

# Aprendizagem Automática I

## Projeto de Avaliação

-

Mestrado em Engenharia Informática  
Universidade do Minho  
Relatório

### **Grupo**

---

PG41081	José Alberto Martins Boticas
PG41091	Nelson José Dias Teixeira

13 de Janeiro de 2020

## **Resumo**

Este projeto de avaliação relativo à unidade curricular de Aprendizagem Automática I consiste, globalmente, na aplicação de uma das técnicas abordadas durante as aulas sobre um conjunto de dados. O conjunto de dados mencionado previamente é escolhido sem qualquer tipo de restrição por parte dos elementos do grupo por forma a despoletar o interesse dos mesmos durante a análise estatística dos dados presentes. Como tal, durante a execução deste trabalho prático (cuja unidade curricular integra o perfil de Ciência de Dados), surge uma motivação extra na interpretação dos resultados obtidos.

# Conteúdo

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>2</b>
1.1	Apresentação da base de dados escolhida . . . . .	2
1.2	Contextualização . . . . .	2
1.3	Definição das variáveis . . . . .	2
1.4	Objetivo de análise . . . . .	4
<b>2</b>	<b>Metodologia</b>	<b>5</b>
2.1	À descoberta do melhor modelo . . . . .	5
2.1.1	A filosofia . . . . .	5
2.1.2	Os modelos . . . . .	6
2.1.3	Qual o melhor? . . . . .	6
<b>3</b>	<b>Resultados</b>	<b>7</b>
<b>4</b>	<b>Conclusão</b>	<b>8</b>
<b>5</b>	<b>Webgrafia</b>	<b>9</b>
<b>A</b>	<b>Código dos modelos desenvolvidos</b>	<b>10</b>

# Capítulo 1

## Introdução

### 1.1 Apresentação da base de dados escolhida

A base de dados escolhida pelos dois elementos que constituem este grupo diz respeito a registos clínicos ou hospitalares de *Cleveland* com informação relativa à presença ou ausência de doenças cardíacas. Nesta pode-se encontrar exatamente 14 atributos, como por exemplo a idade e o sexo de uma dada pessoa bem como registos da sua pressão arterial.

### 1.2 Contextualização

Apesar dos progressos consideráveis na luta contra as doenças cardiovasculares, estas continuam a ser a principal causa de morte na Europa. A alimentação inadequada é responsável por cerca de metade das mortes e da incapacidade causada pelas doenças cardiovasculares.

Em Portugal, cerca de 35 mil portugueses morrem anualmente por doenças cardiovasculares, que continuam a ser a principal causa de morte e representam um terço de toda a mortalidade da população, embora muitas dessas mortes e desse sofrimento prolongado pudessem ser evitados por uma mudança simples nos hábitos alimentares.

Com estes dados, os elementos que compõem este grupo ficaram sensibilizados acerca deste tema e mostraram-se interessados em investigar os fatores que de facto influenciam o aparecimento de doenças cardíacas.

### 1.3 Definição das variáveis

No que diz respeito às variáveis associadas a esta base de dados foi relativamente acessível executar a sua análise. Contudo, o significado dos nomes atribuídos a cada uma das mesmas não é de todo trivial. Desta forma, exhibe-se de seguida de forma mais detalhada o que cada uma das variáveis representa:

- **age**: idade de uma determinada pessoa em anos;
- **sex**: sexo de uma determinada pessoa:
  - 1 : masculino;
  - 0 : feminino.
- **cp**: tipo de dor no peito (4 tipos):
  - 1 : angina típica;
  - 2 : angina atípica;

