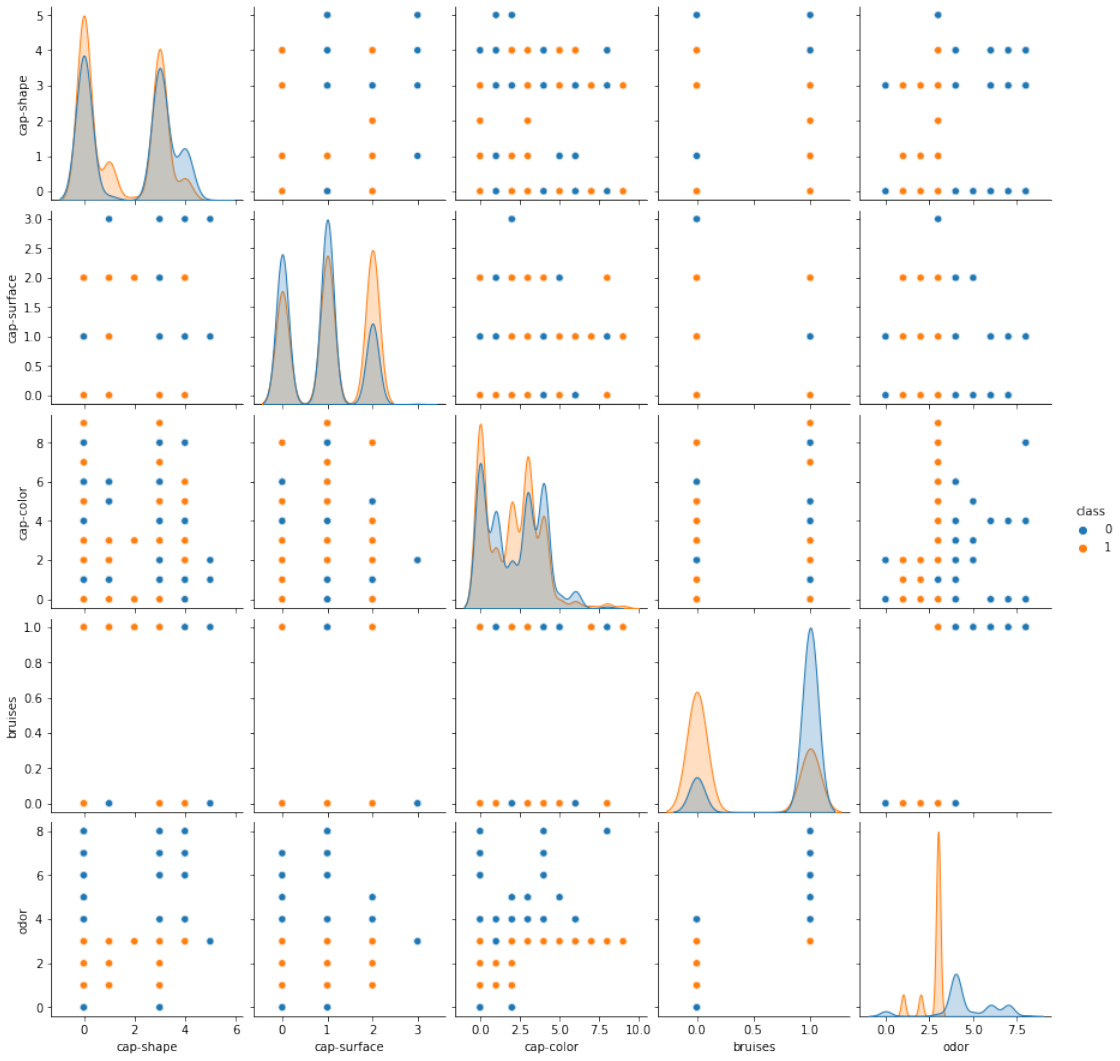
[ ]:
```
   class cap-shape cap-surface cap-color bruises odor gill-attachment  \
0     0         0           0         0       0    0                0
1     1         0           0         1       0    1                0
2     1         1           0         2       0    2                0
3     0         0           1         2       0    0                0
4     1         0           0         3       1    3                0

   gill-spacing gill-size gill-color  ... stalk-surface-below-ring  \
0             0         0          0  ...                         0
1             0         1          0  ...                         0
2             0         1          1  ...                         0
3             0         0          1  ...                         0
4             1         1          0  ...                         0
[5 rows x 23 columns]
```

Posteriormente, desplegamos una representación gráfica de los datos, generando las relaciones entre cada atributo.

[ ]:
```
sns.pairplot(DB, vars = DB.columns[1:6], hue = DB.columns[0])
```

[ ]:
```
<seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7f9a176b5550>
```



4.2 Preparación de los datos

4.2.1 Analizamos los datos de forma elemental.

Calculamos la cantidad de Atributos e Instancias.

[ ]:
```
NoAtributos = len(DB.T) - 1
NoInstancias = len(DB)
```

Convertimos la base de datos en un arreglo.

[ ]:
```
DBar = DB.to_numpy()
```

Quitamos el atributo 16 debido a que cuenta con caracteríticas que son todas la misma, por lo tanto, no añadiría información relevante.

[ ]:
```
DBarnew = []
for idx, element in enumerate(DBar.T):
  if idx != 16:
    DBarnew.append(element)

DBarnew = np.array(DBarnew).T
DBar = DBarnew
```

Calculamos el máximo y mínimo de cada Atributo.

