

UNIVERSIDAD PRIVADA ANTENOR ORREGO

FACULTAD DE INGENIERÍA

**PROGRAMA DE ESTUDIO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E
INTELIGENCIA ARTIFICIAL**



**“RECONOCIMIENTO Y CLASIFICACIÓN DE ENFERMEDADES DE LA PIEL
MEDIANTE REDES NEURONALES”**

Docente:

- Sagastegui Chigne, Teobaldo Hernán.

Integrantes:

- Chavez Acevedo, Leonardo.
- Ruiz Tulumba, Bryan.
- Reyes Figueroa, Brandon.
- Solar Beltran, Joan.
- Silvestre Miguel, Alex
- Terrones Llamo, Jan.
- Vilca Jimenez, Juan Carlos.

ÍNDICE

1. Introducción.....	3
1.1 Título del Proyecto.....	3
1.2 Antecedentes.....	3
1.3. Problema al resolver.....	4
1.4. Objetivos.....	4
1.4.1 General.....	4
1.4.2 Específicos.....	4
2. Requerimientos.....	5
2.1 Definición de Dominio.....	5
2.2 Determinación de Requisitos.....	5
2.2.1 Requisitos Funcionales.....	5
2.2.2 Requisitos no Funcionales.....	5
3. Planteamiento del Data-Set.....	6
3.1 Medidas, Datos, Bases de Datos y Elaboración del Data-Set.....	6
3.2. Normalización y/o filtrado de datos.....	9
3.3 Planteamiento del Data-Set.....	11
3.3.1 Data-Set de entrenamiento.....	11
3.3.2 Data-Set de pruebas.....	13
3.3.3 Set de validación por “Cross-Validation”	14
4. Aprendizaje del modelo del sistema.....	16
4.1. Planteamiento del Modelo de Aprendizaje.....	16
4.2. Desarrollo e Implementación del Modelo.....	17
5. Comprobación y Despliegue (Deploy) del sistema.....	35
5.1. Aplicación al Modelo: uso del Data-Set de Entrenamiento y de Prueba.....	35
Descripción del modelo.....	35
División de los datos.....	36
Resultados obtenidos.....	36
Análisis de Resultados.....	38
Resumen General del Desempeño.....	39
Matriz de Confusión.....	41
5.2 Ejecución y Pruebas del Modelo.....	42
5.3 Ejecución de la validación del Modelo.....	42
5.4 Deploy del APP o Web del Sistema de Predicción, de Clasificación, de Segmentación o Asociación.....	42
6. Referencias.....	42

1. Introducción

1.1 Título del Proyecto

RECONOCIMIENTO Y CLASIFICACIÓN DE ENFERMEDADES DE LA PIEL
MEDIANTE REDES NEURONALES

1.2 Antecedentes

Autores

- Junayed, Masum
- Sadeghzadeh, Arezoo
- Islam, Baharul

Impacto global de las enfermedades cutáneas

Las enfermedades de la piel afectan a más del 20% de la población mundial. Solo en EE.UU., se reportan más de 178,000 casos de melanoma al año, con más de 9,000 muertes, lo que convierte al diagnóstico temprano en un objetivo crítico.

Limitaciones del diagnóstico tradicional

El diagnóstico clínico se basa en la inspección visual con solo la imagen. Estudios han demostrado que los dermatólogos tienen una precisión inferior al 70% para ciertas lesiones como el carcinoma basocelular (BCC) o el melanoma.

Casos reales de éxito con IA

Se han desarrollado múltiples sistemas exitosos usando Machine Learning y Deep Learning:

- **SKNet (2020):** Una red convolucional entrenada específicamente para clasificar tipos de cáncer de piel con resultados prometedores.
- **Melanoma Challenge – ISIC 2018:** Competencia internacional que reunió a investigadores para entrenar modelos DL sobre el dataset HAM10000, logrando modelos con hasta 84% de precisión.

- **EczemaNet (2020):** Un sistema basado en CNN para diagnosticar diferentes tipos de eczema.

Aplicaciones reales en salud pública

El acceso limitado a dermatólogos (hasta 32 días de espera en países desarrollados) ha motivado la implementación de sistemas de diagnóstico automático en áreas rurales y países en desarrollo.

1.3. Problema al resolver

- La recolección y preparación de un conjunto de datos balanceado, limpio y correctamente etiquetado, que permita entrenar un modelo de reconocimiento con mayor precisión.
- Dificultad para identificar y clasificar con precisión las enfermedades de la piel debido a que muchas tienen síntomas similares, lo que complica el diagnóstico diferencial, incluso por expertos.
- Necesidad de desarrollar un modelo que pueda generalizar bien y reconocer nuevas condiciones o variaciones de enfermedades que no fueron incluidas en el conjunto de entrenamiento.

1.4. Objetivos

1.4.1 General

Desarrollar un modelo de reconocimiento y clasificación de enfermedades de la piel mediante el uso de redes neuronales, con el fin de asistir en el diagnóstico médico y mejorar la precisión y rapidez en la identificación de afecciones a la piel.

1.4.2 Específicos

- Obtener y preprocesar un conjunto de datos balanceado, limpio y correctamente etiquetado.
- Desarrollar un modelo de clasificación que permita identificar y diferenciar con precisión las enfermedades de la piel.

- Evaluar el modelo mediante técnicas de validación cruzada para garantizar su capacidad de generalización y su rendimiento frente a nuevos casos clínicos.

2. Requerimientos

2.1 Definición de Dominio

El proyecto se ubica en el dominio de la inteligencia artificial aplicada a la salud, con foco en el uso de redes neuronales profundas para diagnóstico dermatológico automatizado. Se busca construir un sistema que asista en el diagnóstico automatizado de enfermedades de la piel, empleando datos estructurados extraídos de observaciones clínicas e informes histopatológicos (nuestro data-set).

2.2 Determinación de Requisitos

2.2.1 Requisitos Funcionales

- El sistema debe permitir cargar archivos con datos clínicos estructurados.
- El sistema debe incluir un módulo de preprocesamiento que gestione valores faltantes, normalice atributos y etiquete adecuadamente las clases.
- El sistema debe entrenar un modelo supervisado para predecir la clase de enfermedad dermatológica.
- El sistema debe permitir visualizar los resultados en gráficos simples (como barras o tortas) que muestren la distribución de predicciones y métricas de rendimiento.
- El sistema debe permitir exportar los reportes de resultados en formatos estándar (como PDF o CSV) para su uso académico o clínico.

2.2.2 Requisitos no Funcionales

- El sistema debe realizar una validación cruzada interna (como k-fold cross-validation) para evaluar la consistencia y calidad del modelo.

- El sistema debe procesar los datos de entrada en un tiempo razonable (menos de 5 segundos por registro para predicción individual).
- El sistema debe ser modular, facilitando la actualización o sustitución de algoritmos de clasificación.
- El sistema debe proteger la confidencialidad de los datos médicos utilizados, evitando filtraciones o accesos no autorizados.
- El sistema debe ser robusto y permitir su ejecución continua con al menos un 95% de disponibilidad, especialmente si se implementa en entornos de prueba reales.

3. Planteamiento del Data-Set

3.1 Medidas, Datos, Bases de Datos y Elaboración del Data-Set

Este proyecto emplea un enfoque de aprendizaje supervisado, en el cual la variable objetivo es la enfermedad dermatológica, categorizada en distintas clases nominales. Cada instancia representa a un paciente descrito mediante características clínicas e histopatológicas asociadas a su diagnóstico dermatológico.

- **Fuente del Data-Set:** El conjunto de datos fue obtenido del repositorio de aprendizaje automático de la Universidad de California en Irvine (UCI Machine Learning Repository), específicamente del siguiente enlace:

<https://archive.ics.uci.edu/dataset/33/dermatology>

- **Características**

- **Etiquetas de clase**

Respecto a atributos clínicos se tienen: erythema, scaling, definite borders, itching, koebner phenomenon, polygonal papules, follicular papules, oral mucosal involvement, knee and elbow involvement, scalp involvement, family history, (0 or 1), Age (linear).

Por otro lado, los aspectos histopatológicos son: melanin incontinence, eosinophils in the infiltrate, PNL infiltrate, fibrosis of the papillary

dermis, exocytosis, acanthosis, hyperkeratosis, parakeratosis, clubbing of the rete ridges, elongation of the rete ridges, thinning of the suprapapillary epidermis, spongiform pustule, munro microabcess, focal hypergranulosis, disappearance of the granular layer, vacuolisation and damage of basal layer, spongiosis, saw-tooth appearance of retes, follicular horn plug, perifollicular parakeratosis, inflammatory monoluclear infiltrate, band-like infiltrate.

- **Elaboración del Data-Set**

- Todos los atributos están representados como valores numéricos enteros (0–3), excepto la edad (valor continuo) y la clase (nominal).
- Se han organizado y establecido 34 atributos, 33 de los cuales son lineales valorados y uno de ellos es nominal.

TABLA DE VALORES

Skin Disease

- **Classification Dataset**

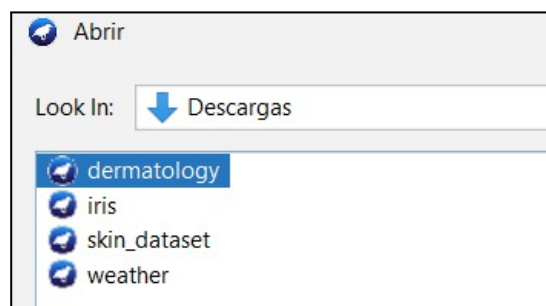
Nombre de la Variable	Rol	Tipo	Demográfico	Valor Faltante
Erythema	Feature	Integer	-	No
Scaling	Feature	Integer	-	No
Definite-Borders	Feature	Integer	-	No
Itching	Feature	Integer	-	No
Koebner Phenomenon	Feature	Integer	-	No
Polygonal Papules	Feature	Integer	-	No
Follicular Papules	Feature	Integer	-	No
Oral-Mucosal	Feature	Integer	-	No

Involvement				
Knee Elbow Involvement	Feature	Integer	-	No
Scalp Involvement	Feature	Integer	-	No
Family History	Feature	Integer	-	No
Melanin Incontinence	Feature	Integer	-	No
Eosinophils in the infiltrate	Feature	Integer	-	No
Pnl infiltrate	Feature	Integer	-	No
Fibrosis of the papillary dermis	Feature	Integer	-	No
Exocytosis	Feature	Integer	-	No
Acanthosis	Feature	Integer	-	No
Hyperkeratosis	Feature	Integer	-	No
Parakeratosis	Feature	Integer	-	No
Clubbing of the rete ridges	Feature	Integer	-	No
Elongation of the rete ridges	Feature	Integer	-	No
Thinning of the suprapapillary epidermis	Feature	Integer	-	No
Spongiform pustule	Feature	Integer	-	No
Munro microabcess	Feature	Integer	-	No
Focal hypergranulosis	Feature	Integer	-	No
Disappearance of the granular layer	Feature	Integer	-	No
Vacuolistaion	Feature	Integer	-	No

