Universidad Nacional Autónoma de México Facultad de Ingeniería

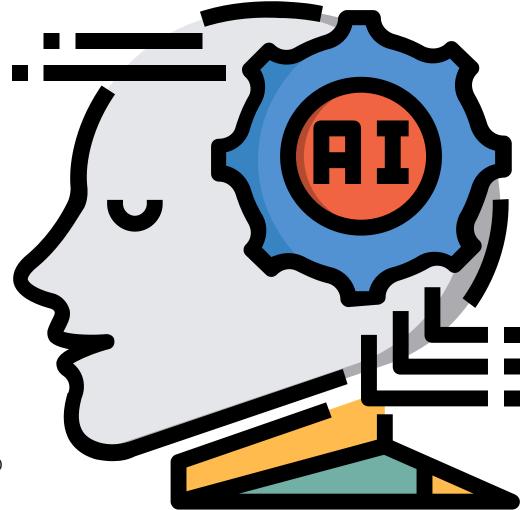
Inteligencia Artificial

PRÁCTICA 8. PRONÓSTICO CON REGRESIÓN LINEAL MÚLTIPLE



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





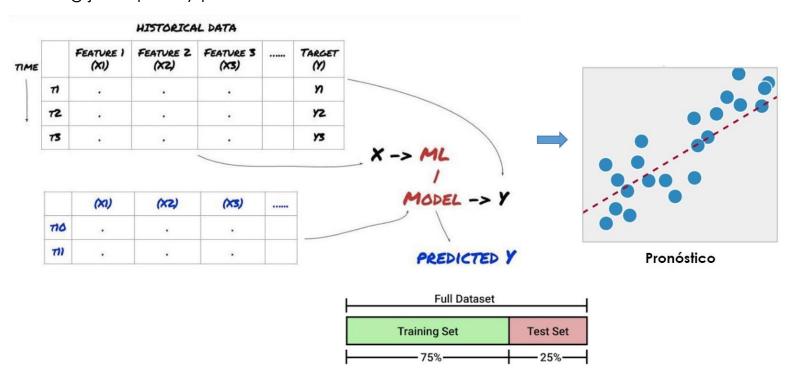
Profesor: Dr. Guillermo Gilberto Molero Castillo

Semestre 2022-1

Contenido Preparación del entorno de ejecución......2 Importar las bibliotecas necesarias2 Gráfica del área del tumor por paciente3 Selección de características.......3 Aplicación del algoritmo4 Se seleccionan las variables predictoras (X) y la variable a pronosticar (Y)4 Se hace la división de los datos4 Se entrena el modelo a través de Regresión Lineal Múltiple5 Solo con las variables seleccionadas.......6 Tomando en cuenta todas las variables6 b) Conclusiones6

Contexto

Objetivo: Obtener grupos de pacientes con características similares, diagnosticadas con un tumor de mama, a través de clustering jerárquico y particional.