[ ]:
```
MaximoDeAtributos = []
MinimoDeAtributos = []
for idx in range(NoAtributos):
  CaractMax = max(DBar.T[idx])
  CaractMin = min(DBar.T[idx])
  MaximoDeAtributos.append(CaractMax)
  MinimoDeAtributos.append(CaractMin)
```

Calculamos el primer y tercer cuartil (Q1 y Q3, respectivamente), de cada atributo.

[ ]:
```
Q1 = []
Q3 = []
for idx in range(NoAtributos):
  if str(type(DBar[0][idx]))[8 : -2] != 'str':
    atrib = DBar.T[idx].tolist()
    atrib.sort()

    NoCuartil1 = 0.25 * (NoInstancias + 1)
    if str(type(NoCuartil1))[8 : -2] != 'int':
      pos1 = round(NoCuartil1)
      if pos1 < NoCuartil1:
        pos2 = pos1 + 1
      else:
        pos2 = pos1 - 1
      NoCuartil1 = round((pos1 + pos2) / 2)
```

```
    Cuartil1 = atrib[NoCuartil1 + 1]
    incremento = 1
    while True:
      if str(Cuartil1) == 'nan':
          Cuartil1 = atrib[NoCuartil1]
          NoCuartil1 -= 1
      else:
        break

    NoCuartil3 = 0.7 * (NoInstancias + 1)
    if str(type(NoCuartil3))[8 : -2] != 'int':
      pos1 = round(NoCuartil3)
      if pos1 < NoCuartil3:
        pos2 = pos1 + 1
      else:
        pos2 = pos1 - 1
      NoCuartil3 = round((pos1 + pos2) / 2)
    Cuartil3 = atrib[NoCuartil3 + 1]
    while True:
      if str(Cuartil3) == 'nan':
          Cuartil3 = atrib[NoCuartil3]
          NoCuartil3 -= 1
      else:
        break

  Q1.append(Cuartil1)
  Q3.append(Cuartil3)
Q1 = np.array(Q1)
Q3 = np.array(Q3)
```

4.2.2 Detectamos outliers y eliminamos sus respectivas instancias.

Calculamos el rango intercuantílico de cada atributo.

[ ]:
```
IQR = []
for idx in range(len(Q1)):
  IQR.append(Q3[idx] - Q1[idx])
```

Buscamos valores atípicos y el atributo en el que se encuentra ese valor (Seleccionamos quitar solo outliers extremos con OutType = 3, o también leves con OutType = 1.5).

[ ]:
```
OutType = 3

Inst2Elim = []
for idx, Atrib in enumerate(DBar.T):
  probe1 = Q1[idx] - OutType * IQR[idx]
  probe2 = Q3[idx] + OutType * IQR[idx]
  for idx2, Val in enumerate(Atrib):
```

```
    if ((Val < probe1) or (Val > probe2)) and (idx2 not in Inst2Elim):
      Inst2Elim.append(idx2)
```

Generamos una nuevo array de datos eliminando las instancias que contienen algún outlier.

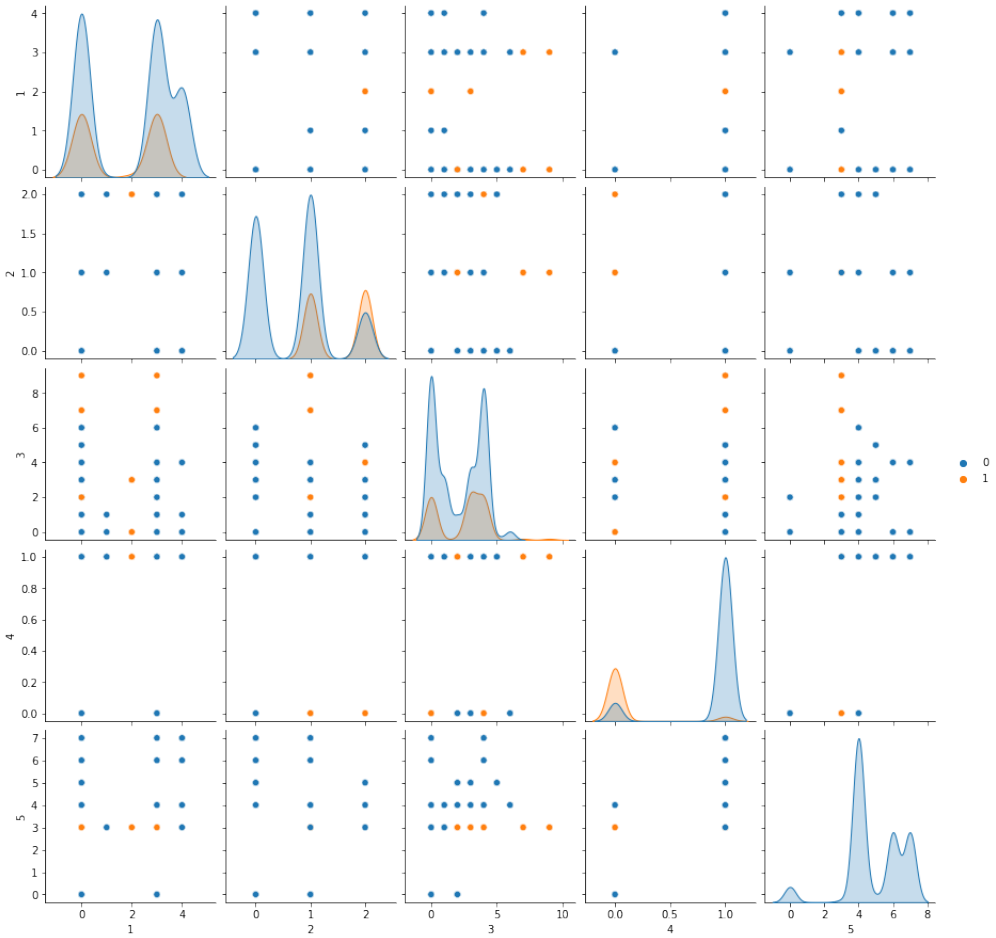
[ ]:
```
DBWO = []
for InstNum in range(len(DBar)):
  if InstNum not in Inst2Elim:
    DBWO.append(DBar[InstNum])

DBWOar = np.array(DBWO)
```