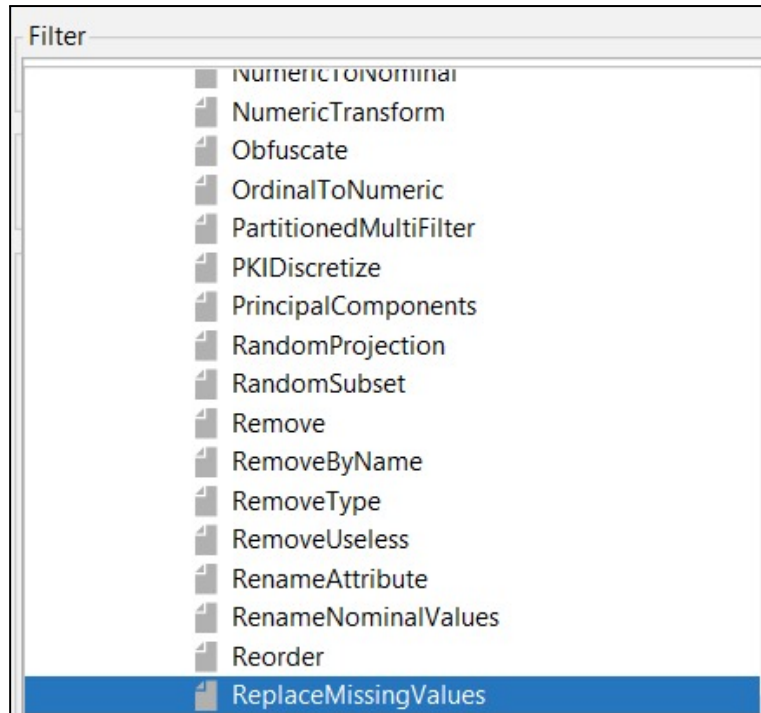
and damage of the basal bayer				
Spongiosis	Feature	Integer	-	No
Saw-Tooth appearance of retes	Feature	Integer	-	No
Follicular horn plug	Feature	Integer	-	No
Perifollicular parakeratosis	Feature	Integer	-	No
Inflammatory monoluclear infiltrate	Feature	Integer	-	No
Band-Like infiltrate	Feature	Integer	-	No
Age	Feature	Integer	Age	Yes
Class	Target	Integer	-	No

3.2. Normalización y/o filtrado de datos

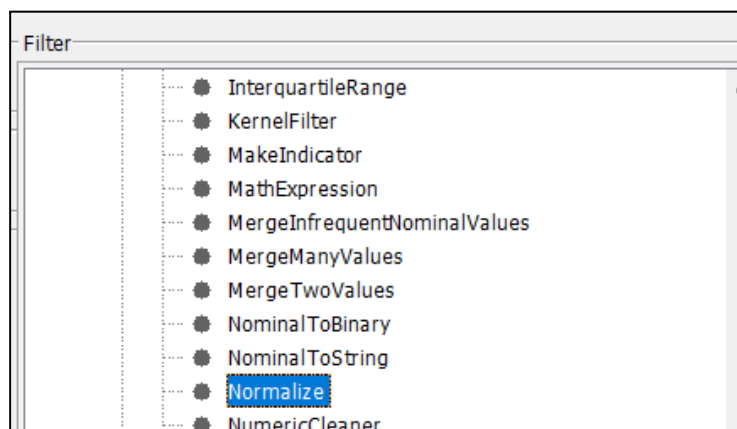
- **Paso 1:** Seleccionar el data set.



- **Paso 2:** El filtro ReplaceMissingValues sustituye los valores faltantes en el dataset, los cuales en este caso se presentan especialmente en el atributo relacionado con la edad. J48 puede manejar valores faltantes en cierta medida, pero imputarlos (rellenarlos) mejora la calidad de los datos y evita posibles sesgos.



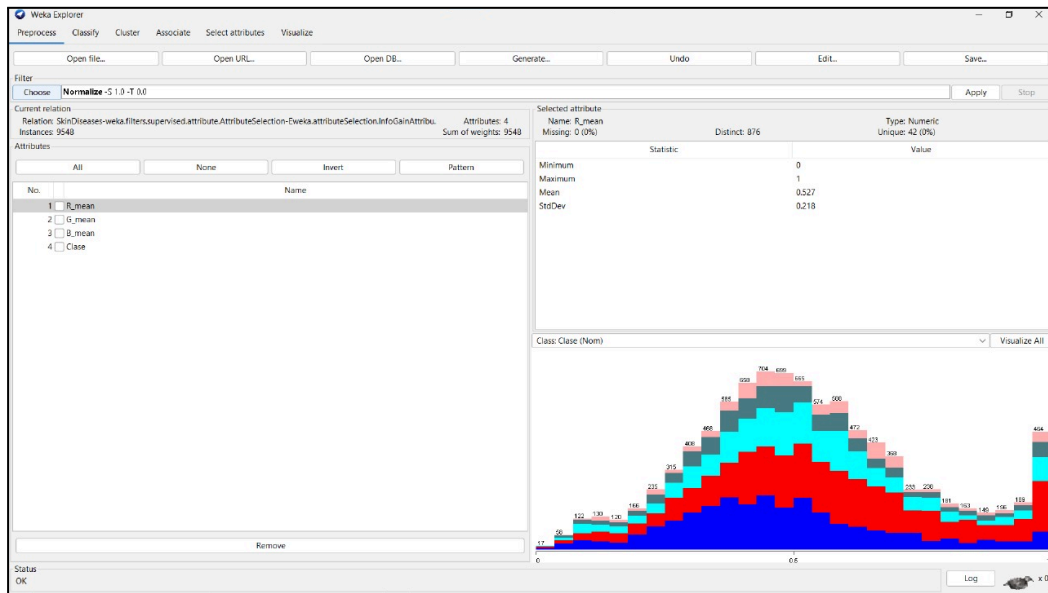
- **Paso 3:** El filtro Normalize reescala los atributos numéricos (por ejemplo, a un rango de 0 a 1). Aunque el algoritmo J48 no se ve muy afectado por escalas, normalizar puede ser útil si piensas usar otros algoritmos más sensibles a la magnitud de los valores



3.3 Planteamiento del Data-Set

3.3.1 Data-Set de entrenamiento

Una vez cargado el archivo, verificaremos si es necesario realizar algún preprocesamiento en los datos, como eliminar atributos innecesarios, manejar valores faltantes o aplicar normalización.



Nos dirigimos al apartado de Classify, escogemos el clasificador J48, luego la opción Percentage Split y le asignamos 70%.

The screenshot shows the Weka Classifier dialog box. The 'Classifier' section shows 'J48 -C 0.25 -M 2' selected. The 'Test options' section has 'Percentage split' selected with a value of 70%. The 'More options...' button is visible. The 'Start' and 'Stop' buttons are at the bottom.

Finalmente hacemos la prueba el modelo clicando en “Start”

Correctly Classified Instances	359	98.0874 %							
Incorrectly Classified Instances	7	1.9126 %							
Kappa statistic	0.9761								
Mean absolute error	0.0122								
Root mean squared error	0.0782								
Relative absolute error	4.5918 %								
Root relative squared error	21.4359 %								
Total Number of Instances	366								
=== Detailed Accuracy By Class ===									
	TP Rate	FP Rate	Precision	Recall	F-Measure	MCC	ROC Area	PRC Area	Class
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1
	0.967	0.010	0.952	0.967	0.959	0.951	0.992	0.940	2
	0.972	0.000	1.000	0.972	0.986	0.983	0.996	0.987	3
	0.939	0.006	0.958	0.939	0.948	0.941	0.991	0.932	4
	1.000	0.003	0.981	1.000	0.990	0.989	0.998	0.981	5
	1.000	0.003	0.952	1.000	0.976	0.974	0.999	0.952	6
Weighted Avg.	0.981	0.003	0.981	0.981	0.981	0.978	0.996	0.973	
=== Confusion Matrix ===									
a	b	c	d	e	f	<-- classified as			
112	0	0	0	0	0		a = 1		
0	59	0	1	0	1		b = 2		
0	0	70	1	1	0		c = 3		
0	3	0	46	0	0		d = 4		
0	0	0	0	52	0		e = 5		
0	0	0	0	0	20		f = 6		

Interpretación de los resultados

El modelo J48 entrenado con el conjunto completo de datos (Use Training Set) sobre el dataset de dermatología muestra un rendimiento excelente, alcanzando una precisión del 98.09% con solo 7 instancias mal clasificadas de un total de 366. Las métricas de desempeño por clase, como la tasa verdadera positiva (TP Rate), precisión, recall y F-Measure, son consistentemente altas en todas las clases, especialmente en las clases 1, 5 y 6 donde se logró una clasificación perfecta. Además, el valor del estadístico Kappa (0.9761) indica un fuerte acuerdo entre las predicciones del modelo y las clases reales, y los errores absolutos y cuadrados son bajos, lo cual sugiere una buena capacidad de ajuste.

Sin embargo, estos resultados fueron obtenidos usando el mismo conjunto de datos para entrenamiento y evaluación, lo cual puede llevar a un sobreajuste (overfitting), es decir, que el modelo funcione muy bien con los datos vistos pero no necesariamente generalice bien a datos nuevos. Para obtener una evaluación más realista de su desempeño, se recomienda validar el modelo utilizando métodos como validación cruzada (por ejemplo, 10-fold

cross-validation) o un porcentaje de división entre entrenamiento y prueba, que eso lo veremos en el siguiente apartado.

3.3.2 Data-Set de pruebas

- **Data-Set: Dermatology**

Classifier

Choose J48 -C 0.25 -M 2

Test options

☐ Use training set

☐ Supplied test set Set...

☐ Cross-validation Folds

☒ Percentage split %

More options...

- **Ejecutamos y los resultados serían**

```

=== Summary ===

Correctly Classified Instances      103                93.6364 %
Incorrectly Classified Instances     7                 6.3636 %
Kappa statistic                    0.919
Mean absolute error                 0.0277
Root mean squared error             0.1446
Relative absolute error             10.4061 %
Root relative squared error         39.6617 %
Total Number of Instances          110

=== Detailed Accuracy By Class ===

      TP Rate  FP Rate  Precision  Recall   F-Measure  MCC      ROC Area  PRC Area  Class
      0.972   0.068   0.875    0.972   0.921     0.882    0.952    0.860     1
      0.833   0.011   0.938    0.833   0.882     0.863    0.931    0.823     2
      1.000   0.011   0.955    1.000   0.977     0.972    0.994    0.955     3
      0.824   0.000   1.000    0.824   0.903     0.893    0.927    0.871     4
      1.000   0.000   1.000    1.000   1.000     1.000    1.000    1.000     5
      1.000   0.000   1.000    1.000   1.000     1.000    1.000    1.000     6
Weighted Avg.   0.936   0.026   0.940    0.936   0.936     0.917    0.961    0.897

=== Confusion Matrix ===

  a  b  c  d  e  f  <-- classified as
35  0  1  0  0  0 |  a = 1
 3 15  0  0  0  0 |  b = 2
 0  0 21  0  0  0 |  c = 3
 2  1  0 14  0  0 |  d = 4
 0  0  0  0 11  0 |  e = 5
 0  0  0  0  0  7 |  f = 6

```

Interpretación de los resultados

En el análisis realizado sobre el dataset "dermatology" utilizando el clasificador J48, los resultados obtenidos muestran que el modelo ha clasificado correctamente el 93.64% de las instancias, lo que indica una alta precisión en la clasificación. Solo el 6.36% de las instancias fueron clasificadas incorrectamente, lo que sugiere un buen desempeño general del modelo.

Al desglosar la precisión por clase, observamos que las clases con mayor rendimiento tienen tasas de precisión y recall cercanas a 1.000, especialmente en las clases correspondientes a los valores "5" y "6". Estas clases presentan un rendimiento casi perfecto, con una tasa de verdaderos positivos (TP Rate) de 1.000, lo que indica que el modelo ha identificado correctamente todas las instancias de estas clases. La mayor parte de las instancias fueron correctamente clasificadas, pero algunos errores ocurren entre las clases "1", "2", "3" y "4". Esto sugiere que las clases "1", "2" y "4", tienen algunas confusiones en cuanto a cómo son identificadas por el modelo. A pesar de estos errores, las clases "3", "5" y "6" fueron clasificadas correctamente sin ningún error.

