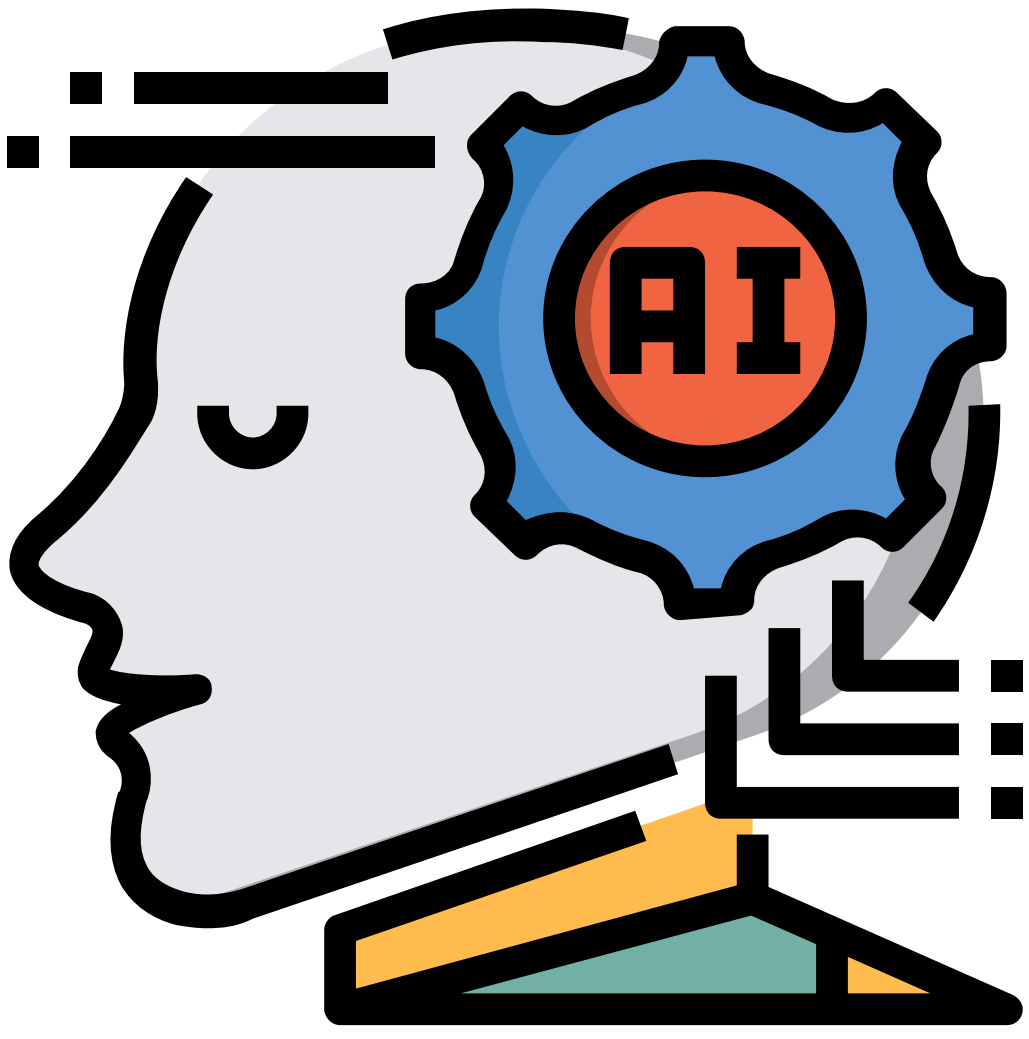
Universidad Nacional Autónoma de México
Facultad de Ingeniería