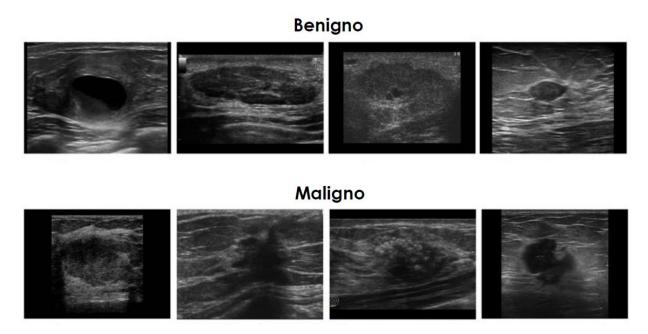
Fuente de datos

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

2) Importar los datos

Fuente de datos: WDBCOriginal.csv

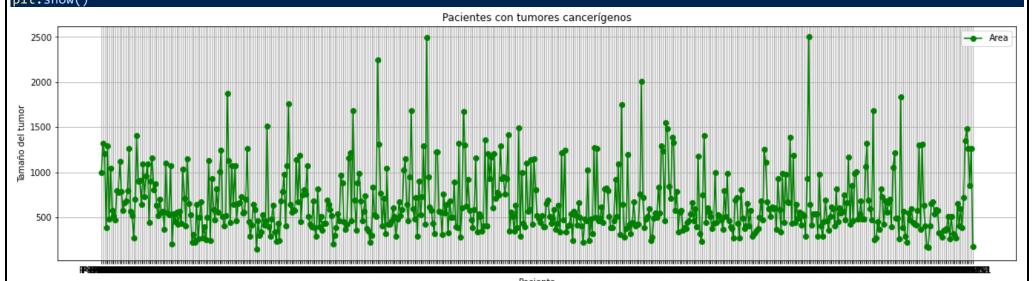
```
# Si se usa Google Colab
#from google.colab import files
#files.upload()

# 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	М	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	0.27760	0.30010	0.14710	0.2419	0.07871	
1	P-842517	М	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	0.07864	0.08690	0.07017	0.1812	0.05667	
2	P-84300903	М	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	0.15990	0.19740	0.12790	0.2069	0.05999	
3	P-84348301	М	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	0.28390	0.24140	0.10520	0.2597	0.09744	
4	P-84358402	М	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	0.13280	0.19800	0.10430	0.1809	0.05883	
564	P-926424	М	21.56	22.39	142.00	1479.0	0.11100	0.11590	0.24390	0.13890	0.1726	0.05623	
565	P-926682	М	20.13	28.25	131.20	1261.0	0.09780	0.10340	0.14400	0.09791	0.1752	0.05533	
566	P-926954	М	16.60	28.08	108.30	858.1	0.08455	0.10230	0.09251	0.05302	0.1590	0.05648	
567	P-927241	М	20.60	29.33	140.10	1265.0	0.11780	0.27700	0.35140	0.15200	0.2397	0.07016	
568	P-92751	В	7.76	24.54	47.92	181.0	0.05263	0.04362	0.00000	0.00000	0.1587	0.05884	
569 ro	569 rows × 12 columns												

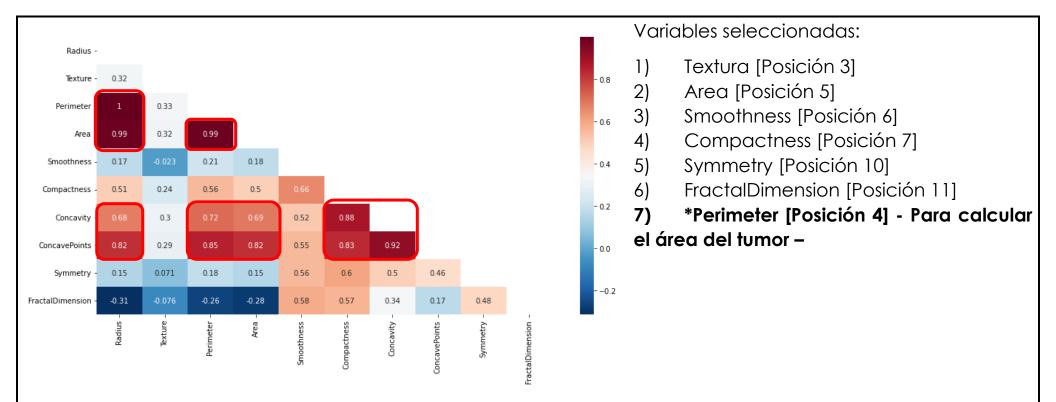
Gráfica del área del tumor por paciente