Desplegamos los valores sin outliers, los cuales fueron identificados considerando el rango intercuartílico.

[ ]:
```
showDB = pd.DataFrame(DBWOar)
sns.pairplot(showDB, vars = showDB.columns[1:6], hue = showDB.columns[0])
```

[ ]:
```
<seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7ff258183590>
```



4.2.3 Normalizamos los datos

Elegimos un rango de normalización entre 0 y 1.

[ ]:
```
MaximoNormalizado = 1
MinimoNormalizado = 0
RangoNormalizado = MaximoNormalizado - MinimoNormalizado
```

Normalizamos los valores y obtenemos el nuevo arreglo de valores normalizados 'DBNar'.

[ ]:
```
DBNorm = []
for idx in range(NoAtributos):

  CaractNorm = []
  if str(type(DBar[0][idx]))[8 : -2] != 'str':

    RangodeDatos = MaximoDeAtributos[idx] - MinimoDeAtributos[idx]
    for idx2 in range(NoInstancias):

      if str(DBar[idx2][idx]) != 'nan':
        D = DBar[idx2][idx] - MinimoDeAtributos[idx]
        DPct = D / RangodeDatos
        dNorm = RangoNormalizado * DPct
        Normalizado = MinimoNormalizado + dNorm
        CaractNorm.append(Normalizado)
      else:
        CaractNorm.append(DBar[idx2][idx])

  else:
    for idx2 in range(NoInstancias):
      CaractNorm.append(DBar[idx2][idx])

  DBNorm.append(CaractNorm)

DBNar = np.array(DBNorm)
```

Visualizamos una parte de la base de datos con los valores normalizados, para garantizar una correcta transformación.

[ ]:
```
DBNarT = DBNar.T
showDB = pd.DataFrame(DBNarT)
showDB.head()
```

[ ]:

	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	...	\
0	0.0	0.0	0.000000	0.000000	0.0	0.000	0.0	0.0	0.0	0.000000	...	
1	1.0	0.0	0.000000	0.111111	0.0	0.125	0.0	0.0	1.0	0.000000	...	
2	1.0	0.2	0.000000	0.222222	0.0	0.250	0.0	0.0	1.0	0.090909	...	
3	0.0	0.0	0.333333	0.222222	0.0	0.000	0.0	0.0	0.0	0.090909	...	
4	1.0	0.0	0.000000	0.333333	1.0	0.375	0.0	1.0	1.0	0.000000	...	

4.2.4 No. de datos faltantes por atributo

[ ]:
```
NoFaltantes = []
ceros = 0
for idx, element in enumerate(DBNarT.T):
  sumatoria = 0
  for idx2, element2 in enumerate(DBNarT):
    if str(DBNarT.T[idx][idx2]) == 'nan':
      sumatoria += 1
  NoFaltantes.append(sumatoria)

  if sumatoria != 0:
    print('La cantidad de carcaterísticas faltantes en el atributo', str(idx +␣
 ↪1), 'es igual a', str(sumatoria) + '.')
  else:
    ceros += 1

  if ceros == len(DBNarT.T):
    print('No hay datos faltantes')
```

```
No hay datos faltantes
```