Inteligencia Artificial

PRÁCTICA 9. REGRESIÓN LOGÍSTICA

Casasola García Oscar
316123747
oscar.casasola.g7@gmail.com
Grupo 03

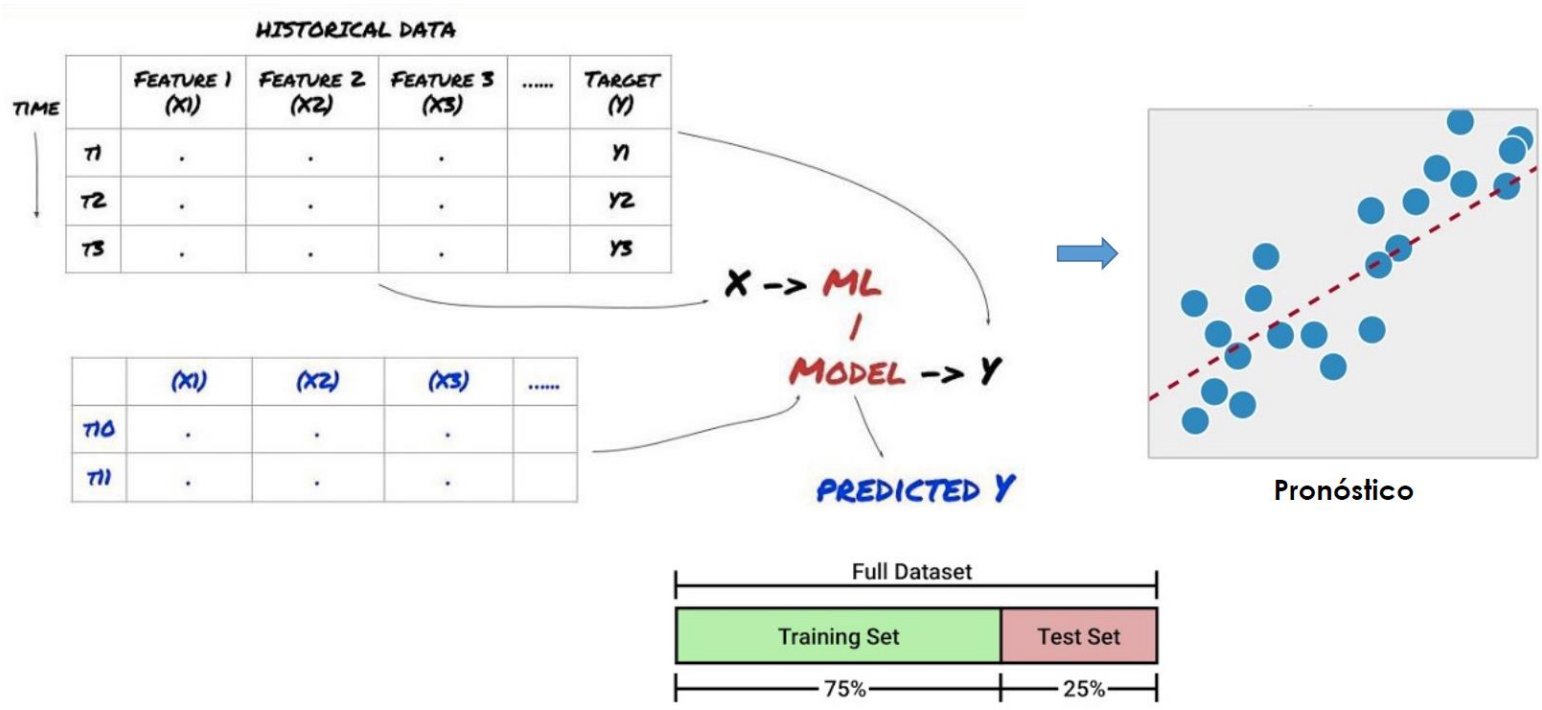


Profesor: Dr. Guillermo Gilberto Molero Castillo
Semestre 2022-1

Contenido

Contexto

Objetivo: Clasificar registros clínicos de tumores malignos y benignos de cáncer de mama a partir de imágenes digitalizadas.



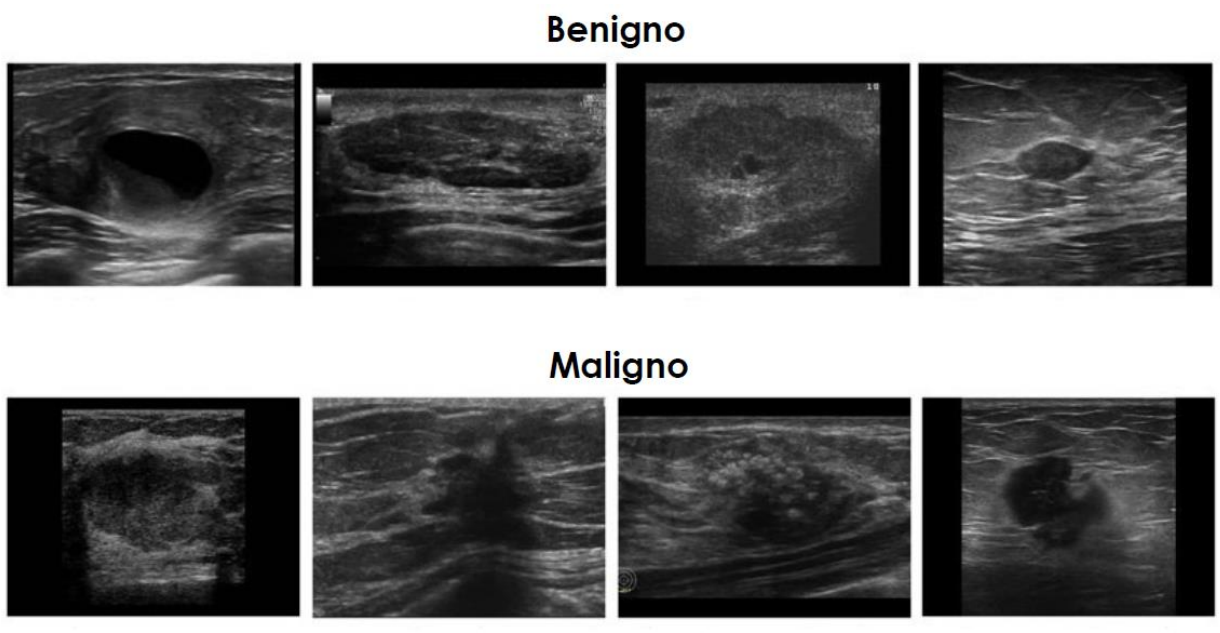
Fuente de datos

Estudios clínicos a partir de imágenes digitalizadas de pacientes con cáncer de mama de Wisconsin (WDBC, Wisconsin Diagnostic Breast Cancer).