3.3.3 Set de validación por "Cross-Validation"

- Validación cruzada

The image shows a 'Test options' dialog box with the following settings:

- ☐ Use training set
- ☐ Supplied test set (with a 'Set...' button)
- ☒ Cross-validation (with 'Folds' set to 10)
- ☐ Percentage split (with '%' set to 70)
-

Below the dialog box, there is a dropdown menu labeled '(Nom) Clase' and two buttons: 'Start' and 'Stop'.

- Ejecutamos el modelo

```

=== Summary ===

Correctly Classified Instances      351          95.9016 %
Incorrectly Classified Instances    15           4.0984 %
Kappa statistic                    0.9488
Mean absolute error                 0.0189
Root mean squared error             0.1163
Relative absolute error             7.1108 %
Root relative squared error        31.8589 %
Total Number of Instances          366

=== Detailed Accuracy By Class ===

      TP Rate  FP Rate  Precision  Recall  F-Measure  MCC      ROC Area  PRC Area  Class
      0.982   0.000   1.000    0.982   0.991     0.987   0.991    0.988    1
      0.951   0.016   0.921    0.951   0.935     0.923   0.958    0.849    2
      0.931   0.010   0.957    0.931   0.944     0.930   0.957    0.916    3
      0.918   0.016   0.900    0.918   0.909     0.895   0.966    0.814    4
      1.000   0.003   0.981    1.000   0.990     0.989   0.998    0.973    5
      0.950   0.003   0.950    0.950   0.950     0.947   0.972    0.877    6
Weighted Avg.  0.959   0.007   0.960    0.959   0.959     0.951   0.975    0.919

=== Confusion Matrix ===

  a  b  c  d  e  f  <-- classified as
110  1  1  0  0  0 |  a = 1
  0 58  1  1  0  1 |  b = 2
  0  0 67  4  1  0 |  c = 3
  0  3  1 45  0  0 |  d = 4
  0  0  0  0 52  0 |  e = 5
  0  1  0  0  0 19 |  f = 6

```

Interpretación de los resultados

El modelo J48 evaluado mediante validación cruzada sobre el dataset de dermatología alcanzó una precisión del 95.90%, clasificando correctamente 351 de las 366 instancias, lo cual sigue siendo un resultado excelente. El estadístico Kappa de 0.9488 indica un alto nivel de acuerdo entre las predicciones y las clases reales. Aunque el rendimiento es ligeramente inferior al obtenido con el conjunto de entrenamiento completo, este escenario refleja mejor la capacidad de generalización del modelo. Las métricas promedio como la precisión, recall y F-Measure rondan el 95-96%, lo que sugiere un modelo robusto y bien balanceado entre clases.

En cuanto al rendimiento por clase, todas las clases presentan valores altos de precisión y recall, destacándose especialmente las clases 1 y 5 con resultados cercanos a la perfección. Las clases con menor desempeño relativo (como la clase 4) aún mantienen métricas sólidas

(F-Measure de 0.909), y las áreas bajo la curva ROC también son elevadas, lo cual indica una buena separabilidad de clases. En resumen, el modelo no solo se comporta bien sobre los datos conocidos, sino que también demuestra una fuerte capacidad predictiva en escenarios realistas gracias a la validación cruzada.

4. Aprendizaje del modelo del sistema

4.1. Planteamiento del Modelo de Aprendizaje

- **Objetivo**

Reconocer y clasificar enfermedades de la piel con base en características clínicas y patológicas.

- **Tipo de Aprendizaje**

Supervisado, ya que el dataset contiene una columna denominada 'class' que indica la enfermedad diagnosticada, por lo que el modelo es entrenado para predecir esa clase a partir de los demás atributos.

- **Clasificación**

- **Atributo objetivo (clase)**

class: Representa el tipo de enfermedad dermatológica diagnosticada. Puede tomar uno de los siguientes valores numéricos, cada uno representa una enfermedad:

1 = psoriasis.

2 = seborreic dermatitis.

3 = lichen planus.

4 = pityriasis rosea.

5 = chronic dermatitis.

6 = pityriasis rubra pilaris.

- Número de instancias: 366

- Número de atributos: 34 atributos predictivos + 1 atributo de clase (total: 35 columnas)
- Valores faltantes: En el atributo age, que contiene algunos.

- **Algoritmos candidatos en WEKA**

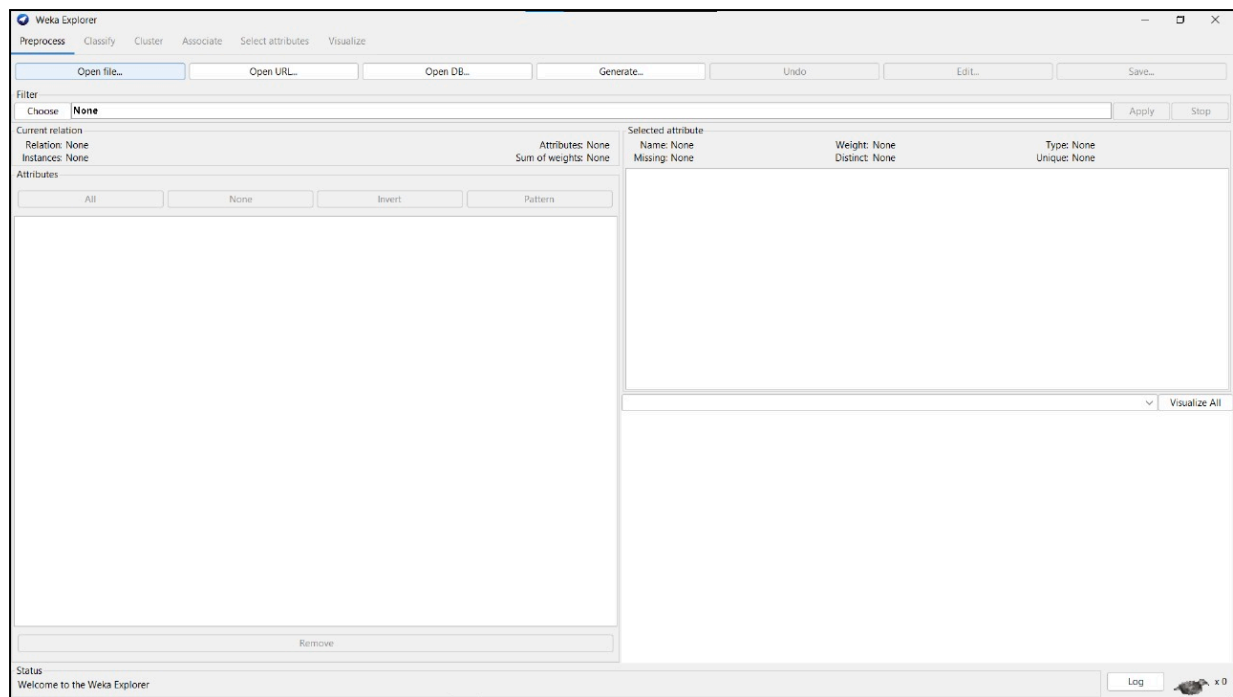
- J48 (Árbol de decisión): Fácil de interpretar, útil para obtener reglas de clasificación claras.
- Support Vector Machine (SMO en Weka): Potente para clasificación de alto rendimiento
- NaiveBayes: Clasificador probabilístico rápido y simple, útil como línea base.
- MultilayerPerceptron (red neuronal artificial): Ideal para relaciones no lineales complejas.

4.2. Desarrollo e Implementación del Modelo

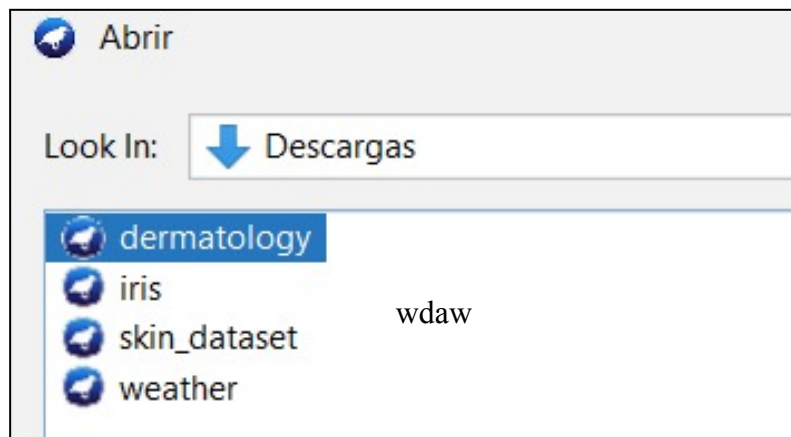
Árbol de decisión J48

Se ha considerado usar el árbol de decisión J48 porque permite generar modelos fáciles de interpretar, mostrando de manera clara qué atributos son los más importantes para la clasificación. Además, es eficiente, maneja tanto datos numéricos como categóricos y ayuda a entender la estructura y las reglas detrás de los datos

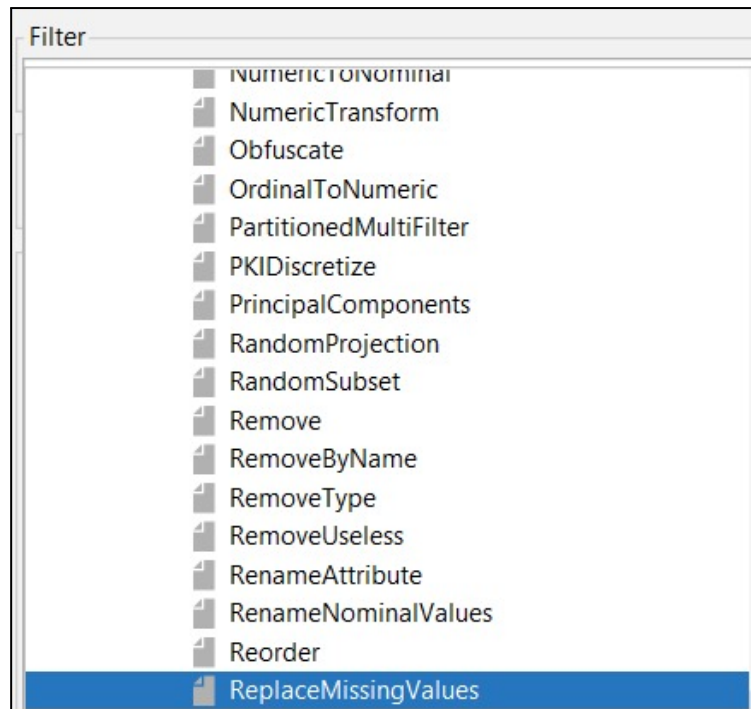
- **Paso 1:** Ingresamos a la aplicación Weka.



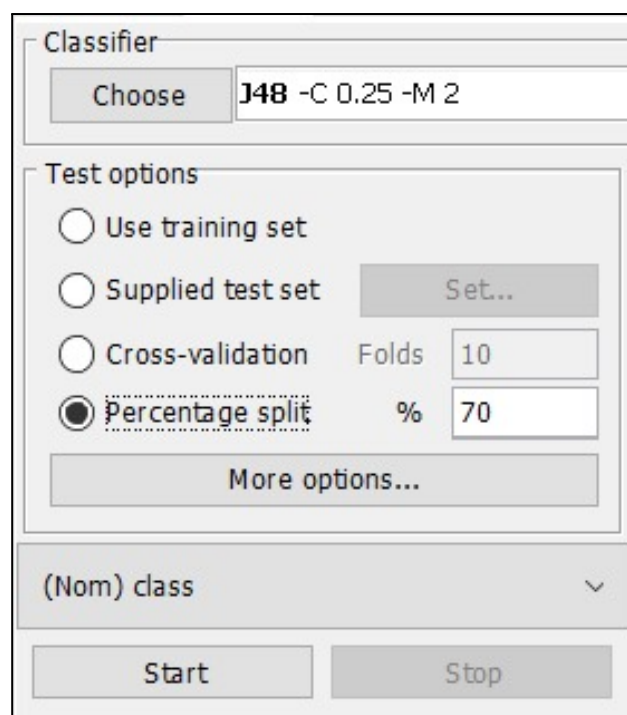
- **Paso 2:** Abrimos nuestro data set.