4.3 Análisis de los datos

4.3.1 Serie de funciones creadas para obtener las métricas de rendimiento de un modelo.

[ ]:
```
#Función para obtener el error cuadrático medio, recibe las listas de los␣
 ↪valores predichos y los valores reales.
def MSE(MSEpred, MSEreal):
  MSEpredN = []
  for MSEp in MSEpred:
    MSEpredN.append(MSEp/100)

  MSErealN = []
  for MSEr in MSEreal:
    MSErealN.append(MSEr/100)

  MSEsize = len(MSErealN)
  MSEt = 0
  for MSEidx in range(MSEsize):
    MSEt += (MSEpredN[MSEidx] - MSErealN[MSEidx])**2
  MSEf = MSEt / MSEsize
  return(MSEf)

#Función para calcular la tasa de clasificación, recibe las listas de los␣
 ↪valores predichos y los valores reales.
def TC(TCpred, TCreal):
```

```
  TCsize = len(TCpred)
  TCt = 0
  for TCidx in range(TCsize):
    if TCpred[TCidx] != TCreal[TCidx]:
      TCt += 1
  TCf = 1 - TCt / TCsize
  return(TCf)

#Función que obtiene los valores de la matriz de confusión (TP, FN, FP, TN),␣
 ↪recibe las listas de los valores predichos y los valores reales.
def calculo_error(confusion_matrix):
  FP = confusion_matrix.sum(axis=0) - np.diag(confusion_matrix)
  FN = confusion_matrix.sum(axis=1) - np.diag(confusion_matrix)
  TP = np.diag(confusion_matrix)
  TN = confusion_matrix.sum() - (FP + FN + TP)

  FP = min(FP)
  FN = min(FN)
  TP = min(TP)
  TN = min(TN)
  return (TP, FN, FP, TN)

#Funciones para calcular la tasa de clasificación (TdC), incluyendo la exactitud␣
 ↪(TdCExact), precisión (TdCPre), sensitividad o Recall (TdCSens)
#y puntaje F - beta con beta = 1, es decir, F1 (TdCF1).
def TdC(TdCTP, TdCFN, TdCFP, TdCTN):
  TdCExact = (TdCTP + TdCTN) / (TdCTP + TdCTN + TdCFP + TdCFN)
  TdCPre = TdCTP / (TdCTP + TdCFP)
  TdCSens = TdCTP / (TdCTP + TdCFN)
  TdCF1 = (2 * TdCTP) / (2 * TdCTP + TdCFP + TdCFN)
  return([TdCExact, TdCPre, TdCSens, TdCF1])

#Función para obtener las estadísticas de rendimiento, recibe las listas de los␣
 ↪valores predichos y los valores reales.
def Estadisticas(EYPred, EYreal):
  EMSE = MSE(EYPred, EYreal)
  ETC = TC(EYPred, EYreal)
  CM = confusion_matrix(EYPred, EYreal)
  ETP, EFN, EFP, ETN = calculo_error(CM)
  EExact, EPrecis, ESens, EF1 = TdC(ETP, EFN, EFP, ETN)
  Estadistica = [EMSE, ETC, EExact, EPrecis, ESens, EF1]
  return(Estadistica)
```