Variable	Descripción	Tipo
ID number	Identifica al paciente	Discreto
Diagnosis	Diagnostico (M=maligno, B=benigno)	Booleano
Radius	Media de las distancias del centro y puntos del perímetro	Continuo
Texture	Desviación estándar de la escala de grises	Continuo
Perimeter	Valor del perímetro del cáncer de mama	Continuo
Area	Valor del área del cáncer de mama	Continuo
Smoothness	Variación de la longitud del radio	Continuo
Compactness	Perímetro ^ 2 /Area - 1	Continuo
Concavity	Caída o gravedad de las curvas de nivel	Continuo
Concave points	Número de sectores de contorno cóncavo	Continuo
Symmetry	Simetría de la imagen	Continuo
Fractal dimension	"Aproximación de frontera" - 1	Continuo

Fuente: https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Breast+Cancer+Wisconsin+(Diagnostic)

Registros clínicos de cáncer de mama a partir de imágenes digitalizadas.



Preparación del entorno de ejecución

1) Importar las bibliotecas necesarias

```
import pandas as pd                # Para la manipulación y análisis de datos
import numpy as np                 # Para crear vectores y matrices n dimensionales
import matplotlib.pyplot as plt    # Para la generación de gráficas a partir de los datos
import seaborn as sns              # Para la visualización de datos basado en matplotlib
%matplotlib inline
```

2) Importar los datos

Fuente de datos: WDBCOriginal.csv

```
# Si se usa Google Colab
#from google.colab import files
#files.upload()

# Si se importan los datos desde Drive
#from google.colab import drive
#drive.mount('/content/drive')
```

```
BCancer = pd.read_csv("WDBCOriginal.csv")
BCancer
```

	IDNumber	Diagnosis	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	FractalDimension
0	P-842302	M	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	0.27760	0.30010	0.14710	0.2419	0.07871
1	P-842517	M	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	0.07864	0.08690	0.07017	0.1812	0.05667
2	P-84300903	M	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	0.15990	0.19740	0.12790	0.2069	0.05999
3	P-84348301	M	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	0.28390	0.24140	0.10520	0.2597	0.09744
4	P-84358402	M	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	0.13280	0.19800	0.10430	0.1809	0.05883
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
564	P-926424	M	21.56	22.39	142.00	1479.0	0.11100	0.11590	0.24390	0.13890	0.1726	0.05623
565	P-926682	M	20.13	28.25	131.20	1261.0	0.09780	0.10340	0.14400	0.09791	0.1752	0.05533
566	P-926954	M	16.60	28.08	108.30	858.1	0.08455	0.10230	0.09251	0.05302	0.1590	0.05648
567	P-927241	M	20.60	29.33	140.10	1265.0	0.11780	0.27700	0.35140	0.15200	0.2397	0.07016
568	P-92751	B	7.76	24.54	47.92	181.0	0.05263	0.04362	0.00000	0.00000	0.1587	0.05884

569 rows × 12 columns

```
print(BCancer.groupby('Diagnosis').size())
# De una población total de 569 muestras, 357 presentan un tipo de cáncer benigno y 212 maligno.
```

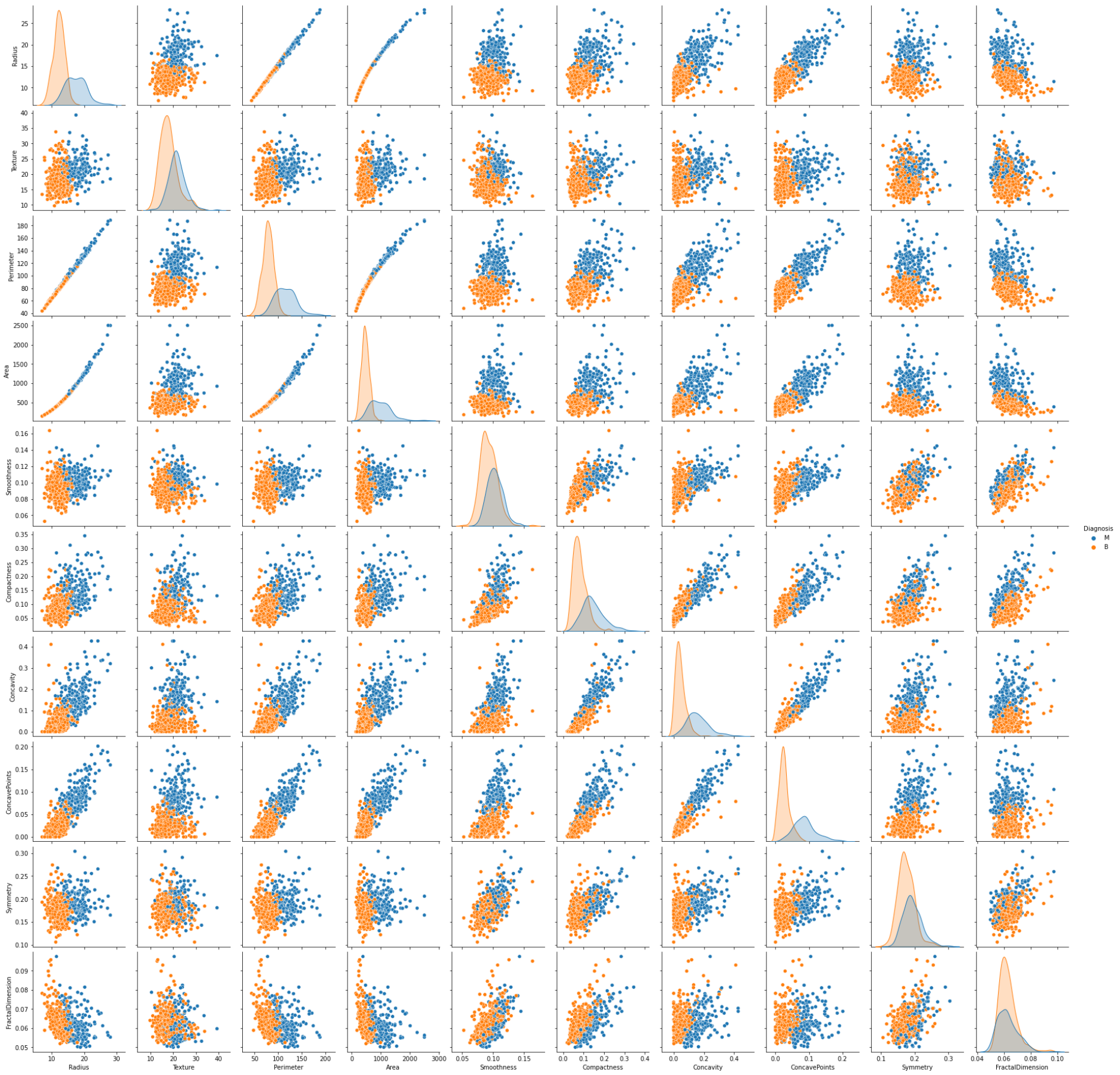
```
Diagnosis
B    357
M    212
dtype: int64
```