```
plt.figure(figsize=(20, 5))
plt.plot(BCancer['IDNumber'], BCancer['Area'], color='green', marker='o', label='Area')
plt.xlabel('Paciente')
plt.ylabel('Tamaño del tumor')
plt.title('Pacientes con tumores cancerígenos')
plt.grid(True)
plt.legend()
plt.show()
```



Selección de características

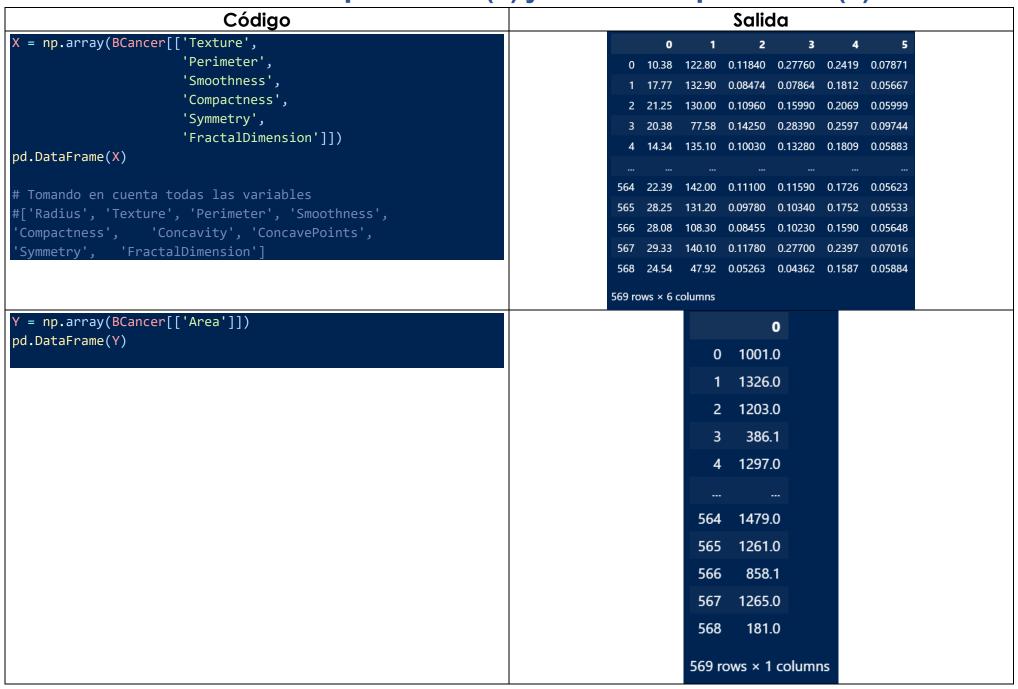
```
plt.figure(figsize=(14,7))
MatrizInf = np.triu(BCancer.corr())
sns.heatmap(BCancer.corr(), cmap='RdBu_r', annot=True, mask=MatrizInf)
plt.show()
```



Aplicación del algoritmo

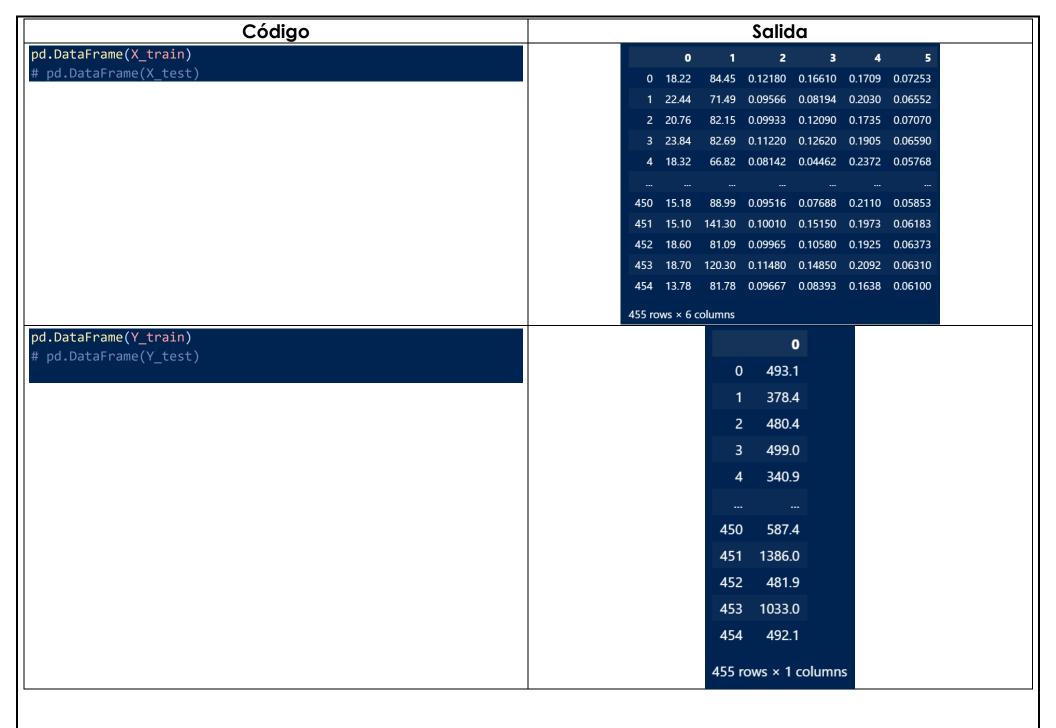
```
from sklearn import linear_model
from sklearn.metrics import mean_squared_error, max_error, r2_score
from sklearn import model_selection
```

Se seleccionan las variables predictoras (X) y la variable a pronosticar (Y)



Se hace la división de los datos