- 3 : dor não anginal;
- 4 : assintomática.
- **trestbps**: pressão arterial em repouso (em *mm Hg* de uma determinada pessoa na admissão no hospital);
- **chol**: medição do colesterol de uma determinada pessoa em *mg/dl*;
- **fbs**: açúcar no sangue em jejum  $> 120$  *mg/dl* da pessoa em causa:
  - 1 : verdadeiro;
  - 0 : falso.
- **restecg**: resultados eletrocardiográficos em repouso de uma pessoa:
  - 0 : normal;
  - 1 : com anormalidade da onda *ST-T*;
  - 2 : com provável ou definida hipertrofia ventricular esquerda pelo critério de Estes.
- **thalach**: frequência cardíaca máxima alcançada;
- **exang**: angina induzida pelo exercício:
  - 1 : sim;
  - 0 : não.
- **oldpeak**: depressão *ST* induzida por exercício em relação ao repouso;
- **slope**: a inclinação do segmento *ST* do pico do exercício:
  - 1 : ascendente;
  - 2 : plano (constante);
  - 3 : descendente.
- **ca**: número de vasos principais (0-3);
- **thal**: distúrbio sanguíneo denominado por talassemia:
  - 3 : normal;
  - 6 : defeito fixo;
  - 7 : defeito reversível.
- **target**: doença cardíaca:
  - 1 : sim;
  - 0 : não.

Ainda relativamente às incógnitas presentes na base de dados foi possível identificar tanto as variáveis quantitativas como as variáveis qualitativas ou categóricas. Apresenta-se de seguida o tipo de cada uma das variáveis presentes:

Nome da variável	Tipo de variável
age	Quantitativa discreta
sex	Qualitativa ordinal
cp	Qualitativa ordinal
trestbps	Quantitativa discreta
chol	Quantitativa discreta
fbs	Qualitativa ordinal
restecg	Qualitativa ordinal
thalach	Quantitativa discreta
exang	Qualitativa ordinal
oldpeak	Quantitativa contínua
slope	Qualitativa ordinal
ca	Quantitativa discreta
thal	Qualitativa ordinal
target	Qualitativa ordinal

## 1.4 Objetivo de análise

Perante esta base de dados, os elementos que integram este grupo procuram, com a informação disponível, prever se uma determinada pessoa possui ou não uma doença cardíaca. Consequentemente, a variável de interesse para realizar este estudo corresponde à incógnita *target*, pelo que o problema em causa é de classificação. Para além deste objetivo, vamos também perceber se existem outros fatores relativos ao coração que permitem prever certos eventos cardiovasculares.

Após traçarmos o objetivo principal na análise sobre a base de dados em causa, surgiram algumas questões da nossa parte. Apresentam-se de seguida as mesmas:

1. O que influencia o aparecimento de uma doença cardíaca?
2. Que fatores indicam a presença de uma doença cardíaca?
3. Podemos prever a existência de uma doença cardíaca com os indicadores expostos?

Consequentemente, por forma a responder a estas questões, é necessário especificar um modelo estatístico que se adequa a este contexto. Como tal, na próxima secção deste documento, é apresentado o modelo requerido.

## Capítulo 2

# Metodologia

Tal como o nome deste capítulo indica, nesta secção do documento será feita a exposição do modelo adotado pelo grupo para a análise correta dos dados presentes. À semelhança do que foi dito anteriormente, a variável de interesse presente neste conjunto de dados corresponde à incógnita *target*. Uma vez que a mesma é uma variável qualitativa ordinal, temos que o problema em causa é um problema de **classificação**. Como tal, a técnica de regressão adotada para modelar esta base de dados é nada mais nada menos do que a **regressão logística**.

### 2.1 À descoberta do melhor modelo

#### 2.1.1 A filosofia

Foram testados diversos modelos de regressão logística para se descobrir qual deles seria o melhor.

O primeiro deles foi também o mais óbvio, com todas as variáveis da base de dados como preditores:

```
model.1 <- glm(target ~ ., family = binomial, data = database)
```

A partir daqui, criaram-se diversos modelos. Uma a uma, retiram-se as variáveis não estatisticamente significativas. Depois de retiradas 5 variáveis, todas as variáveis apresentavam significância, embora uma delas apenas a 10%. Por isso, tomou-se a decisão de se experimentar mais um modelo, retirando a dita variável.