4.3.2 Creación de una clase propia, la cual fungirá como un árbol de decisión usando el algoritmo de ID3.

[ ]:
```
class DecisionTree_ID3():
  def Entropia(self, YE):
    YE = list(YE)
    TotalE = len(YE)
    TiposE = np.unique(YE)
    ET = 0
    for TipoE in TiposE:
      PEi = YE.count(TipoE) / TotalE
      ET -= PEi * mt.log2(PEi)
    return(ET)

  def Ganancia(self, EG, AtributoG, YG):
    AtributoGarr = AtributoG
    AtributoG = list(AtributoG)
    TotalG = len(AtributoG)
    TiposG = np.unique(AtributoG)
    GT = EG
    for TipoG in TiposG:
      posG = np.where(AtributoGarr == TipoG)[0]
      posG = np.unique(posG)
      YGSel = []
      for pG in posG:
        YGSel.append(YG[pG])
      PGi = AtributoG.count(TipoG) / TotalG
      GT -= PGi * self.Entropia(YGSel)
    return(GT)

  def PRN(self, XRN, YRN):
    SRN = self.Entropia(YRN)
    GananciasRN = []
    XRN = np.array(XRN)
    for AtributoRN in XRN.T:
      GananciasRN.append(self.Ganancia(SRN, AtributoRN, YRN))
    Rmax = max(GananciasRN)
    GananciasRN = np.array(GananciasRN)
    PosR = np.where(GananciasRN == Rmax)[0][0]
    return(PosR)

  def FDataNRes(self, XFDNR, YFDNR, RootPosFDNR, RootFDNR, LeafsFDNR):#, YGFR):
    XFDNRarr = np.array(XFDNR)
    XnewFDNR =  []
    for idxFDNR, AtribFDNR in enumerate(XFDNRarr.T):
      if idxFDNR != RootPosFDNR:
        AtribFDNR = list(AtribFDNR)
```

```
        XnewFDNR.append(AtribFDNR)
    XnewFDNR = np.array(XnewFDNR).T
    XnewFDNR = XnewFDNR.tolist()

    XOutFDNR = []
    YOutFDNR = []
    if len(XnewFDNR) != 0:
      for LeafFDNR in LeafsFDNR:
        PosLeaf = np.where(RootFDNR == LeafFDNR)[0]
        X2Add = []
        Y2Add = []
        for idxFDNR in PosLeaf:
          X2Add.append(XnewFDNR[idxFDNR])
          Y2Add.append(YFDNR[idxFDNR])
        XOutFDNR.append(X2Add)
        YOutFDNR.append(Y2Add)

    LeafResFDNR = []
    LeafStatusFDNR = []
    for YLeafFDNR in YOutFDNR:
      CounterFDNR = Counter(YLeafFDNR)
      FirstFR  = CounterFDNR.most_common(1)
      LeafResFDNR.append(FirstFR[0][0])

      if len(np.unique(YLeafFDNR)) == 1:
        LeafStatusFDNR.append(1)
      else:
        LeafStatusFDNR.append(0)
    return(XOutFDNR, YOutFDNR, LeafResFDNR, LeafStatusFDNR)

  def FindRoot(self, XFR, YFR):
    RootPosFR = self.PRN(XFR, YFR)
    XFRarr = np.array(XFR)
    Root = XFRarr.T[RootPosFR]
    LeafsFR = np.unique(Root)
    DataNRes = self.FDataNRes(XFR, YFR, RootPosFR, Root, LeafsFR)#, YGFR)
    Data4LeafXFR = DataNRes[0]
    Data4LeafYFR = DataNRes[1]
    LeafsResultsFR = DataNRes[2]
    LeafsStatusFR = DataNRes[3]
    return(RootPosFR, LeafsFR, Data4LeafXFR, Data4LeafYFR, LeafsResultsFR,␣
↪LeafsStatusFR)

  def PredDato(self, XPD, DTPD):
    ProfundidadPD = 0
    RootPD = XPD[DTPD[0][ProfundidadPD][0]]
    LeafsPD = DTPD[1][ProfundidadPD]
```

```
    NextPosPD = np.where(LeafsPD == RootPD)[0][0]
    Ypred = DTPD[4][ProfundidadPD][NextPosPD]
    while (DTPD[5][ProfundidadPD][NextPosPD] != 1):
      try:
        ProfundidadPD += 1
        RootPD = XPD[DTPD[0][ProfundidadPD][NextPosPD]]
        LeafsPD = DTPD[1][ProfundidadPD][NextPosPD]
        NextPosPD = np.where(LeafsPD == RootPD)[0][0]
        Ypred = DTPD[4][ProfundidadPD][NextPosPD]
      except:
        break
    return(Ypred)

  def fit(self, Xtrainfit, Ytrainfit):
    AtribQuantity = len(Xtrainfit.T)
    RootRes = self.FindRoot(Xtrainfit, Ytrainfit)
    RootPos = RootRes[0]
    Leafs = RootRes[1]
    Data4LeafX = RootRes[2]
    Data4LeafY = RootRes[3]
    LeafsResults = RootRes[4]
    LeafsStatus = RootRes[5]
    FinalStatus = len(np.unique(LeafsStatus))
    UsedAtrib = 1
    self.Profundidad = 0
    self.DT = [[[RootPos]], [Leafs], [Data4LeafX], [Data4LeafY], [LeafsResults],␣
↪[LeafsStatus]]
    while (UsedAtrib != AtribQuantity) and (FinalStatus != 1):
      self.Profundidad += 1
      self.DT[0].append([])
      for idx, Root in enumerate(self.DT[1][self.Profundidad-1]):
        Xtemp = self.DT[2][self.Profundidad-1][idx]
        Ytemp = self.DT[3][self.Profundidad-1][idx]
        if self.DT[5][self.Profundidad-1][idx] != 1:
          RootRes = self.FindRoot(Xtemp, Ytemp)
          RootPos = RootRes[0]
          Leafs = RootRes[1]
          Data4LeafX = RootRes[2]
          Data4LeafY = RootRes[3]
          LeafsResults = RootRes[4]
          LeafsStatus = RootRes[5]
          self.DT[0][self.Profundidad].append(RootPos)
          self.DT[1].append(Leafs)
          self.DT[2].append(Data4LeafX)
          self.DT[3].append(Data4LeafY)
          self.DT[4].append(LeafsResults)
          self.DT[5].append(LeafsStatus)
```

```
            UsedAtrib += 1
        FinalStatus = len(np.unique(self.DT[5][self.Profundidad]))

    def GetPred(self, Datos):
        Ypred = []
        for data in Datos:
            Ypred.append(self.PredDato(data, self.DT))
        return(Ypred)
```

4.4 Entrenamos un modelo con el algoritmo de KNN generado.

4.4.1 Generación de X e Y

Agregamos aleatoriedad al orden de la base de datos.

[ ]:
```
RDBNar = rd.sample(DBNar.T.tolist(), k=len(DBNar.T))
RDBNar = np.array(RDBNar).T
```

Seleccionamos el atributo para nuestro valor objetivo 'Y' y el resto 'X' como ejemplos para el entrenamiento.

[ ]:
```
X = DBNar[1:]
X = X.T
Y = DBNar[0]
```

4.4.2 Entrenamos el modelo

Haremos 5 pruebas, eligiendo K=5 para el método de K-FOLD, en este caso, 5-FOLD.

La base de datos ya se encuentra ordenada aletaoriamente, por lo tanto solo tomaremos distintas secciones para el 20% de pruebas y su respectivo 80% para netrenamiento.

[ ]:
```
Xres = X
Yres = Y

DBsize = len(Xres)
DBp = DBsize / 5
VDB = int(DBp)
CDB = int(DBp * 2)
SDB = int(DBp * 3)
ODB = int(DBp * 4)

Xtest1, Xtrain1, Ytest1, Ytrain1 = train_test_split(Xres, Yres, test_size = 0.
↪80, shuffle = False)

Xtrain2, Ytrain2 = Xres[:VDB].tolist() + Xres[CDB:].tolist(), Yres[:VDB].
↪tolist() + Yres[CDB:].tolist()
Xtrain2, Ytrain2 = np.array(Xtrain2), np.array(Ytrain2)
Xtest2, Ytest2 = Xres[VDB:CDB], Yres[VDB:CDB]
```

```
Xtrain3, Ytrain3 = Xres[:CDB].tolist() + Xres[SDB:].tolist(), Yres[:CDB].
↪tolist() + Yres[SDB:].tolist()
Xtrain3, Ytrain3 = np.array(Xtrain3), np.array(Ytrain3)
Xtest3, Ytest3 = Xres[CDB:SDB], Yres[CDB:SDB]

Xtrain4, Ytrain4 = Xres[:SDB].tolist() + Xres[ODB:].tolist(), Yres[:SDB].
↪tolist() + Yres[ODB:].tolist()
Xtrain4, Ytrain4 = np.array(Xtrain4), np.array(Ytrain4)
Xtest4, Ytest4 = Xres[SDB:ODB], Yres[SDB:ODB]

Xtrain5, Xtest5, Ytrain5, Ytest5 = train_test_split(Xres, Yres, test_size = 0.
↪20, shuffle = False)
```