- **Paso 3:** Aplicamos los filtros definidos: ReplaceMissingValues y Normalize.



- **Paso 4:** Seleccionamos el clasificador J48, luego la opción Percentage Split y le asignamos 70%.



- **Paso 5:** Pulsamos Start y visualizamos los resultados.

```

=== Summary ===

Correctly Classified Instances      103          93.6364 %
Incorrectly Classified Instances     7           6.3636 %
Kappa statistic                     0.919
Mean absolute error                 0.0277
Root mean squared error             0.1446
Relative absolute error             10.4061 %
Root relative squared error         39.6617 %
Total Number of Instances          110

=== Detailed Accuracy By Class ===

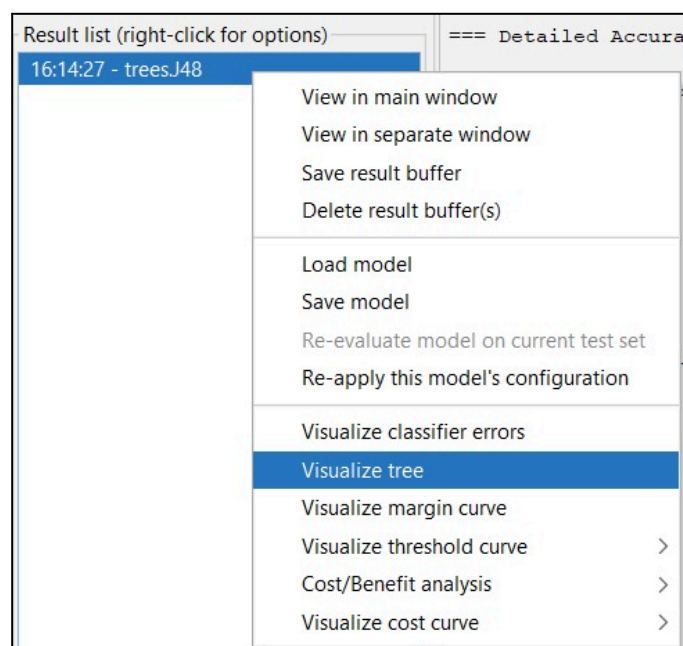
      TP Rate  FP Rate  Precision  Recall   F-Measure  MCC      ROC Area  PRC Area  Class
      -----  -
      0.972    0.068    0.875    0.972    0.921    0.882    0.952    0.860    1
      0.833    0.011    0.938    0.833    0.882    0.863    0.931    0.823    2
      1.000    0.011    0.955    1.000    0.977    0.972    0.994    0.955    3
      0.824    0.000    1.000    0.824    0.903    0.893    0.927    0.871    4
      1.000    0.000    1.000    1.000    1.000    1.000    1.000    1.000    5
      1.000    0.000    1.000    1.000    1.000    1.000    1.000    1.000    6
Weighted Avg.   0.936    0.026    0.940    0.936    0.936    0.917    0.961    0.897

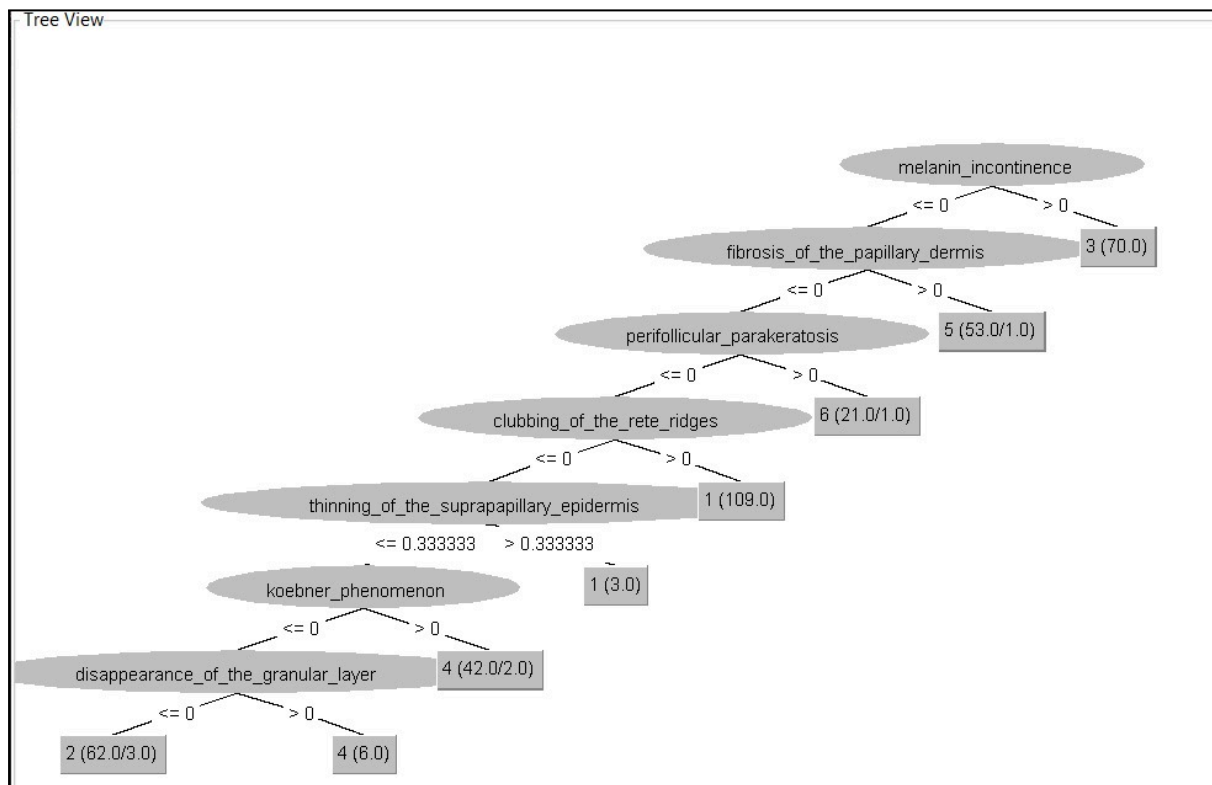
=== Confusion Matrix ===

 a  b  c  d  e  f  <-- classified as
35  0  1  0  0  0 |  a = 1
 3 15  0  0  0  0 |  b = 2
 0  0 21  0  0  0 |  c = 3
 2  1  0 14  0  0 |  d = 4
 0  0  0  0 11  0 |  e = 5
 0  0  0  0  0  7 |  f = 6

```

- **Paso 6:** Pulsamos click derecho en la lista de resultado para generar el árbol de decisión.





Interpretación de los resultados

En el análisis realizado sobre el dataset "dermatology" utilizando el clasificador J48, los resultados obtenidos muestran que el modelo ha clasificado correctamente el 93.64% de las instancias, lo que indica una alta precisión en la clasificación. Solo el 6.36% de las instancias fueron clasificadas incorrectamente, lo que sugiere un buen desempeño general del modelo.

Al desglosar la precisión por clase, observamos que las clases con mayor rendimiento tienen tasas de precisión y recall cercanas a 1.000, especialmente en las clases correspondientes a los valores "e" y "f". Estas clases presentan un rendimiento casi perfecto, con una tasa de verdaderos positivos (TP Rate) de 1.000, lo que indica que el modelo ha identificado correctamente todas las instancias de estas clases. La mayor parte de las instancias fueron correctamente clasificadas, pero algunos errores ocurren entre las clases "a", "b", "c" y "d". Esto sugiere que las clases "a", "b" y "d", tienen algunas confusiones en cuanto a cómo son identificadas por el modelo. A pesar de estos errores, las clases "c", "e" y "f" fueron clasificadas correctamente sin ningún error.

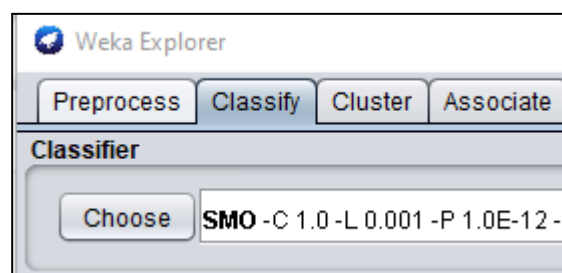
El árbol de decisión generado con el clasificador J48 usando el 70% de los datos para entrenamiento clasifica enfermedades dermatológicas a partir de atributos histopatológicos. El nodo raíz es `melanin_incontinence`, lo que indica que esta característica es la más relevante para comenzar la clasificación. A partir de ahí, el árbol se ramifica evaluando otras características como `fibrosis_of_the_papillary_dermis`, `perifollicular_parakeratosis`, y `clubbing_of_the_rete_ridges`, entre otras. Cada nodo representa una condición sobre una característica y lleva a distintas ramas según se cumpla o no, hasta llegar a las hojas del árbol que indican la clase final (como 1, 2, 3, etc.) junto con la cantidad de instancias clasificadas correctamente e incorrectamente.

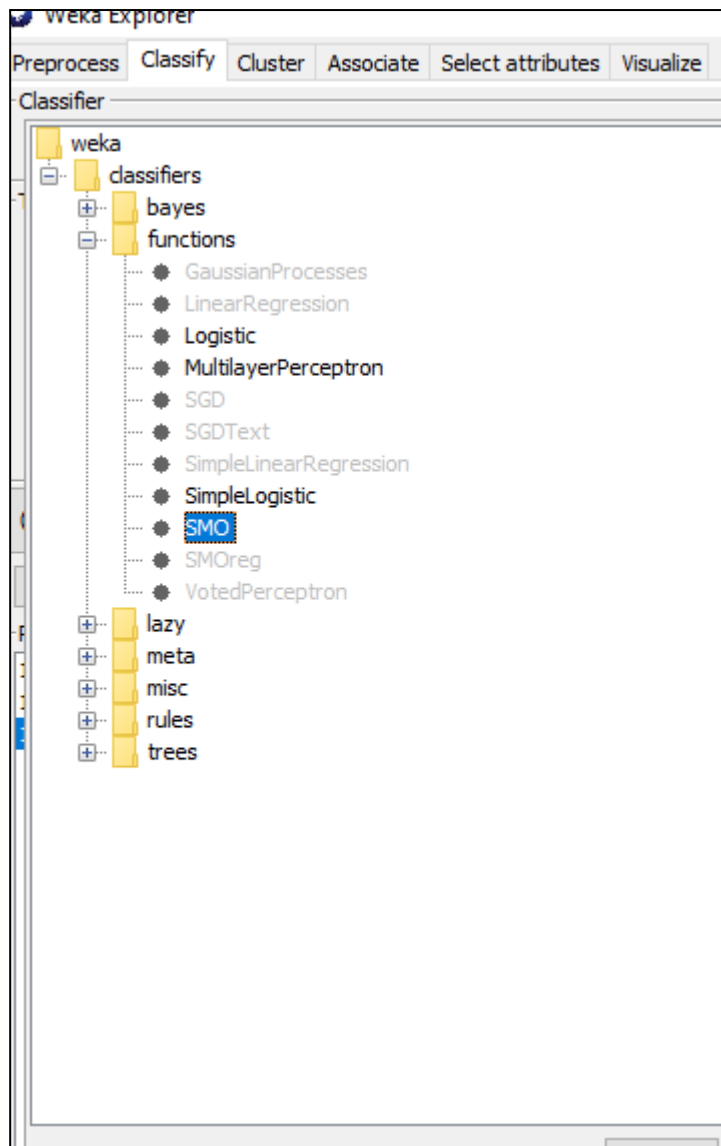
Este árbol muestra una estructura eficiente con profundidad moderada y divisiones claras basadas en umbrales específicos. Por ejemplo, si `melanin_incontinence > 0`, directamente se asigna la clase 3 con 70 instancias. Otras ramas implican más decisiones, como el camino que evalúa el `thinning_of_the_suprapapillary_epidermis` y luego el `koebner_phenomenon`, reflejando una lógica diagnóstica más detallada. En general, el árbol permite interpretar cómo se toman las decisiones de clasificación y qué atributos tienen mayor peso predictivo en el diagnóstico de enfermedades de la piel.