Por fim, tentou-se ainda um outro modelo, retirando do modelo inicial todas as variáveis que se revelaram não estatisticamente significativas no mesmo. Repetiu-se o processo anterior, sendo que foi apenas gerado um modelo, mas o mesmo foi descartado por ser idêntico a outro já gerado.

Embora já com sete modelos, foi decidida a tentativa de uma nova abordagem. Assim, testaram-se modelos variável a variável. A partir destes, escolheram-se as variáveis que tivessem significância a 0.1% (máxima medida do R). Com estas, gerou-se um novo modelo. De realçar que o mesmo é diferente de todos os testados anteriormente.

A remoção de variáveis não estatisticamente significativas gerou um novo modelo, mas o mesmo foi descartado por ser igual a um alcançado anteriormente.

### 2.1.2 Os modelos

Modelo	1	2	3	4	5	6	7	8
age	x	x						x
sex	x	x	x	x	x	x	x	x
cp	x	x	x	x	x	x	x	x
trestbps	x	x	x	x	x	x	x	x
chol	x	x	x					
fbs	x							
restecg	x	x	x	x	x			
thalach	x	x	x	x	x	x	x	x
exang	x	x	x	x	x	x	x	x
oldpeak	x	x	x	x	x	x	x	x
slope	x	x	x	x			x	x
ca	x	x	x	x	x	x	x	x
thal	x	x	x	x	x	x	x	x

### 2.1.3 Qual o melhor?

Desenvolvidos os modelos, procedeu-se ao seu estudo. Foram feitas, entre outras, duas análises principais:

- a percentagem de predições corretas, com recurso à função `predict(., type="response")` e usando como ponto de corte de probabilidade de doença 55%;
- o erro médio dado pela avaliação *cross-validation* - *leave-one-out*, sendo esse erro médio a proporção de classificações corretas, usando o mesmo ponto de corte (55%).

Modelo	Predições corretas	Erro médio - Leave-one-out
<b>1</b>	85.48%	15.18%
<b>2</b>	85.48%	14.85%
<b>3</b>	85.48%	14.52%
<b>4</b>	85.81%	13.86%
<b>5</b>	85.81%	14.52%
<b>6</b>	84.49%	15.51%
<b>7</b>	85.81%	14.85%
<b>8</b>	86.14%	14.19%

Destas análises, é possível perceber que os modelos têm resultados semelhantes. No entanto, é possível perceber que alguns deles se destacam.

Vamos então destacar dois destes modelos: **4** e **8**. O primeiro destacam-se pela proporção de erro médio, com a técnica de *leave-one-out*, mais baixa. O último destaca-se pela proporção de classificações corretas, utilizando toda a base de dados, mais elevada.

Comparando estes modelos, percebemos que a decisão por um deles se prenderá pela importância que dermos a cada uma das análises. Na opinião dos autores deste relatório, a segunda (erro médio) parece a mais relevante, uma vez que se avalia a capacidade do modelo prever dados que não pertencem à base de dados que serviu de treino.

Portanto, o modelo escolhido é o modelo número 4.



## Capítulo 3

# Resultados

Do capítulo anterior, podemos retirar a conclusão de que o modelo não deverá conseguir uma proporção de acerto perto dos 90%. Apesar de parecer um valor elevado, diz-nos que 1 em cada 10 predições será incorreta.

Respondamos às perguntas feitas no início deste relatório:

### 1. O que influencia o aparecimento de uma doença cardíaca?

Ao contrário do que se poderia pensar, os níveis de colesterol não parecem ser um bom indicador da presença de uma doença cardíaca, embora seja possível, através do estudo do primeiro modelo, perceber que níveis de colesterol superiores a  $120\text{mg/dl}$  aumentam a probabilidade. Por outro lado, a pressão arterial e a existência de doenças de sangue, do grupo talassemia, parecem ser fatores que influenciam o aparecimento destas doenças, pelo que um cuidado acompanhamento destes fatores pode ser importante para evitar uma doença cardíaca ou o diagnóstico precoce de uma.