Selección de características

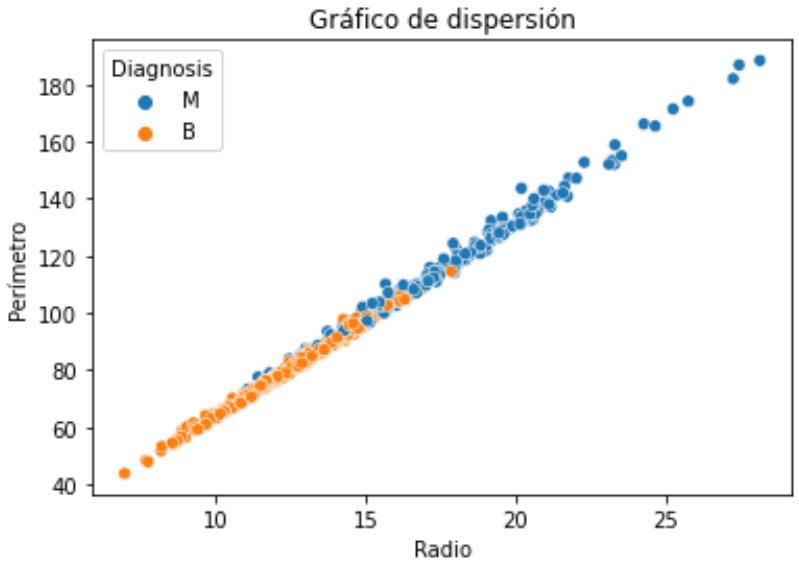
Evaluación visual

Se utiliza una matriz de correlaciones con el propósito de seleccionar variables significativas.

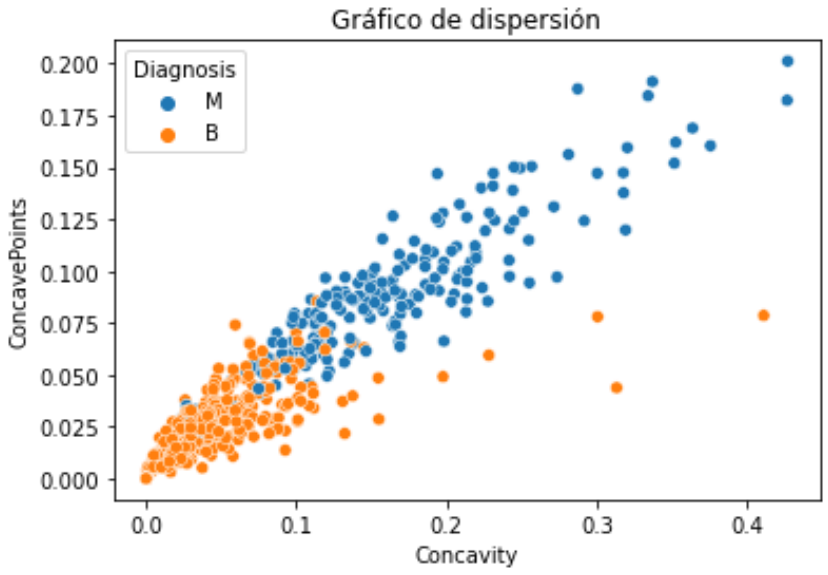
```
sns.pairplot(BCancer, hue='Diagnosis')
plt.show()
```




```
#plt.plot(BCancer['Radius'], BCancer['Perimeter'], 'b+')
sns.scatterplot(x='Radius', y='Perimeter',data=BCancer, hue='Diagnosis')
plt.title('Gráfico de dispersión')
plt.xlabel('Radio')
plt.ylabel('Perímetro')
plt.show()
```




```
#plt.plot(BCancer['Concavity'], BCancer['ConcavePoints'], 'b+')
sns.scatterplot(x='Concavity', y='ConcavePoints',data=BCancer, hue='Diagnosis')
plt.title('Gráfico de dispersión')
plt.xlabel('Concavity')
plt.ylabel('ConcavePoints')
plt.show()
```