Entrenamos con KNN cada uno de los 5 grupos de datos Nota: Es posible elegir qué métrica ('MSE', 'TdC', 'Exactitud', 'Precision', 'Recall' o 'F1') tomar como referencia, en este caso se elige 'Precision'.

[ ]:
```
model1 = DecisionTree_ID3()
model1.fit(Xtrain1, Ytrain1)

model2 = DecisionTree_ID3()
model2.fit(Xtrain2, Ytrain2)

model3 = DecisionTree_ID3()
model3.fit(Xtrain3, Ytrain3)

model4 = DecisionTree_ID3()
model4.fit(Xtrain4, Ytrain4)

model5 = DecisionTree_ID3()
model5.fit(Xtrain5, Ytrain5)
```

Determinamos las predicciones de cada modelo.

[ ]:
```
Ymodel1Pred = model1.GetPred(Xtest1)
TasCla1 = TC(Ymodel1Pred, Ytest1)

Ymodel2Pred = model2.GetPred(Xtest2)
TasCla2 = TC(Ymodel2Pred, Ytest2)

Ymodel3Pred = model3.GetPred(Xtest3)
TasCla3 = TC(Ymodel3Pred, Ytest3)

Ymodel4Pred = model4.GetPred(Xtest4)
TasCla4 = TC(Ymodel4Pred, Ytest4)

Ymodel5Pred = model5.GetPred(Xtest5)
```

```
TasCla5 = TC(Ymodel5Pred, Ytest5)

StadisticFin = (TasCla1 + TasCla2 + TasCla3 + TasCla4 + TasCla5) / 5
```

[ ]:
```
print('Tasa de clasificación de la prueba 1 =', str(TasCla1) + '.')
print('Tasa de clasificación de la prueba 2 =', str(TasCla2) + '.')
print('Tasa de clasificación de la prueba 3 =', str(TasCla3) + '.')
print('Tasa de clasificación de la prueba 4 =', str(TasCla4) + '.')
print('Tasa de clasificación de la prueba 5 =', str(TasCla5) + '.')
print('Precisión final =', str(StadisticFin) + '.')
```

```
Tasa de clasificación de la prueba 1 = 1.0.
Tasa de clasificación de la prueba 2 = 1.0.
Tasa de clasificación de la prueba 3 = 0.9938461538461538.
Tasa de clasificación de la prueba 4 = 0.9372307692307692.
Tasa de clasificación de la prueba 5 = 0.9950769230769231.
Precisión final = 0.9852307692307694.
```

4.5 Evaluamos el modelo

4.5.1 Analizamos métricas de evaluación

Tranformamos los datos de las etiquetas a enteros.

[ ]:
```
Yt1 = []
for Ytt1 in Ytest1:
  Yt1.append(int(Ytt1*100))

Yt2 = []
for Ytt2 in Ytest2:
  Yt2.append(int(Ytt2*100))

Yt3 = []
for Ytt3 in Ytest3:
  Yt3.append(int(Ytt3*100))

Yt4 = []
for Ytt4 in Ytest4:
  Yt4.append(int(Ytt4*100))

Yt5 = []
for Ytt5 in Ytest5:
  Yt5.append(int(Ytt5*100))

Ytp1 = []
for Yttp1 in Ymodel1Pred:
  Ytp1.append(int(Yttp1*100))
```

```
Ytp2 = []
for Yttp2 in Ymodel2Pred:
  Ytp2.append(int(Yttp2*100))

Ytp3 = []
for Yttp3 in Ymodel3Pred:
  Ytp3.append(int(Yttp3*100))

Ytp4 = []
for Yttp4 in Ymodel4Pred:
  Ytp4.append(int(Yttp4*100))

Ytp5 = []
for Yttp5 in Ymodel5Pred:
  Ytp5.append(int(Yttp5*100))

print(len(Yt1))
print(len(Ytp2))
```

```
1624
1625
```

Generamos la tabla de métricas.