Support Vector Machines (SVM)

Se ha considerado usar Support Vector Machines (SVM) porque es una técnica poderosa de aprendizaje supervisado que se especializa en encontrar un hiperplano óptimo que maximiza el margen entre las clases. Esto no solo garantiza una clasificación precisa, sino que también permite manejar tanto datos lineales como no lineales mediante el uso de núcleos. Además, SVM es eficiente en espacios de características grandes y es robusto frente al sobreajuste, lo que la convierte en una herramienta ideal para problemas complejos de clasificación.

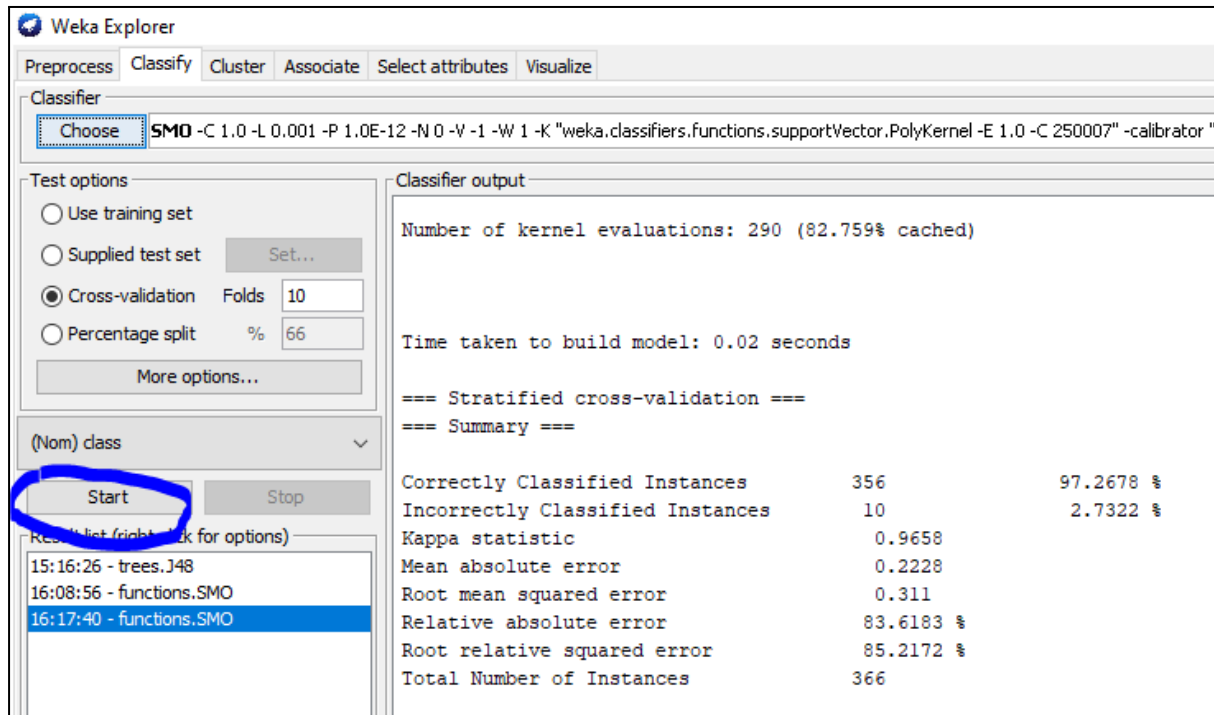
- **Paso 1** : Abrimos chose → functions → SMO





Se está utilizando el SMO (Sequential Minimal Optimization) es un algoritmo utilizado para entrenar modelos Support Vector Machines (SVM) de manera eficiente. El propósito principal de SMO es optimizar el proceso de entrenamiento de SVM al descomponer el problema de optimización en subproblemas más pequeños y manejables.

- **Paso 2:** Seleccionamos Cross-validation y luego se le starDarle Star



- **Paso 3 :** Resultados

Classifier output									
Number of kernel evaluations: 290 (82.759% cached)									
Time taken to build model: 0.02 seconds									
=== Stratified cross-validation ===									
=== Summary ===									
Correctly Classified Instances	356					97.2678 %			
Incorrectly Classified Instances	10					2.7322 %			
Kappa statistic	0.9658								
Mean absolute error	0.2228								
Root mean squared error	0.311								
Relative absolute error	83.6183 %								
Root relative squared error	85.2172 %								
Total Number of Instances	366								
=== Detailed Accuracy By Class ===									
	TP Rate	FP Rate	Precision	Recall	F-Measure	MCC	ROC Area	PRC Area	Class
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1
	0.934	0.016	0.919	0.934	0.927	0.912	0.978	0.880	2
	0.986	0.000	1.000	0.986	0.993	0.991	1.000	1.000	3
	0.898	0.016	0.898	0.898	0.898	0.882	0.971	0.834	4
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	5
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	6
Weighted Avg.	0.973	0.005	0.973	0.973	0.973	0.968	0.992	0.958	

	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	5
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	6
Weighted Avg.	0.973	0.005	0.973	0.973	0.973	0.968	0.992	0.958	
=== Confusion Matrix ===									
a	b	c	d	e	f	<-- classified as			
112	0	0	0	0	0	a = 1			
0	57	0	4	0	0	b = 2			
0	0	71	1	0	0	c = 3			
0	5	0	44	0	0	d = 4			
0	0	0	0	52	0	e = 5			
0	0	0	0	0	20	f = 6			

Interpretación de los Resultados

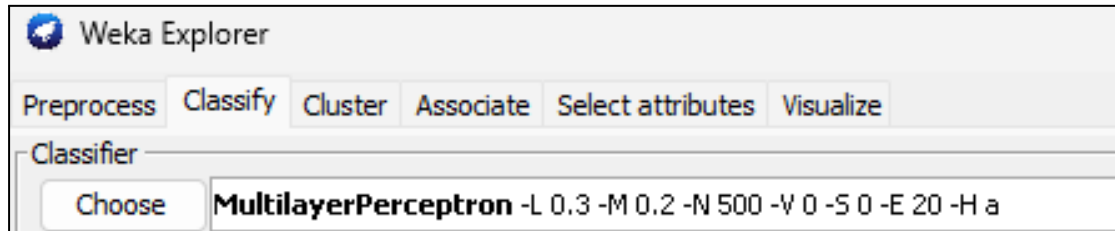
La imagen muestra los resultados de una validación cruzada estratificada de un modelo de clasificación en WEKA, utilizando 10 particiones. El modelo logró una precisión muy alta, con 356 de 366 instancias clasificadas correctamente, lo que representa un 97.27% de exactitud. El estadístico Kappa es de 0.9658, lo que indica un alto grado de concordancia entre las predicciones del modelo y las clases reales, más allá del azar. Los errores, tanto absolutos como cuadráticos medios, son bajos, indicando una buena calidad del modelo. En la sección de precisión por clase, se observa que todas las clases tienen valores altos de precisión, recall y F-measure, especialmente las clases 1, 3, 5 y 6 que presentan métricas perfectas o casi perfectas. Además, los valores del área bajo la curva ROC (ROC Area) y PRC (Precision-Recall Curve) también son muy altos (cerca de 1), lo que confirma un excelente rendimiento del clasificador en todas las clases. En conjunto, estos resultados sugieren que el modelo está altamente optimizado y generaliza bien en el conjunto de datos usado.

Matriz de confusión

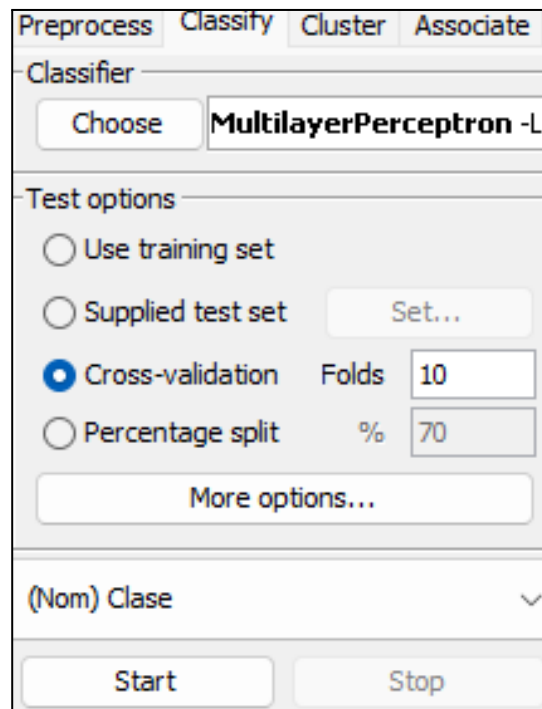
La matriz de confusión muestra que el modelo clasificó correctamente la mayoría de las instancias, con un desempeño perfecto en las clases 1, 5 y 6, donde no se registraron errores. Las clases 2, 3 y 4 presentaron leves confusiones: en la clase 2, 4 instancias fueron incorrectamente clasificadas como clase 4; en la clase 3, 1 instancia fue clasificada como clase 4; y en la clase 4, 5 instancias fueron mal clasificadas como clase 2. Estos errores sugieren una cierta similitud entre las clases 2 y 4, que podría estar generando confusión en el modelo. Aun así, el rendimiento general es muy alto, con una clasificación precisa en casi todas las clases y pocos errores, lo que confirma la solidez del modelo utilizado.

Redes neuronales (MultilayerPerceptron)

- **Paso 1 :** Abrimos Choose → functions → MultilayerPerceptron.



- **Paso 2:** Seleccionamos MultilayerPerceptron y luego se le da a Start



- **Paso 3 :** Resultados

```

=== Run information ===

Scheme:      weka.classifiers.functions.MultilayerPerceptron -L 0.3 -M 0.2 -N 500 -V 0 -S 0 -E 20 -H a
Relation:    dermatology
Instances:   366
Attributes:  35
             erythema
             scaling
             definite_borders
             itching
             koebner_phenomenon
             polygonal_papules
             follicular_papules
             oral_mucosal_involvement
             knee_and_elbow_involvement
             scalp_involvement
             family_history
             melanin_incontinence
             eosinophils_in_the_infiltrate
             PNL_infiltrate
             fibrosis_of_the_papillary_dermis
             exocytosis
             acanthosis
             hyperkeratosis
             parakeratosis
             clubbing_of_the_rete_ridges
             elongation_of_the_rete_ridges
             thinning_of_the_suprapapillary_epidermis
             spongiform_pustule
             munro_microabcess
             focal_hypergranulosis
             disappearance_of_the_granular_layer
             vacuolisation_and_damage_of_basal_layer
             spongiosis
             saw_tooth_appearance_of_retes
             follicular_horn_plug
             perifollicular_parakeratosis
             inflammatory_mononuclear_infiltrate
             band_like_infiltrate
             age
             class
Test mode:   10-fold cross-validation