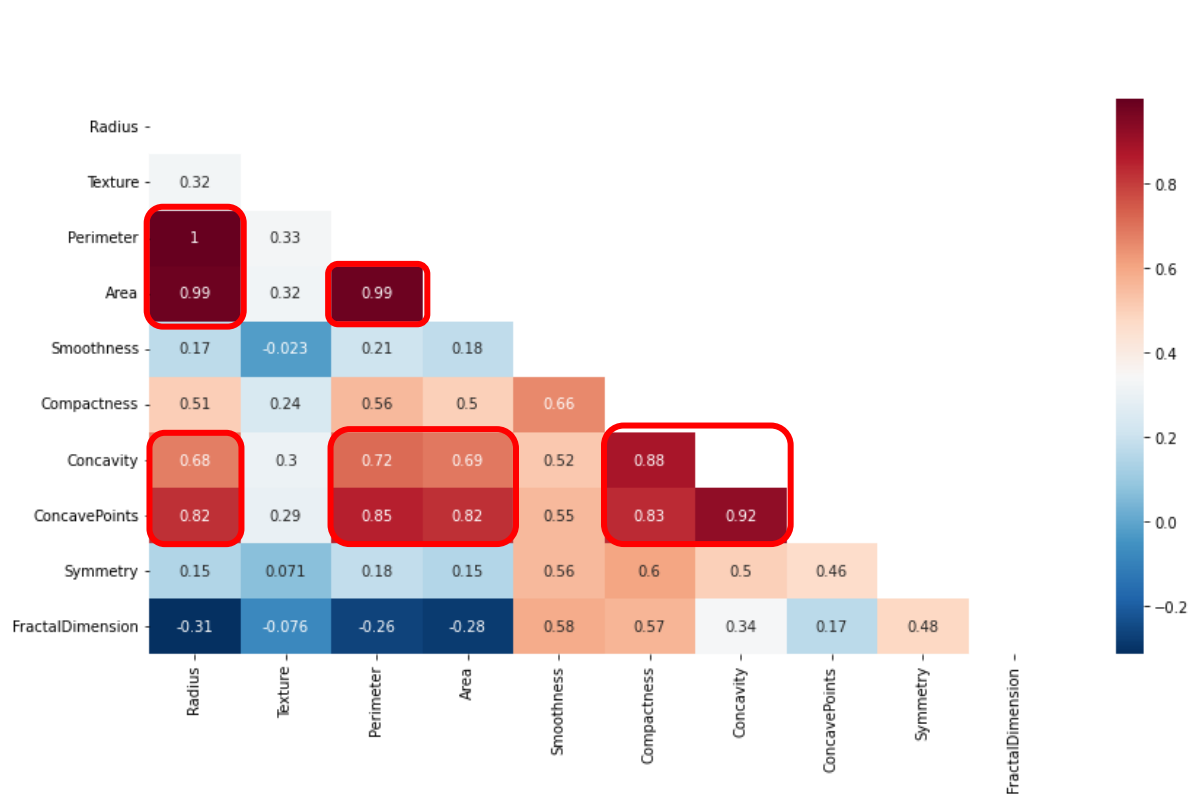


Matriz de correlaciones

```
CorrBCancer = BCancer.corr(method='pearson')
CorrBCancer
```

	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	FractalDimension
Radius	1.000000	0.323782	0.997855	0.987357	0.170581	0.506124	0.676764	0.822529	0.147741	-0.311631
Texture	0.323782	1.000000	0.329533	0.321086	-0.023389	0.236702	0.302418	0.293464	0.071401	-0.076437
Perimeter	0.997855	0.329533	1.000000	0.986507	0.207278	0.556936	0.716136	0.850977	0.183027	-0.261477
Area	0.987357	0.321086	0.986507	1.000000	0.177028	0.498502	0.685983	0.823269	0.151293	-0.283110
Smoothness	0.170581	-0.023389	0.207278	0.177028	1.000000	0.659123	0.521984	0.553695	0.557775	0.584792
Compactness	0.506124	0.236702	0.556936	0.498502	0.659123	1.000000	0.883121	0.831135	0.602641	0.565369
Concavity	0.676764	0.302418	0.716136	0.685983	0.521984	0.883121	1.000000	0.921391	0.500667	0.336783
ConcavePoints	0.822529	0.293464	0.850977	0.823269	0.553695	0.831135	0.921391	1.000000	0.462497	0.166917
Symmetry	0.147741	0.071401	0.183027	0.151293	0.557775	0.602641	0.500667	0.462497	1.000000	0.479921
FractalDimension	-0.311631	-0.076437	-0.261477	-0.283110	0.584792	0.565369	0.336783	0.166917	0.479921	1.000000

```
plt.figure(figsize=(14,7))
MatrizInf = np.triu(BCancer.corr())
sns.heatmap(BCancer.corr(), cmap='RdBu_r', annot=True, mask=MatrizInf)
plt.show()
```



Variables seleccionadas:

1) Textura [Posición 3]
2) Area [Posición 5]
3) Smoothness [Posición 6]
4) Compactness [Posición 7]
5) Symmetry [Posición 10]
6) FractalDimension [Posición 11]

Definición de variables predictoras (X) y variable clase (Y)

```
BCancer = BCancer.replace({'M': 0, 'B': 1})
BCancer
```