[ ]:
```
from tabulate import tabulate

ModelStatistics = Estadisticas(Ytp1, Yt1)

STable = [ ['MSE', str(ModelStatistics[0])],
     ['Tasa de clasificación', str(ModelStatistics[1])],
     ['Exactitud', str(ModelStatistics[2])],
     ['Precisión', str(ModelStatistics[3])],
     ['Recall', str(ModelStatistics[4])],
     ['F1', str(ModelStatistics[5])] ]

print(tabulate(STable, headers = ['Métrica modelo 1', 'Valor'],␣
 ↪tablefmt="presto"))

ModelStatistics = Estadisticas(Ytp2, Yt2)

STable = [ ['MSE', str(ModelStatistics[0])],
     ['Tasa de clasificación', str(ModelStatistics[1])],
     ['Exactitud', str(ModelStatistics[2])],
     ['Precisión', str(ModelStatistics[3])],
     ['Recall', str(ModelStatistics[4])],
     ['F1', str(ModelStatistics[5])] ]
```

```
print(tabulate(STable, headers = ['Métrica modelo 2', 'Valor'],␣
 ↪tablefmt="presto"))

ModelStatistics = Estadisticas(Ytp3, Yt3)

STable = [ ['MSE', str(ModelStatistics[0])],
     ['Tasa de clasificación', str(ModelStatistics[1])],
     ['Exactitud', str(ModelStatistics[2])],
     ['Precisión', str(ModelStatistics[3])],
     ['Recall', str(ModelStatistics[4])],
     ['F1', str(ModelStatistics[5])] ]

print(tabulate(STable, headers = ['Métrica modelo 3', 'Valor'],␣
 ↪tablefmt="presto"))

ModelStatistics = Estadisticas(Ytp4, Yt4)

STable = [ ['MSE', str(ModelStatistics[0])],
     ['Tasa de clasificación', str(ModelStatistics[1])],
     ['Exactitud', str(ModelStatistics[2])],
     ['Precisión', str(ModelStatistics[3])],
     ['Recall', str(ModelStatistics[4])],
     ['F1', str(ModelStatistics[5])] ]

print(tabulate(STable, headers = ['Métrica modelo 4', 'Valor'],␣
 ↪tablefmt="presto"))

ModelStatistics = Estadisticas(Ytp5, Yt5)

STable = [ ['MSE', str(ModelStatistics[0])],
     ['Tasa de clasificación', str(ModelStatistics[1])],
     ['Exactitud', str(ModelStatistics[2])],
     ['Precisión', str(ModelStatistics[3])],
     ['Recall', str(ModelStatistics[4])],
     ['F1', str(ModelStatistics[5])] ]

print(tabulate(STable, headers = ['Métrica modelo 5', 'Valor'],␣
 ↪tablefmt="presto"))
```

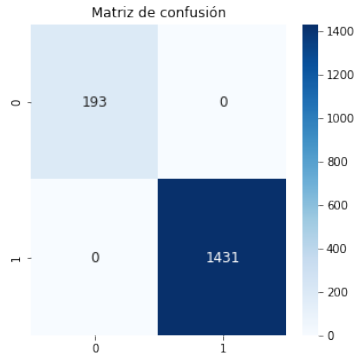
```
 Métrica modelo 1      |   Valor
-----------------------+---------
 MSE                   |       0
 Tasa de clasificación |       1
 Exactitud             |       1
 Precisión             |       1
 Recall                |       1
 F1                    |       1
 Métrica modelo 2      |   Valor
-----------------------+---------
 MSE                   |       0
 Tasa de clasificación |       1
 Exactitud             |       1
 Precisión             |       1
 Recall                |       1
 F1                    |       1
 Métrica modelo 3      |      Valor
-----------------------+------------
 MSE                   | 0.00615385
 Tasa de clasificación | 0.993846
 Exactitud             | 1
 Precisión             | 1
 Recall                | 1
 F1                    | 1
 Métrica modelo 4      |     Valor
-----------------------+-----------
 MSE                   | 0.0627692
 Tasa de clasificación | 0.937231
 Exactitud             | 1
 Precisión             | 1
 Recall                | 1
 F1                    | 1
 Métrica modelo 5      |      Valor
-----------------------+------------
 MSE                   | 0.00492308
 Tasa de clasificación | 0.995077
 Exactitud             | 1
 Precisión             | 1
 Recall                | 1
 F1                    | 1
```

Obtenemos la matriz de confusión de los datos de validación.

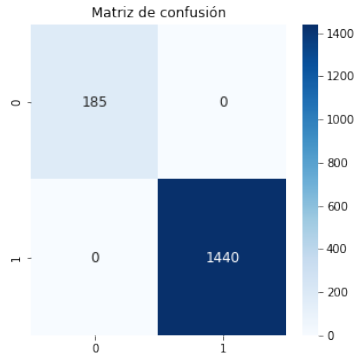
[ ]:
```python
def confusionMatrix(y_data_test, y_pred_test, titleChart, columns):
  cm = confusion_matrix(y_data_test, y_pred_test)
  cm=pd.DataFrame(cm, index=columns, columns=columns)
  plt.figure(figsize = (5,5))
  plt.title(titleChart)
  sns.heatmap(cm, annot = True,fmt="d", cmap='Blues' ,annot_kws={"size": 12})
  plt.show()

print('Matriz de confusión de la prueba 1\n')
confusionMatrix(Ytp1, Yt1, 'Matriz de confusión', list(np.
 ↪unique(DB_STAY['class'])))
print('\n\nMatriz de confusión de la prueba 2\n')
confusionMatrix(Ytp2, Yt2, 'Matriz de confusión', list(np.
 ↪unique(DB_STAY['class'])))
print('\n\nMatriz de confusión de la prueba 3\n')
confusionMatrix(Ytp3, Yt3, 'Matriz de confusión', list(np.
 ↪unique(DB_STAY['class'])))
print('\n\nMatriz de confusión de la prueba 4\n')
confusionMatrix(Ytp4, Yt4, 'Matriz de confusión', list(np.
 ↪unique(DB_STAY['class'])))
print('\n\nMatriz de confusión de la prueba 5\n')
confusionMatrix(Ytp5, Yt5, 'Matriz de confusión', list(np.
 ↪unique(DB_STAY['class'])))
```