### 2. Que fatores podem indicar a presença de doença cardíaca?

Através do estudo realizado, é possível perceber que a resposta ao exercício físico pode ser um indicador que permita identificar uma doença cardíaca. Mais concretamente, deve ter-se em atenção a angina (dor torácica) induzida pelo exercício físico, a frequência cardíaca máxima alcançada e a inclinação do segmento ST no eletrocardiograma, no pico do exercício. Obviamente que, tal como referido anteriormente, a presença de uma doença sanguínea também dar pistas importantes nesse sentido. Por fim, o número de vasos sanguíneos também aparenta ser um bom indicador da presença de uma doença cardíaca.

### 3. Podemos prever a existência de uma doença cardíaca com os indicadores expostos?

O estudo indica que poderá ser possível prever a existência de uma doença cardíaca, mas indica que a fiabilidade não é tão elevada como se gostaria. No entanto, vários fatores podem influenciar os valores conseguidos, como o tamanho da base de dados, que parece ser algo curta (303 entradas). Com o mesmo tipo de preditores e uma base de dados mais extensa, é de prever melhorias nas avaliações.

Mas será isto necessário? Não conseguirá um médico especializado, com recurso aos mesmos dados, identificar uma doença cardíaca num paciente?

## Capítulo 4

# Conclusão

Após a apresentação da metodologia e dos resultados obtidos durante análise estatística desta base de dados, dá-se por concluído a realização deste trabalho prático. Com o modelo implementado (e ainda outros desenvolvidos), foi possível dar resposta às perguntas inicialmente traçadas, extraindo informação relevante para a compreensão e interpretação do contexto em causa. Consequentemente, foi também possível alcançar os objectivos delineados na introdução deste documento.

De notar também que apesar da dimensão reduzida desta base de dados foi possível especificar um modelo adequado para o efeito, ainda que o mesmo não seja o melhor. Uma base de dados mais extensa pode ser a resposta para melhores predições.

Foi ainda possível concluir que nem todas as variáveis da base de dados são relevantes na previsão da existência de uma doença cardíaca, pelo que a sua substituição pode ser um passo importante na melhoria dos modelos gerados.

## Capítulo 5

# Webgrafia

- *Website* indicado pela docente:  
*<https://www.kaggle.com/datasets>*
- *Website* com o resumo da base de dados escolhida:  
*<https://www.kaggle.com/ronitf/heart-disease-uci>*
- *Website* com a informação oficial da base de dados escolhida:  
*<https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Heart+Disease>*