	IDNumber	Diagnosis	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	FractalDimension
0	P-842302	0	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	0.27760	0.30010	0.14710	0.2419	0.07871
1	P-842517	0	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	0.07864	0.08690	0.07017	0.1812	0.05667
2	P-84300903	0	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	0.15990	0.19740	0.12790	0.2069	0.05999
3	P-84348301	0	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	0.28390	0.24140	0.10520	0.2597	0.09744
4	P-84358402	0	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	0.13280	0.19800	0.10430	0.1809	0.05883
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
564	P-926424	0	21.56	22.39	142.00	1479.0	0.11100	0.11590	0.24390	0.13890	0.1726	0.05623
565	P-926682	0	20.13	28.25	131.20	1261.0	0.09780	0.10340	0.14400	0.09791	0.1752	0.05533
566	P-926954	0	16.60	28.08	108.30	858.1	0.08455	0.10230	0.09251	0.05302	0.1590	0.05648
567	P-927241	0	20.60	29.33	140.10	1265.0	0.11780	0.27700	0.35140	0.15200	0.2397	0.07016
568	P-92751	1	7.76	24.54	47.92	181.0	0.05263	0.04362	0.00000	0.00000	0.1587	0.05884

569 rows × 12 columns

```
print(BCancer.groupby('Diagnosis').size())

# 0 = MALIGNO: 212 muestras
# 1 = BENIGNO: 357 muestras
```

```
# Variables predictoras
X = np.array(BCancer[['Texture','Area','Smoothness','Compactness','Symmetry', 'FractalDimension']])
# X = BCancer.iloc[:, [3,5,6,7,10,11]].values # iloc para seleccionar filas y columnas según su posición
pd.DataFrame(X)
```

	0	1	2	3	4	5
0	10.38	1001.0	0.11840	0.27760	0.2419	0.07871
1	17.77	1326.0	0.08474	0.07864	0.1812	0.05667
2	21.25	1203.0	0.10960	0.15990	0.2069	0.05999
3	20.38	386.1	0.14250	0.28390	0.2597	0.09744
4	14.34	1297.0	0.10030	0.13280	0.1809	0.05883
...	...	...	...	...	...	...
564	22.39	1479.0	0.11100	0.11590	0.1726	0.05623
565	28.25	1261.0	0.09780	0.10340	0.1752	0.05533
566	28.08	858.1	0.08455	0.10230	0.1590	0.05648
567	29.33	1265.0	0.11780	0.27700	0.2397	0.07016
568	24.54	181.0	0.05263	0.04362	0.1587	0.05884

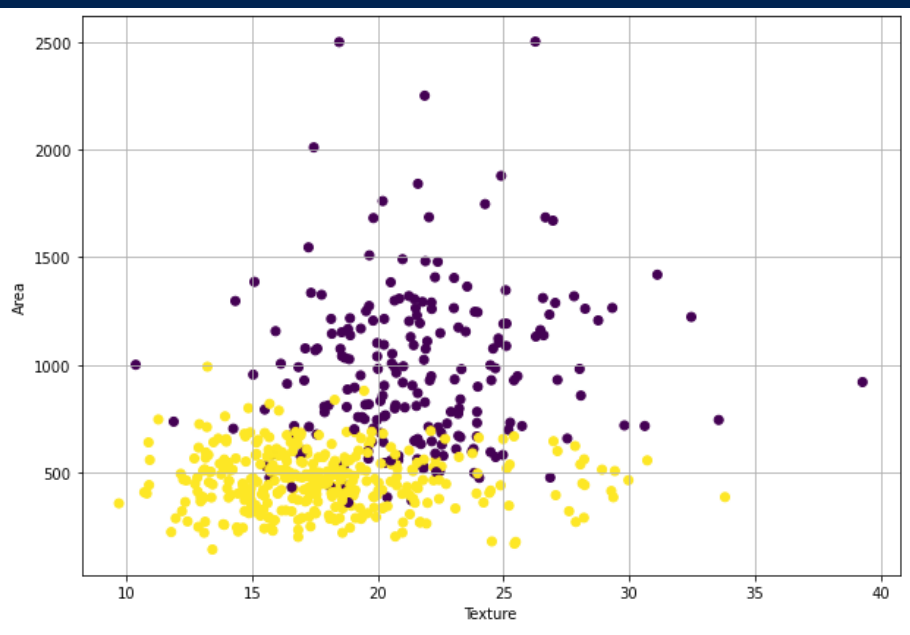
569 rows × 6 columns

```
# Variable Clase
Y = np.array(BCancer['Diagnosis'])
pd.DataFrame(Y)
```

	0
0	0
1	0
2	0
3	0
4	0
...	...
564	0
565	0
566	0
567	0
568	1

569 rows × 1 columns

```
plt.figure(figsize=(10,7))
plt.scatter(X[:,0], X[:,1], c = BCancer.Diagnosis)
plt.grid()
plt.xlabel('Texture')
plt.ylabel('Area')
plt.show()
# En morado Cáncer maligno
# En amarillo Cáncer benigno
```



Aplicación del algoritmo

Regresión logística

```
# Se importan las bibliotecas necesarias
from sklearn import linear_model # Para la regresión lineal / pip install scikit-learn
from sklearn import model_selection
```

```
from sklearn.metrics import classification_report, confusion_matrix, accuracy_score

X_train, X_validation, Y_train, Y_validation = model_selection.train_test_split(X, Y, test_size=0.2, random_state=1234,
shuffle=True)

# Datos de entrenamiento: 70, 75 u 80% de los datos
# Datos de prueba: 20, 25 o 30% de los datos
```