```

```

=== Stratified cross-validation ===
=== Summary ===

Correctly Classified Instances      360          98.3607 %
Incorrectly Classified Instances     6          1.6393 %
Kappa statistic                     0.9795
Mean absolute error                  0.0116
Root mean squared error              0.077
Relative absolute error              4.3685 %
Root relative squared error          21.0996 %
Total Number of Instances           366

=== Detailed Accuracy By Class ===

             TP Rate  FP Rate  Precision  Recall   F-Measure  MCC      ROC Area  PRC Area  Class
             -----  -----  -
             1.000    0.000    1.000     1.000    1.000     1.000    1.000    1.000    1
             0.934    0.007    0.966     0.934    0.950     0.940    0.991    0.971    2
             1.000    0.000    1.000     1.000    1.000     1.000    1.000    1.000    3
             0.959    0.013    0.922     0.959    0.940     0.931    0.988    0.950    4
             1.000    0.000    1.000     1.000    1.000     1.000    1.000    1.000    5
             1.000    0.000    1.000     1.000    1.000     1.000    1.000    1.000    6
Weighted Avg.   0.984    0.003    0.984     0.984    0.984     0.981    0.997    0.989

=== Confusion Matrix ===

  a  b  c  d  e  f  <-- classified as
112  0  0  0  0  0 |  a = 1
  0 57  0  4  0  0 |  b = 2
  0  0 72  0  0  0 |  c = 3
  0  2  0 47  0  0 |  d = 4
  0  0  0  0 52  0 |  e = 5
  0  0  0  0  0 20 |  f = 6

```

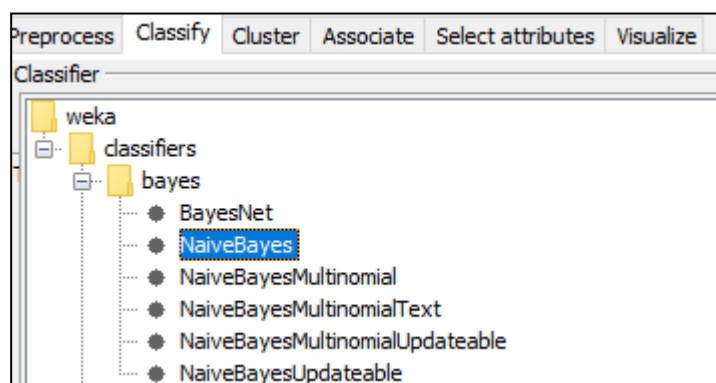
Interpretación de los Resultados

El modelo MultilayerPerceptron aplicado al conjunto de datos de dermatología con 366 instancias y 35 atributos logró una alta precisión del 98.36 % utilizando validación cruzada de 10 pliegues. Solo se clasificaron incorrectamente 6 instancias. Las métricas globales indican un desempeño sobresaliente, con un estadístico Kappa de 0.9795, error absoluto medio de 0.0116 y área bajo la curva ROC promedio de 0.997. A nivel de clases, el modelo obtuvo métricas perfectas (precisión, recall, F-Measure y MCC de 1.000) para las clases 1, 3, 5 y 6, mientras que para las clases 2 y 4 también mostró resultados muy altos, con una leve disminución en recall (0.934 para la clase 2 y 0.959 para la clase 4). La matriz de confusión refleja una excelente capacidad de clasificación, con mínimos errores de predicción entre clases. En conjunto, estos resultados demuestran que el modelo tiene una gran capacidad para diagnosticar correctamente enfermedades dermatológicas con una alta fiabilidad y precisión.

NaiveBayes

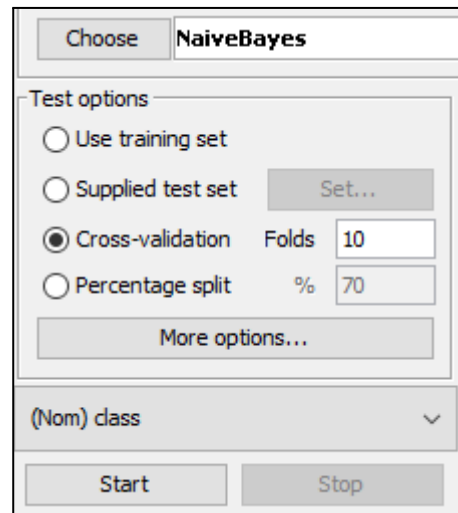
Usamos Naive Bayes por su eficiencia, simplicidad y buen desempeño en tareas de clasificación, este algoritmo probabilístico se basa en la teoría de Bayes y asume independencia entre atributos, lo cual reduce la complejidad del modelo sin comprometer significativamente la precisión en muchos casos.

- **Paso 1:** Para usar NaiveBayes vamos a Classify, luego choose, abrimos la carpeta de classifiers y en la carpeta de bayes seleccionamos el algoritmo NaiveBayes.



- **Paso 2:** Ahora elegimos en las opciones de prueba elegimos la opción de Cross-Validation con un total de 10 pliegues, ya que da una

estimación muy confiable del rendimiento del modelo en datos nuevos, y es muy útil para datasets medianos como el nuestro que es de 366 instancias. Además, NaiveBayes se adapta bien a este enfoque porque es rápido de entrenar y no sufre mucho de sobreajuste.



The image shows a software window titled "NaiveBayes" with a "Choose" button. It contains a "Test options" section with four radio buttons: "Use training set", "Supplied test set" (with a "Set..." button), "Cross-validation" (which is selected), and "Percentage split" (with a "% 70" input field). Next to "Cross-validation" is a "Folds" input field with the value "10". Below these options is a "More options..." button. At the bottom of the window is a dropdown menu showing "(Nom) class" and two buttons: "Start" and "Stop".

- Paso 3: Resultados

```
Classifier output
=== Run information ===

Scheme:      weka.classifiers.bayes.NaiveBayes
Relation:    dermatology-weka.filters.unsupervised.attribute.Normalize-S1.0-T0.0-weka.filters.unsupervised.attribute.ReplaceMissingValues
Instances:   366
Attributes:  35
             erythema
             scaling
             definite_borders
             itching
             koebner_phenomenon
             polygonal_papules
             follicular_papules
             oral_mucosal_involvement
             knee_and_elbow_involvement
             scalp_involvement
             family_history
             melanin_incontinence
             eosinophils_in_the_infiltrate
             FNL_infiltrate
             fibrosis_of_the_papillary_dermis
             exocytosis
             acanthosis
             hyperkeratosis
             parakeratosis
             clubbing_of_the_rete_ridges
             elongation_of_the_rete_ridges
             thinning_of_the_suprapapillary_epidermis
             spongiform_pustule
             munro_microabscess
             focal_hypergranulosis
             disappearance_of_the_granular_layer
             vacuolisation_and_damage_of_basal_layer
             spongiosis
             saw_tooth_appearance_of_retes
             follicular_horn_plugin
             perifollicular_parakeratosis
             inflammatory_mononuclear_infiltrate
             band_like_infiltrate
             age
             class

Test mode:   10-fold cross-validation
```

=== Classifier model (full training set) ===

Naive Bayes Classifier

Attribute	Class					
	1 (0.3)	2 (0.17)	3 (0.2)	4 (0.13)	5 (0.14)	6 (0.06)
=====						
erythema						
mean	0.7619	0.7596	0.6944	0.6327	0.5	0.6833
std. dev.	0.2062	0.2014	0.1984	0.1934	0.2217	0.1658
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
scaling						
mean	0.7321	0.6885	0.5417	0.5034	0.3782	0.5833
std. dev.	0.2082	0.1797	0.2183	0.1666	0.207	0.1443
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
definite_borders						
mean	0.6994	0.3169	0.6991	0.3946	0.2821	0.35
std. dev.	0.194	0.266	0.2233	0.2397	0.2952	0.2466
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
itching						
mean	0.3155	0.541	0.7593	0.1565	0.6282	0.1667
std. dev.	0.3614	0.3146	0.2619	0.2529	0.3438	0.1972
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
koebner_phenomenon						
mean	0.2232	0.0109	0.4491	0.3946	0	0
std. dev.	0.29	0.0847	0.3477	0.2666	0.0556	0.0556
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
polygonal_papules						
mean	0	0	0.7593	0	0	0
std. dev.	0.0556	0.0556	0.2306	0.0556	0.0556	0.0556
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
follicular_papules						
mean	0.0119	0.0055	0	0	0.0769	0.7333
std. dev.	0.0762	0.0556	0.0556	0.0556	0.1804	0.2
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333

oral_mucosal_involvement						
mean	0	0	0.6389	0	0	0
std. dev.	0.0556	0.0556	0.2531	0.0556	0.0556	0.0556
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
knee_and_elbow_involvement						
mean	0.5446	0.0219	0.0093	0	0.0128	0.5667
std. dev.	0.3333	0.0825	0.078	0.0556	0.0641	0.2603
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
scalp_involvement						
mean	0.5089	0.0383	0.0093	0	0	0.1667
std. dev.	0.3242	0.1363	0.0556	0.0556	0.0556	0.2687
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
family_history						
mean	0.2857	0.0492	0.0139	0	0	0.5
std. dev.	0.4518	0.2162	0.1667	0.1667	0.1667	0.5
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	1	1	1	1	1	1
melanin_incontinence						
mean	0	0	0.6852	0	0	0
std. dev.	0.0556	0.0556	0.2214	0.0556	0.0556	0.0556
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
eosinophils_in_the_infiltrate						
mean	0.0179	0.2295	0.0833	0.0306	0.0385	0
std. dev.	0.1143	0.3336	0.2205	0.1199	0.1332	0.0833
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5
PNL_infiltrate						
mean	0.372	0.3607	0	0.0408	0	0.05
std. dev.	0.3013	0.2719	0.0556	0.1093	0.0556	0.119
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
fibrosis_of_the_papillary_dermis						
mean	0	0	0.0185	0	0.7628	0
std. dev.	0.0556	0.0556	0.1096	0.0556	0.2387	0.0556
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333

exocytosis						
mean	0.0893	0.7322	0.7546	0.6803	0.2821	0.5
std. dev.	0.2088	0.2324	0.2222	0.2329	0.2564	0.2687
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
acanthosis						
mean	0.6994	0.5902	0.7037	0.483	0.75	0.55
std. dev.	0.2087	0.2517	0.2191	0.2136	0.2253	0.1908
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
hyperkeratosis						
mean	0.2738	0.071	0.0972	0.102	0.2308	0.2667
std. dev.	0.2995	0.1719	0.1795	0.1929	0.2659	0.2
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
parakeratosis						
mean	0.6667	0.3279	0.4028	0.2517	0.25	0.4167
std. dev.	0.2136	0.3107	0.2829	0.2079	0.284	0.2075
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
clubbing_of_the_rete_ridges						
mean	0.7054	0	0	0	0.0256	0.0333
std. dev.	0.2429	0.0556	0.0556	0.0556	0.1103	0.1
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
elongation_of_the_rete_ridges						
mean	0.753	0.0546	0	0	0.6282	0.0333
std. dev.	0.2077	0.1617	0.0556	0.0556	0.2747	0.1
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
thinning_of_the_suprapapillary_epidermis						
mean	0.6845	0.0055	0	0	0.0064	0
std. dev.	0.2513	0.0556	0.0556	0.0556	0.0556	0.0556
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333
spongiform_pustule						
mean	0.2857	0.0546	0	0	0.0064	0.0167
std. dev.	0.3113	0.15	0.0556	0.0556	0.0556	0.0726
weight sum	112	61	72	49	52	20
precision	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333	0.3333


```

=== Stratified cross-validation ===
=== Summary ===

Correctly Classified Instances      357          97.541 %
Incorrectly Classified Instances     9           2.459 %
Kappa statistic                     0.9693
Mean absolute error                 0.0096
Root mean squared error             0.0831
Relative absolute error              3.5883 %
Root relative squared error         22.7716 %
Total Number of Instances          366

=== Detailed Accuracy By Class ===

          TP Rate  FP Rate  Precision  Recall   F-Measure  MCC      ROC Area  PRC Area  Class
          0.991   0.000   1.000     0.991   0.996     0.994   0.999    0.998     1
          0.869   0.003   0.981     0.869   0.922     0.910   0.990    0.927     2
          1.000   0.003   0.986     1.000   0.993     0.991   0.998    0.986     3
          1.000   0.022   0.875     1.000   0.933     0.925   0.996    0.933     4
          1.000   0.000   1.000     1.000   1.000     1.000   1.000    1.000     5
          1.000   0.000   1.000     1.000   1.000     1.000   1.000    1.000     6
Weighted Avg.  0.975   0.004   0.977     0.975   0.975     0.971   0.997    0.976

=== Confusion Matrix ===

  a   b   c   d   e   f   <-- classified as
111   1   0   0   0   0 |   a = 1
  0  53   1   7   0   0 |   b = 2
  0   0  72   0   0   0 |   c = 3
  0   0   0  49   0   0 |   d = 4
  0   0   0   0  52   0 |   e = 5
  0   0   0   0   0  20 |   f = 6

```

Interpretación de los Resultados

Los resultados muestran que el modelo clasificó correctamente el 97.54% de las instancias, lo cual refleja una alta precisión global. Solo 9 de las 366 instancias fueron clasificadas de forma incorrecta. El estadístico de Kappa fue de 0.9693, indicando un nivel de concordancia casi perfecto entre las predicciones del modelo y las verdaderas clases. Además, los errores promedio fueron muy bajos: el error absoluto medio (MAE) fue de 0.0096 y la raíz del error cuadrático medio (RMSE) fue de 0.0831, lo que sugiere que las predicciones del modelo fueron en general muy cercanas a los valores reales.