## Apêndice A

# Código dos modelos desenvolvidos

```
DarkGreen##DarkGreen DarkGreenCarregarDarkGreen DarkGreenaDarkGreen DarkGreenbase
  DarkGreen DarkGreendeDarkGreen DarkGreendados
db <- bluread::bluecsv(bluefile=DarkGreen"DarkGreendatabaseDarkGreen/DarkGreenheart
  DarkGreen.DarkGreencsvDarkGreen", header=T)

bluencol(db)
bluenrow(db)
bluecolnames(db)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreenGarantirDarkGreen DarkGreenqueDarkGreen DarkGreennao
  DarkGreen DarkGreenexistemDarkGreen DarkGreenvaloresDarkGreen DarkGreenem
  DarkGreen DarkGreenfaltaDarkGreen.
bluesum(blueis.bluna(db))

DarkGreen##DarkGreen#####DarkGreen DarkGreenMODELOSDarkGreen
  DarkGreen#####

DarkGreen##DarkGreen DarkGreentodasDarkGreen DarkGreenasDarkGreen DarkGreenvariaveis
bluemodel.blue1 = blueglm(target ~ ., bluefamily=bluebinomial, data=db)
bluesummary(bluemodel.blue1)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreensemDarkGreen DarkGreenfbs
bluemodel.blue2 = blueglm(target ~ age+sex+cp+trestbps+bluechol+restecg+thalach+
  exang+oldpeak+slope+ca+thal, data = db, bluefamily = bluebinomial)
bluesummary(bluemodel.blue2)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreensemDarkGreen DarkGreenage
bluemodel.blue3 = blueglm(target ~ sex+cp+trestbps+bluechol+restecg+thalach+exang
  +oldpeak+slope+ca+thal, data = db, bluefamily = bluebinomial)
bluesummary(bluemodel.blue3)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreensemDarkGreen DarkGreenchol
bluemodel.blue4 = blueglm(target ~ sex+cp+trestbps+restecg+thalach+exang+oldpeak
  +slope+ca+thal, data = db, bluefamily = bluebinomial)
bluesummary(bluemodel.blue4)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreensemDarkGreen DarkGreenslope
bluemodel.blue5 = blueglm(target ~ sex+cp+trestbps+restecg+thalach+exang+oldpeak
  +ca+thal, data = db, bluefamily = bluebinomial)
bluesummary(bluemodel.blue5) DarkGreen##DarkGreen DarkGreenjaDarkGreen DarkGreensao
  DarkGreen DarkGreentodasDarkGreen DarkGreensignificativasDarkGreen,DarkGreen
  DarkGreenmasDarkGreen DarkGreenumaDarkGreen DarkGreeneDarkGreen DarkGreena
  DarkGreen blue1blue0DarkGreen%

DarkGreen##DarkGreen DarkGreensemDarkGreen DarkGreenrestecg DarkGreen,DarkGreen
  DarkGreenparaDarkGreen DarkGreenficaremDarkGreen DarkGreentodasDarkGreen
  DarkGreenaDarkGreen blue5DarkGreen%
bluemodel.blue6 = blueglm(target ~ sex+cp+trestbps+thalach+exang+oldpeak+ca+thal
  , data = db, bluefamily = bluebinomial)
```

```

bluesummary (bluemodel . blue6)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreenprimeiroDarkGreen DarkGreenmodeloDarkGreen
  DarkGreentirandoDarkGreen DarkGreentodasDarkGreen DarkGreenasDarkGreen
  DarkGreenvarsDarkGreen DarkGreennaoDarkGreen DarkGreensignificativas
bluemodel . blue7 = blueglm (target ~ sex+cp+trestbps+thalach+exang+oldpeak+slope+
  ca+thal, bluefamily=bluebinomial, data=db)
bluesummary (bluemodel . blue7)

DarkGreen##DarkGreen#####DarkGreen DarkGreenTESTESDarkGreen
  DarkGreen#####

bluemodel . test blue1 <- blueglm (target ~ age, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue2 <- blueglm (target ~ sex, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue3 <- blueglm (target ~ cp, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue4 <- blueglm (target ~ trestbps, data=db, bluefamily=bluebinomial
)
bluemodel . test blue5 <- blueglm (target ~ bluechol, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue6 <- blueglm (target ~ fbs, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue7 <- blueglm (target ~ restecg, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue8 <- blueglm (target ~ thalach, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue9 <- blueglm (target ~ exang, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue1blue0 <- blueglm (target ~ oldpeak, data=db, bluefamily=
  bluebinomial)
bluemodel . test blue1blue1 <- blueglm (target ~ slope, data=db, bluefamily=
  bluebinomial)
bluemodel . test blue1blue2 <- blueglm (target ~ ca, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluemodel . test blue1blue3 <- blueglm (target ~ thal, data=db, bluefamily=bluebinomial
)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreenModeloDarkGreen DarkGreenconstruidoDarkGreen DarkGreena
  DarkGreen DarkGreenpartirDarkGreen DarkGreendaDarkGreen DarkGreenanalise
  DarkGreen DarkGreenanterior
bluemodel . blue8 = blueglm (target ~ sex+age+cp+trestbps+thalach+exang+oldpeak+
  slope+ca+thal, data=db, bluefamily=bluebinomial)
bluesummary (bluemodel . blue8)

DarkGreen##DarkGreen##DarkGreen DarkGreenQualDarkGreen DarkGreenoDarkGreen
  DarkGreenmelhorDarkGreen DarkGreenmodeloDarkGreen?
DarkGreen##DarkGreen DarkGreenProporcaoDarkGreen DarkGreenedeDarkGreen
  DarkGreenclassificacoesDarkGreen DarkGreencorretas
probs . blue1 = bluepredict (bluemodel . blue1, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue1 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue1 [ probs . blue1 >
  blue0 . blue5blue5] = blue1
probs . blue2 = bluepredict (bluemodel . blue2, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue2 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue2 [ probs . blue2 >
  blue0 . blue5blue5] = blue1
probs . blue3 = bluepredict (bluemodel . blue3, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue3 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue3 [ probs . blue3 >
  blue0 . blue5blue5] = blue1
probs . blue4 = bluepredict (bluemodel . blue4, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue4 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue4 [ probs . blue4 >
  blue0 . blue5blue5] = blue1
probs . blue5 = bluepredict (bluemodel . blue5, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue5 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue5 [ probs . blue5 >
  blue0 . blue5blue5] = blue1
probs . blue6 = bluepredict (bluemodel . blue6, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue6 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue6 [ probs . blue6 >
  blue0 . blue5blue5] = blue1
probs . blue7 = bluepredict (bluemodel . blue7, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue7 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue7 [ probs . blue7 >
  blue0 . blue5blue5] = blue1
probs . blue8 = bluepredict (bluemodel . blue8, type=DarkGreen"DarkGreenresponse
  DarkGreen"); pred . blue8 = blurep (blue0, blue3blue0blue3); pred . blue8 [ probs . blue8 >