Se hace la división de los datos

```
pd.DataFrame(X_train)
```

	0	1	2	3	4	5
0	18.22	493.1	0.12180	0.16610	0.1709	0.07253
1	22.44	378.4	0.09566	0.08194	0.2030	0.06552
2	20.76	480.4	0.09933	0.12090	0.1735	0.07070
3	23.84	499.0	0.11220	0.12620	0.1905	0.06590
4	18.32	340.9	0.08142	0.04462	0.2372	0.05768
...	...	...	...	...	...	...
450	15.18	587.4	0.09516	0.07688	0.2110	0.05853
451	15.10	1386.0	0.10010	0.15150	0.1973	0.06183
452	18.60	481.9	0.09965	0.10580	0.1925	0.06373
453	18.70	1033.0	0.11480	0.14850	0.2092	0.06310
454	13.78	492.1	0.09667	0.08393	0.1638	0.06100

455 rows × 6 columns

```
pd.DataFrame(Y_train)
```

	0
0	1
1	1
2	1
3	0
4	1
...	...
450	1
451	0
452	1
453	0
454	1

455 rows × 1 columns

Entrando el modelo

```
# Se entrena el modelo a partir de los datos de entrada
Clasificacion = linear_model.LogisticRegression() # Se crea el modelo
Clasificacion.fit(X_train, Y_train) # Se entrena el modelo
```

```
# Predicciones probabilísticas
Probabilidad = Clasificacion.predict_proba(X_train)
pd.DataFrame(Probabilidad)
```

	0	1
0	0.095368	0.904632
1	0.051662	0.948338
2	0.116534	0.883466
3	0.235630	0.764370
4	0.014660	0.985340
...	...	...
450	0.118724	0.881276
451	0.999155	0.000845
452	0.079253	0.920747
453	0.979264	0.020736
454	0.033240	0.966760

455 rows × 2 columns

```
# Predicciones probabilísticas de los datos de prueba
Probabilidad = Clasificacion.predict_proba(X_validation)
pd.DataFrame(Probabilidad) # A partir de las probabilidades se hacen el etiqueta de si es cancerígeno o no
```

	0	1
0	0.050099	9.499011e-01
1	0.003135	9.968647e-01
2	0.057000	9.430004e-01
3	0.011637	9.883630e-01
4	0.065728	9.342722e-01
...	...	...
109	0.057255	9.427452e-01
110	0.990748	9.252494e-03
111	0.066344	9.336558e-01
112	0.186568	8.134320e-01
113	1.000000	3.283193e-10

114 rows × 2 columns

```
# Predicciones con clasificación final
Predicciones = Clasificacion.predict(X_validation)
pd.DataFrame(Predicciones) # A partir de las probabilidades obtenidas anteriormente
# se hace el etiquetado de si es cancerígeno o no
```

	0
0	1
1	1
2	1
3	1
4	1
...	...
109	1
110	0
111	1
112	1
113	0

114 rows × 1 columns

```
# Se calcula la exactitud promedio de la validación
Clasificacion.score(X_validation, Y_validation)
# Se tiene un 93% de exactitud este modelo: 0.9385964912280702
```

Validación del modelo

```
# Matriz de clasificación
Y_Clasificacion = Clasificacion.predict(X_validation)
Matriz_Clasificacion = pd.crosstab(Y_validation.ravel(), Y_Clasificacion, rownames=['Real'], colnames=['Clasificación'])
Matriz_Clasificacion

# El modelo se equivocó en un total de 7 casos, de los cuales 6 fueron falsos positivos y 1 falso negativo

# Para los casos benignos, se equivocó 6 de 68 veces.
# Para los casos malignos, se equivocó 1 de 39 veces.
```

Clasificación	0	1
Real		
0	39	6
1	1	68

		Predicción	
		Positivos	**Negativos**
Observación	**Positivos**	Verdaderos Positivos (VP): **68**	Falsos Negativos (FN): **1**
	Negativos	Falsos Positivos (FP): **6**	Verdaderos Negativos (VN): **39**

```
# Reporte de clasificación
print(classification_report(Y_validation, Y_Clasificacion))
print("Exactitud", Clasificacion.score(X_validation, Y_validation))
print("Precisión: ",classification_report(Y_validation, Y_Clasificacion).split()[10])
print("Tasa de error: ",1-Clasificacion.score(X_validation, Y_validation))
print("Sensibilidad: ",classification_report(Y_validation, Y_Clasificacion).split()[11])
print("Especificidad: ",classification_report(Y_validation, Y_Clasificacion).split()[6])
# Precisión positiva del 92% (92% de exactitud al clasificar casos de cáncer benigno)
# Precisión negativa del 97% (97% de exactitud al clasificar casos de cáncer maligno)
# En general, el modelo es muy bueno, ya que tiene casi 94% de exactitud. (93.86%)
```

```
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.97      0.87      0.92        45
           1       0.92      0.99      0.95        69

    accuracy                           0.94       114
   macro avg       0.95      0.93      0.93       114
weighted avg       0.94      0.94      0.94       114

Exactitud 0.9385964912280702
Precisión:  0.92
Tasa de error:  0.06140350877192979
Sensibilidad:  0.99
Especificidad:  0.87
```