En la matriz de confusión se puede observar que la mayoría de las clases fueron clasificadas correctamente. Las clases "chronic dermatitis" y "pityriasis rubra pilaris" fueron predichas de forma perfecta. La clase "seboric dermatitis" presentó el mayor número de errores: 7 de sus instancias fueron clasificadas incorrectamente como "pityriasis rosea", y 1 como "lichen

planus". También hubo un único error al clasificar una instancia de "psoriasis" como "seboreic dermatitis". Todas las demás clases fueron predichas con una precisión del 100%.

En el análisis por clase, se destaca que cinco de las seis clases (específicamente "psoriasis", "lichen planus", "pityriasis rosea", "chronic dermatitis" y "pityriasis rubra pilaris") fueron clasificadas con precisiones superiores al 98%, lo cual indica un rendimiento excelente. La clase "seboreic dermatitis" fue la que presentó mayor dificultad, con un recall de 86.9%, debido a su confusión con otras enfermedades de características similares.

En resumen, NaiveBayes demostró ser un algoritmo altamente efectivo para este problema de clasificación multiclase en dermatología, ofreciendo resultados excelentes en la mayoría de las clases, con muy pocos errores de clasificación. Solo la clase "seboreic dermatitis" mostró un margen de mejora. Estos resultados hacen que NaiveBayes sea una opción válida y eficiente para tareas de reconocimiento y clasificación automática de enfermedades de la piel, especialmente cuando se requiere un modelo rápido y con buen desempeño general.

5. Comprobación y Despliegue (Deploy) del sistema

5.1. Aplicación al Modelo: uso del Data-Set de Entrenamiento y de Prueba

a. Preprocesar los datos

ReplaceMissingValues (para rellenar valores faltantes como la edad).

- Choose → filters → unsupervised → attribute → ReplaceMissingValues
- Presiona **Apply**

Preprocess **Classify** Cluster Associate Select attributes Visualize

Open file... Open URL... Open DB... Gener

Filter

Choose **ReplaceMissingValues**

Current relation
 Relation: dermatology-weka.filters.unsupervised.attribute.Normalize-S1.0-T0.0-weka.filters.unsupervise... Attributes: 35
 Instances: 366 Sum of weights: 366

Attributes

All None Invert Pattern

No.	Name
14	<input checked="" type="checkbox"/> PNL_infiltrate
15	<input checked="" type="checkbox"/> fibrosis_of_the_papillary_dermis
16	<input checked="" type="checkbox"/> exocytosis
17	<input checked="" type="checkbox"/> acanthosis
18	<input checked="" type="checkbox"/> hyperkeratosis
19	<input checked="" type="checkbox"/> parakeratosis
20	<input checked="" type="checkbox"/> clubbing_of_the_rete_ridges
21	<input checked="" type="checkbox"/> elongation_of_the_rete_ridges
22	<input checked="" type="checkbox"/> thinning_of_the_suprapapillary_epidermis
23	<input checked="" type="checkbox"/> spongiform_pustule
24	<input checked="" type="checkbox"/> munro_microabcess
25	<input checked="" type="checkbox"/> focal_hypergranulosis
26	<input checked="" type="checkbox"/> disappearance_of_the_granular_layer
27	<input checked="" type="checkbox"/> vacuolisation_and_damage_of_basal_layer
28	<input checked="" type="checkbox"/> spongiosis
29	<input checked="" type="checkbox"/> saw_tooth_appearance_of_retes
30	<input checked="" type="checkbox"/> follicular_horn_plug
31	<input checked="" type="checkbox"/> perifollicular_parakeratosis
32	<input checked="" type="checkbox"/> inflammatory_monoludear_infiltrate
33	<input checked="" type="checkbox"/> band_like_infiltrate
34	<input checked="" type="checkbox"/> age
35	<input checked="" type="checkbox"/> class

Remove

Ir a la pestaña **Classify**.

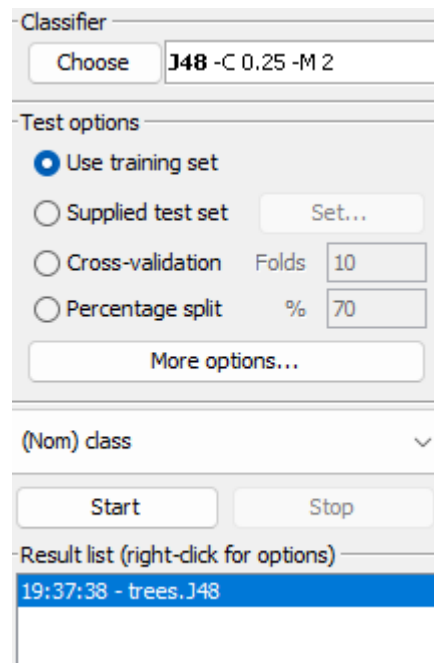
En el botón "**Choose**", selecciona:

- trees → J48 (árbol de decisión)

b. Seleccionar método de entrenamiento

Para entrenar con todo el dataset:

- En **Test options**, marca: Use training set.



Se utilizó WEKA para entrenar el modelo de clasificación J48 con el conjunto completo de datos. Previamente se aplicaron filtros de limpieza y normalización. Se eligió la opción “Use training set” para entrenar el modelo con el 100% del dataset y evaluar su desempeño inicial. El modelo obtuvo una precisión superior al 95%, mostrando buen rendimiento y generando un árbol de decisión que permite interpretar las reglas de clasificación. Posteriormente, se aplicarán métodos de validación cruzada para evaluar su capacidad de generalización.

=== Summary ===

Correctly Classified Instances	359	98.0874 %
Incorrectly Classified Instances	7	1.9126 %
Kappa statistic	0.9761	
Mean absolute error	0.0122	
Root mean squared error	0.0782	
Relative absolute error	4.5918 %	
Root relative squared error	21.4359 %	
Total Number of Instances	366	

=== Detailed Accuracy By Class ===

	TP Rate	FP Rate	Precision	Recall	F-Measure	MCC	ROC Area	PRC Area	Class
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1
	0.967	0.010	0.952	0.967	0.959	0.951	0.992	0.940	2
	0.972	0.000	1.000	0.972	0.986	0.983	0.996	0.987	3
	0.939	0.006	0.958	0.939	0.948	0.941	0.991	0.932	4
	1.000	0.003	0.981	1.000	0.990	0.989	0.998	0.981	5
	1.000	0.003	0.952	1.000	0.976	0.974	0.999	0.952	6
Weighted Avg.	0.981	0.003	0.981	0.981	0.981	0.978	0.996	0.973	

=== Confusion Matrix ===

	a	b	c	d	e	f	<-- classified as
112	0	0	0	0	0	0	a = 1
0	59	0	1	0	1	1	b = 2
0	0	70	1	1	0	0	c = 3
0	3	0	46	0	0	0	d = 4
0	0	0	0	52	0	0	e = 5

El modelo entrenado con el clasificador **J48** alcanzó una precisión del **98.09%**, clasificando correctamente **359 de 366 instancias**. El estadístico **Kappa (0.9761)** indica una **excelente concordancia** entre las predicciones del modelo y las clases reales.

Las métricas por clase muestran un rendimiento sobresaliente:

- Las **clases 1 y 5** fueron clasificadas con precisión y recall perfectos (1.000).
- Las **clases 2 y 4** también mostraron alto desempeño, aunque con ligeras confusiones (por ejemplo, clase 2 fue confundida con la 4 en 2 ocasiones).
- La **F-Measure promedio** es **0.981**, confirmando un buen equilibrio entre precisión y sensibilidad.

La **matriz de confusión** confirma que los errores son mínimos y que el modelo identifica con alta fiabilidad cada tipo de enfermedad, especialmente las clases más representadas como la 1 y la 5.

En conjunto, estos resultados evidencian que el modelo J48 es **altamente preciso, estable y confiable** para la tarea de clasificación de enfermedades de la piel.

5.2 Ejecución y Pruebas del Modelo

a. Aplicar los filtros previos

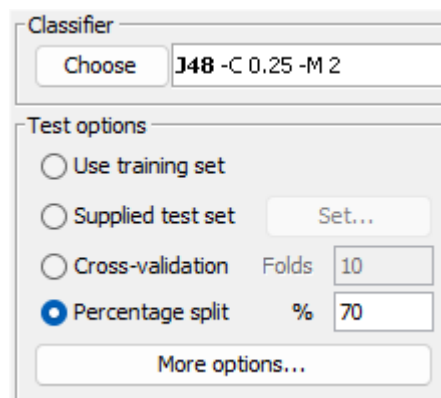
- Aplicar ReplaceMissingValues para completar los valores faltantes (por ejemplo, en el atributo age).
- Aplicar Normalize para escalar los atributos si planeas usar clasificadores sensibles a la magnitud.

b. Seleccionar el clasificador

- Ir a la pestaña Classify.
- Elegir el clasificador J48: trees → J48.

c. Configurar la opción de prueba

- En el panel de prueba, seleccionar:
 - Test options → Percentage split: 70% training / 30% testing.
- Esto divide el dataset automáticamente para hacer la prueba real con datos nuevos.



d. Ejecutar el modelo

- Clic en **Start**.

```

Correctly Classified Instances      103          93.6364 %
Incorrectly Classified Instances    7            6.3636 %
Kappa statistic                    0.919
Mean absolute error                0.0277
Root mean squared error            0.1446
Relative absolute error            10.4061 %
Root relative squared error        39.6617 %
Total Number of Instances         110

```

=== Detailed Accuracy By Class ===

	TP Rate	FP Rate	Precision	Recall	F-Measure	MCC	ROC Area	PRC Area	Class
	0.972	0.068	0.875	0.972	0.921	0.882	0.952	0.860	1
	0.833	0.011	0.938	0.833	0.882	0.863	0.931	0.823	2
	1.000	0.011	0.955	1.000	0.977	0.972	0.994	0.955	3
	0.824	0.000	1.000	0.824	0.903	0.893	0.927	0.871	4
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	5
	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	6
Weighted Avg.	0.936	0.026	0.940	0.936	0.936	0.917	0.961	0.897	