```

```

blue0.blue5blue5] = blue1

bluemean(pred.blue1 == db$target)
bluemean(pred.blue2 == db$target)
bluemean(pred.blue3 == db$target)
bluemean(pred.blue4 == db$target)
bluemean(pred.blue5 == db$target)
bluemean(pred.blue6 == db$target)
bluemean(pred.blue7 == db$target)
bluemean(pred.blue8 == db$target)

DarkGreen##DarkGreen DarkGreenCrossDarkGreenDarkGreen validationDarkGreen DarkGreen-
DarkGreen DarkGreenLeaveDarkGreenDarkGreenoneDarkGreenDarkGreenout
bluelibrary(boot)

mycost = bluefunction(r, pi = blue0) bluemean(blueabs(r-pi)) > blue0.blue5blue5

cv.errblue1 = bluec(); cv.errblue2 = bluec(); cv.errblue3 = bluec(); cv.errblue4 =
bluec()
cv.errblue5 = bluec(); cv.errblue6 = bluec(); cv.errblue7 = bluec(); cv.errblue8 =
bluec()

s = bluenrow(db)

cv.errblue1 <- bluec(cv.errblue1, cv.blueglm(db, bluemodel.blue1, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue2 <- bluec(cv.errblue2, cv.blueglm(db, bluemodel.blue2, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue3 <- bluec(cv.errblue3, cv.blueglm(db, bluemodel.blue3, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue4 <- bluec(cv.errblue4, cv.blueglm(db, bluemodel.blue4, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue5 <- bluec(cv.errblue5, cv.blueglm(db, bluemodel.blue5, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue6 <- bluec(cv.errblue6, cv.blueglm(db, bluemodel.blue6, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue7 <- bluec(cv.errblue7, cv.blueglm(db, bluemodel.blue7, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue8 <- bluec(cv.errblue8, cv.blueglm(db, bluemodel.blue8, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])
cv.errblue9 <- bluec(cv.errblue9, cv.blueglm(db, bluemodel.blue9, cost=mycost, K=s)
$delta[blue1])

cv.errblue1
cv.errblue2
cv.errblue3
cv.errblue4
cv.errblue5
cv.errblue6
cv.errblue7
cv.errblue8

```