Modelo de clasificación

```
# Ecuación del modelo
print("Intercept:",Clasificacion.intercept_)
print("Coeficientes:\n",Clasificacion.coef_)

print("--------------------------------------------------------------------------------")
print("Prob = 1/1+e^-(a+bX))")
print("Ecuación del modelo: ")
print("a + bX =",Clasificacion.intercept_[0],"+",Clasificacion.coef_[0][0],"(Texture) +",Clasificacion.coef_[0][1],"(Area) +"
,Clasificacion.coef_[0][2],"(Smoothness) +",Clasificacion.coef_[0][3],"(Compactness) +",Clasificacion.coef_[0][4],"(Symmetry) +"
,Clasificacion.coef_[0][5],"(FractalDimension)")
```

```
Intercept: [12.0257237]
Coeficientes:
 [[-0.19554751 -0.01115866 -0.70751733 -2.59203115 -1.02579301 -0.25791963]]
--------------------------------------------------------------------------------
Prob = 1/1+e^-(a+bX))
Ecuación del modelo:
a + bX = 12.025723696713875 + -0.1955475098553405 (Texture) + -0.011158662774132208 (Area) + -0.7075173348241377 (Smoothness) + -2.5920311534823033
(Compactness) + -1.025793012754667 (Symmetry) + -0.25791963148918834 (FractalDimension)
```

Nuevos pronósticos

```
# Paciente P-842302 (1) Tumor maligno
PacienteID1 = pd.DataFrame({'Texture':[10.38],
                            'Area':[1001.0],
                            'Smoothness':[0.11840],
                            'Compactness':[0.27760],
                            'Symmetry':[0.2419],
                            'FractalDimension':[0.07871]})
Clasificacion.predict(PacienteID1)
```

De acuerdo con nuestro modelo y con los datos ingresados, este paciente tiene un tumor maligno.

```
# Paciente P-92751 (569) Tumor benigno
PacienteID2 = pd.DataFrame({'Texture':[24.54],
                            'Area':[181.0],
                            'Smoothness':[0.05263],
                            'Compactness':[0.04362],
                            'Symmetry':[0.1587],
                            'FractalDimension':[0.05884]})
Clasificacion.predict(PacienteID2)
```

De acuerdo con nuestro modelo y con los datos ingresados, este paciente tiene un tumor benigno.

Conclusiones

En esta práctica, a través de registros clínicos de cáncer de mama tomados de imágenes digitalizadas de la WDBC (Wisconsin Diagnostic Breast Cancer), se pudo hacer un análisis de estos datos, esto gracias a la aplicación del algoritmo de regresión logística, que pertenece a la categoría de aprendizaje supervisado, el cual su principal objetivo es predecir valores binarios (en este caso, el objetivo fue predicir si el paciente tiene un tipo de tumor maligno o benigno)

Los resultados obtenidos del algoritmo fueron los siguientes:

		Predicción	
		Positivos	**Negativos**
Observación	**Positivos**	Verdaderos Positivos (VP): **68**	Falsos Negativos (FN): **1**
	Negativos	Falsos Positivos (FP): **6**	Verdaderos Negativos (VN): **39**

Esto nos indica que el modelo se equivocó en un total de 7 casos, de los cuales 6 fueron falsos positivos y 1 falso negativo.

- Para los casos benignos, se equivocó 6 de 68 veces.
- Para los casos malignos, se equivocó 1 de 39 veces.

	precision	recall	f1-score	support
0	0.97	0.87	0.92	45
1	0.92	0.99	0.95	69
accuracy			0.94	114
macro avg	0.95	0.93	0.93	114
weighted avg	0.94	0.94	0.94	114

```
Exactitud 0.9385964912280702
Precisión:  0.92
Tasa de error:  0.06140350877192979
Sensibilidad:  0.99
Especificidad:  0.87
```

1) Exactitud (Acurracy)

$$Exactitud = \frac{VP + VN}{Total} = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} = \frac{68 + 39}{68 + 39 + 1 + 6} = 0.93860$$

El 93.86% de los datos fueron clasificados correctamente.

2) Tasa de error (Misclassification Rate)

$$Tasa\ de\ error = \frac{FP + FN}{Total} = \frac{FP + FN}{VP + VN + FP + FN} = 0.06140$$

El 6.14% de los datos fueron clasificados incorrectamente.

3) Precisión (Precision)

$$Precisión = \frac{VP}{Total\ clasificados\ positivos} = \frac{VP}{VP + FP} = 0.918918919$$

El 91.89% de los datos positivos fueron clasificados correctamente.

4) Sensibilidad (Recall, Sensitivity, True Positive Rate)

$$Sensibilidad = \frac{VP}{Total\ positivos} = \frac{VP}{VP + FN} = 0.985507246$$

El 98.55% de los datos positivos totales fueron clasificados correctamente.

5) Especificidad (Especificity, True Negative Rate)

$$Especificidad = \frac{VN}{Total\ negativos} = \frac{VN}{VN + FP} = 0.866666667$$

El 86.66% de los datos negativos totales fueron clasificados correctamente.

Modelo logístico:

```
Intercept: [12.0257237]
Coeficientes:
 [[-0.19554751 -0.01115866 -0.70751733 -2.59203115 -1.02579301 -0.25791963]]
--------------------------------------------------------------------------------
Prob = 1/1+e^-(a+bX))
Ecuación del modelo:
a + bX = 12.025723696713875 + -0.1955475098553405 (Texture) + -0.011158662774132208 (Area) + -0.7075173348241377 (Smoothness) + -2.5920311534823033
(Compactness) + -1.025793012754667 (Symmetry) + -0.25791963148918834 (FractalDimension)
```

$$p = \frac{1}{1 + e^{-(a+bX)}}$$

Ecuación del modelo:

$$a + bX = 12.025 - 0.195(Texture) - 0.011(Area) - 0.707(Smoothness) - 2.592(Compactness) - 1.025(Symmetry) - 0.257(FractalDimension)$$