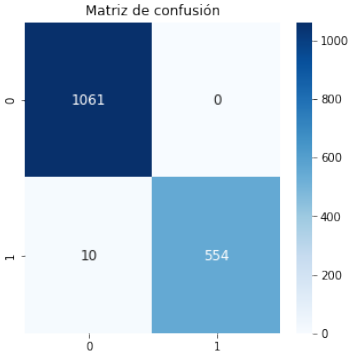
Matriz de confusión de la prueba 1



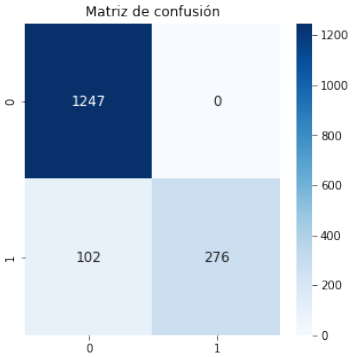
Matriz de confusión de la prueba 2



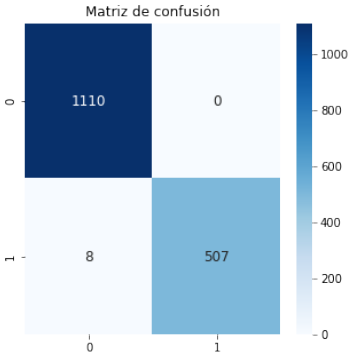
Matriz de confusión de la prueba 3



Matriz de confusión de la prueba 4



Matriz de confusión de la prueba 5



Finalmente, usaremos el intervalo de confianza Z para obtener los valores entre los que se encontraría la tasa de clasificación global.

[ ]:
```
def media(Nums):
  n = len(Nums)
  Suma = 0
  for Num in Nums:
    Suma += Num
  ResM = Suma/n
  return(ResM)

def DesvEst(Nums):
  n = len(Nums)
  med = media(Nums)
  Suma = 0
  for Num in Nums:
    Suma += (Num - med)**2
  ResDE = (Suma / n)**0.5
  return(ResDE)

Cant_Pruebas = 50
TCs = []
for n in range(Cant_Pruebas):
  model = DecisionTree_ID3()
  model.fit(Xtrain1, Ytrain1)
  YmodelPred = model.GetPred(Xtest1)
  TasCla = TC(YmodelPred, Ytest1)
  TCs.append(TasCla)

MediaTC = media(TCs)
DesvEstTC = DesvEst(TCs)

Z = 1.96

RangoError = Z*(DesvEstTC/(Cant_Pruebas)**0.5)

print('Elegimos un valor de Z = 1.96 para un intervalo de confianza de 95%,␣
 ↪logrando así un valor global de tasa de clasifciacion =', str(round(MediaTC,␣
 ↪4)), ' y un intervalo de confianza de', str(RangoError) + '.')
print('\nLo anterior quiere decir, que el valor real de Tasa de clasificación␣
 ↪está entre', str(MediaTC - RangoError), 'y', str(MediaTC + RangoError) + '.')
```

```
Elegimos un valor de Z = 1.96 para un intervalo de confianza de 95%, logrando
así un valor global de tasa de clasifciacion = 1.0  y un intervalo de confianza
de 0.0.

Lo anterior quiere decir, que el valor real de Tasa de clasificación está entre
1.0 y 1.0.
```

5 Conclusión

En base a lo analizado en la base de datos, se logró hacer un correcto 'preprocesamiento', para solamente utilizar los atributos que son de relevancia, además, el análisis de los tipos de datos permitió escoger correctamente el tipo de algoritmo a utilizar para la clasificación. Es necesario mencionar que el hecho de que las clases de la base de datos utilizada sea binaria facilita la clasificación.

También se puede destacar que el hecho de tener un intervalo de confianza de 1, de acuerdo a los resultados, confirma que las métricas obtenidas son verdaderas.

Finalmente, la presencia de una representación gráfica de la clase creada para árboles de decisión es necesaria para una mejor representación de resultados, por lo que se agrega como alcances en este proyecto.

6 Referencias

[1] 1.10. Decision Trees. (s. f.). scikit-learn. Recuperado 10 de junio de 2022, de https://scikit-learn/stable/modules/tree.html

[2] Bhardwaj, R., & Vatta, S. (2013). Implementation of ID3 algorithm. International Journal of Advanced Research in Computer Science and Software Engineering, 3(6).

[3] Carrillo, L. (2003). Los hongos de los alimentos y forrajes. Universidad Nacional de Salta, Argentina, 118, 20.

[4] Intervalo de Confianza. (s. f.). Disfrutalasmatematicas.com. Recuperado 10 de junio de 2022, de http://www.disfrutalasmatematicas.com/datos/intervalo-confianza.html

[5] M. A. Aceves Fernández, Inteligencia Artificial para programadores con prisa. UNIVERSO de LETRAS, 2021.

[6] Quinlan, J. R. (1996). Learning decision tree classifiers. ACM Computing Surveys (CSUR), 28(1), 71-72.

[7] UCI Machine Learning. (s. f.). Mushroom Classification [Data set].

[8] W. Navidi, Estadística para ingenieros. México: Mc Graw Hill, 2006.