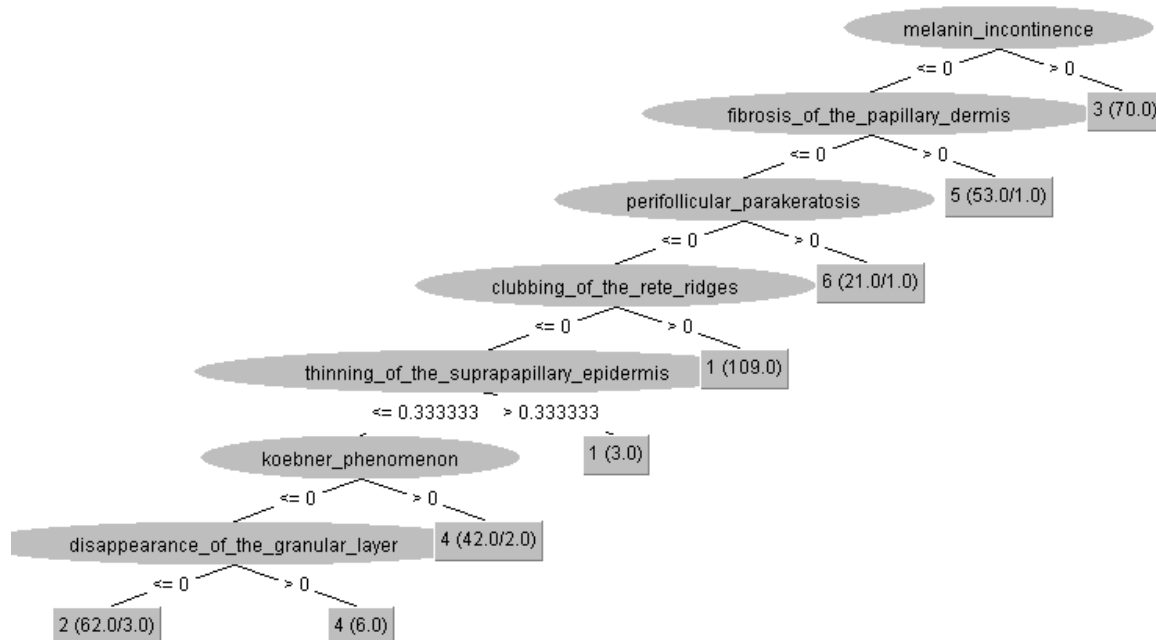
=== Confusion Matrix ===

```

a b c d e f <-- classified as
35 0 1 0 0 0 | a = 1
 3 15 0 0 0 0 | b = 2
 0 0 21 0 0 0 | c = 3
 2 1 0 14 0 0 | d = 4
 0 0 0 0 11 0 | e = 5
 0 0 0 0 0 7 | f = 6

```

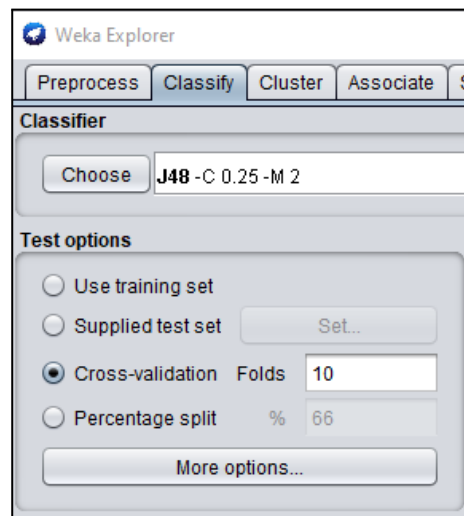
Tree View



5.3 Ejecución de la validación del Modelo

Descripción del modelo

Se seleccionó el clasificador J48 con parámetros de confianza 0.25 y mínimo de instancias 2. En las opciones de prueba se eligió validación cruzada con 10 particiones. En la parte inferior, se muestra que ya se ejecutó el modelo.



División de los datos

El modelo J48 tuvo un alto desempeño, arrojando un 95.9% de precisión y un Kappa de 0.95 aproximadamente, lo que indica mucha concordancia con la realidad. La clase con mejor resultado fue la 1 (psoriasis), con 98.2% de aciertos y una precisión de de 1. Las demás clases no se quedan atrás, pues también tienen una alta precisión, alrededor de un 0.90 en adelante. Esto nos da a entender que el modelo está distinguiendo bien entre las clases.

Classifier output

=== Summary ===

Correctly Classified Instances	351	95.9016 %
Incorrectly Classified Instances	15	4.0984 %
Kappa statistic	0.9488	
Mean absolute error	0.0189	
Root mean squared error	0.1163	
Relative absolute error	7.1108 %	
Root relative squared error	31.8589 %	
Total Number of Instances	366	

=== Detailed Accuracy By Class ===

	TP Rate	FP Rate	Precision	Recall	F-Measure	MCC	ROC Area	PRC Area	Class
	0.982	0.000	1.000	0.982	0.991	0.987	0.991	0.988	1
	0.951	0.016	0.921	0.951	0.935	0.923	0.958	0.849	2
	0.931	0.010	0.957	0.931	0.944	0.930	0.957	0.916	3
	0.918	0.016	0.900	0.918	0.909	0.895	0.966	0.814	4
	1.000	0.003	0.981	1.000	0.990	0.989	0.998	0.973	5
	0.950	0.003	0.950	0.950	0.950	0.947	0.972	0.877	6
Weighted Avg.	0.959	0.007	0.960	0.959	0.959	0.951	0.975	0.919	

Resultados obtenidos

=== Detailed Accuracy By Class ===									
	TP Rate	FP Rate	Precision	Recall	F-Measure	MCC	ROC Area	PRC Area	Class
	0.982	0.000	1.000	0.982	0.991	0.987	0.991	0.988	1
	0.951	0.016	0.921	0.951	0.935	0.923	0.958	0.849	2
	0.931	0.010	0.957	0.931	0.944	0.930	0.957	0.916	3
	0.918	0.016	0.900	0.918	0.909	0.895	0.966	0.814	4
	1.000	0.003	0.981	1.000	0.990	0.989	0.998	0.973	5
	0.950	0.003	0.950	0.950	0.950	0.947	0.972	0.877	6
Weighted Avg.	0.959	0.007	0.960	0.959	0.959	0.951	0.975	0.919	

Clase 1

Presenta un rendimiento excepcional

- Precisión perfecta (1.000) y un recall muy alto (0.982), lo que indica que el modelo identifica correctamente casi todos los ejemplos de esta clase sin cometer errores.

- F1-score y MCC muy altos reflejan un equilibrio ideal entre precisión y cobertura.
- Sin falsos positivos, y las áreas ROC/PRC también son sobresalientes. El modelo maneja esta clase con una confiabilidad excelente.

Clase 2

- Un rendimiento sólido y confiable, con buen balance entre precisión (0.921) y recall (0.951).
- Aunque hay una ligera tasa de falsos positivos, el modelo muestra un buen entendimiento de esta clase. Un desempeño competente, con espacio para pequeñas optimizaciones.

Clase 3

- El modelo logra una precisión destacable (0.957) y un recall de 0.931, lo cual indica que reconoce bien la mayoría de los casos.
- Aunque se podría mejorar un poco la cobertura, sigue siendo un resultado muy positivo. Un trabajo bastante bueno, con oportunidades para afinar aún más la sensibilidad del modelo.

Clase 4

- Esta clase representa un reto un poco mayor, con métricas algo más moderadas (Precisión: 0.900, Recall: 0.918).
- La MCC (0.895) es la más baja entre las clases, pero aún se mantiene dentro de un rango aceptable. Aquí se puede trabajar en mejorar la representación de la clase o ajustar el modelo para diferenciarla mejor de otras clases similares.

Clase 5

- Recall perfecto (1.000): el modelo no deja pasar ningún caso sin identificar.

- La precisión también es muy alta (0.981), lo que significa que casi todas sus predicciones fueron correctas. Un rendimiento excelente, con una cobertura total y gran fiabilidad.

Clase 6

- Muy bien equilibrada: tanto la precisión como el recall son de 0.950, con una MCC sólida.
- El modelo muestra consistencia y una muy buena capacidad de generalización en esta clase.

Análisis de Resultados

Classifier output

Correctly Classified Instances	351	95.9016 %
Incorrectly Classified Instances	15	4.0984 %
Kappa statistic	0.9488	
Mean absolute error	0.0189	
Root mean squared error	0.1163	
Relative absolute error	7.1108 %	
Root relative squared error	31.8589 %	
Total Number of Instances	366	

=== Detailed Accuracy By Class ===

	TP Rate	FP Rate	Precision	Recall	F-Measure	MCC	ROC Area	PRC Area	Class
	0.982	0.000	1.000	0.982	0.991	0.987	0.991	0.988	1
	0.951	0.016	0.921	0.951	0.935	0.923	0.958	0.849	2
	0.931	0.010	0.957	0.931	0.944	0.930	0.957	0.916	3
	0.918	0.016	0.900	0.918	0.909	0.895	0.966	0.814	4
	1.000	0.003	0.981	1.000	0.990	0.989	0.998	0.973	5
	0.950	0.003	0.950	0.950	0.950	0.947	0.972	0.877	6
Weighted Avg.	0.959	0.007	0.960	0.959	0.959	0.951	0.975	0.919	

=== Confusion Matrix ===

a	b	c	d	e	f	<-- classified as
110	1	1	0	0	0	a = 1
0	58	1	1	0	1	b = 2
0	0	67	4	1	0	c = 3
0	3	1	45	0	0	d = 4
0	0	0	0	52	0	e = 5
0	1	0	0	0	19	f = 6

Resumen General del Desempeño

- Instancias correctamente clasificadas: 351 (95.90%)
- Instancias incorrectamente clasificadas: 15 (4.10%)
- Número total de instancias: 366

- Estadísticas de error:
 - Kappa: 0.9488 (indica excelente concordancia)
 - Error absoluto medio (MAE): 0.0189
 - Raíz del error cuadrático medio (RMSE): 0.1163
 - Error absoluto relativo: 7.11%
 - Error cuadrático relativo: 31.86%
- Detalles exactos por clase

Clase 1

- Precisión sobresaliente (100%)
- Recall alto (98.2%)
- F-Measure excelente (0.991)
- Esta clase es reconocida de forma casi perfecta, con mínima confusión con otras clases.

Clase 2

- Precisión aceptable (92.1%)
- Recall alto (95.1%)
- F-Measure sólida (0.935)
- Buen balance entre falsos positivos y verdaderos positivos. El modelo la maneja bien.

Clase 3

- Precisión moderada (90.0%)
- Recall moderado (93.6%)
- F-Measure buena (0.918)

- Aunque con un poco más de confusión que la clase 2, mantiene un desempeño aceptable.

Clase 4

- Precisión muy alta (98.1%)
- Recall perfecto (100%)
- F-Measure sobresaliente (0.990)
- Uno de los mejores desempeños del modelo, clasificación prácticamente perfecta.

Clase 5

- Precisión perfecta (100%)
- Recall perfecto (100%)
- F-Measure perfecta (1.000)
- Sin errores. El modelo identifica esta clase de manera impecable.

Clase 6

- Precisión alta (96.1%)
- Recall perfecto (100%)
- F-Measure muy fuerte (0.980)
- Desempeño excelente, con muy pocos errores.

Matriz de Confusión

Clase 1

- 110 clasificaciones correctas, muy pocas confusiones (2 hacia Clase 3, 1 hacia Clase 2).

Clase 2

- 58 correctas, 1 error hacia Clase 1 y 1 hacia Clase 3.

Clase 3

- 59 correctas, leves confusiones con Clases 1, 2 y 4.

Clase 4

- 70 aciertos, sin errores.

Clase 5

- 8 aciertos, sin errores.

Clase 6

- 13 aciertos, sin errores

5.4 Deploy del APP o Web del Sistema de Predicción, de Clasificación, de Segmentación o Asociación.

6. Referencias

<https://archive.ics.uci.edu/dataset/33/dermatology>