```
X_train, X_test, Y_train, Y_test = model_selection.train_test_split(
    X, Y, test_size=0.2, random_state=1234, shuffle=True)
# Se deja un espacio de 20% para la prueba y un 80% para el entrenamiento
```



Se entrena el modelo a través de Regresión Lineal Múltiple

RLMultiple = linear_model.LinearRegression()
RLMultiple.fit(X train, Y train) #Se entrena el modelo

Se genera el pronóstico

#Se genera el pronóstico
Y_Pronostico = RLMultiple.predict(X_test)
pd.DataFrame(Y_Pronostico)

0 405.607887
1 334.291077
2 505.762398
3 207.726058
4 604.229256
... ...
109 394.439214
110 1107.202694
111 541.131191
112 570.702628
113 2044.635054

114 rows × 1 columns

Obtención de los coeficientes, intercepto, error y Score

```
print('Coeficientes: \n', RLMultiple.coef_)
print('Intercepto: \n', RLMultiple.intercept_)
print("Residuo: %.4f" % max_error(Y_test, Y_Pronostico))
print("MSE: %.4f" % mean_squared_error(Y_test, Y_Pronostico))
# True devuelve MSE, False devuelve RMSE
print("RMSE: %.4f" % mean_squared_error(Y_test, Y_Pronostico, squared=False))
print('Score (Bondad de ajuste): %.4f' % r2_score(Y_test, Y_Pronostico))

print('\n')
print("Pronóstico del área del Tumor: Y = ",RLMultiple.intercept_[0],"+", RLMultiple.coef_[0][0], "(Texture) + ",
RLMultiple.coef_[0][1], "(Perimeter) + "
,RLMultiple.coef_[0][2], "(Smoothness) + ", RLMultiple.coef_[0][3], "(Compactness) + ",RLMultiple.coef_[0][4], "(Symmetry) + "
,RLMultiple.coef_[0][5], "(FractalDimension) + ", max_error(Y_test, Y_Pronostico))
```

Conformación del modelo de pronóstico

```
Y = a + b_1 X_1 + b_2 X_2 \dots + b_n X_n + u
```

a) Solo con las variables seleccionadas

```
Y = -1140.34 + 0.69(Texture) + 16.39(Perimeter) + 25.08(Smoothness) - 1406.03(Compactness) + 146.80(Symmetry) + 6232.69(FractalDimension) + 456.36
```

- Se tiene un **Score de 0.9769**, el cual indica que el **pronóstico del Área del tumor se logrará con un 97.69%** de **efectividad**.
- Además, los pronósticos del modelo final se alejan en promedio 3083.26 y 55.53 unidades del valor real, esto es, MSE y RMSE, respectivamente.

b) Tomando en cuenta todas las variables

```
Y = -976.18 - 35.08(Radius) + 0.48(Texture) + 20.79(Perimeter) - 169.89(Smoothness) - 1894.45(Compactness) + 232.74(Concavity) \\ + 529.22(ConcavePoints) + 66.61(Symmetry) + 5716.43(FractalDimension) + 425.23
```

- Se tiene un **Score de 0.9780**, el cual indica que el **pronóstico del Área del tumor se logrará con un 97.8% de efectividad**.
- Además, los pronósticos del modelo final se alejan en promedio 2932.75 y 54.15 unidades del valor real, esto es, MSE y RMSE, respectivamente.

Nuevos pronósticos

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 lineal múltiple (ya que se tienen más de dos variables independientes), que pertenece a la categoría de aprendizaje supervisado, el cual su principal objetivo es predecir valores desconocidos o faltantes de una función de valor continuo.

Resultados del algoritmo solo tomando en cuenta las variables seleccionadas

Como se mencionó anteriormente, al aplicar este algoritmo, se obtuvo un **Score de 0.9769**, el cual indica que el **pronóstico del Área del tumor se logrará con un 97.69% de efectividad.**

Por ende el modelo de pronóstico quedó de la siguiente manera:

```
Y = a + b_1 X_1 + b_2 X_2 + b_3 X_3 + b_4 X_4 + b_5 X_5 + b_6 X_6 + u
Y = Pronóstico del Área del tumor \qquad a = intercepto \qquad u = residuo (error residual)
b_1 = pendiente \ 1 \qquad b_2 = pendiente \ 2 \qquad b_3 = pendiente \ 3
b_4 = pendiente \ 4 \qquad b_5 = pendiente \ 5 \qquad b_6 = pendiente \ 6
Y = -1140.34 + 0.69(Texture) + 16.39(Perimeter) + 25.08(Smoothness) - 1406.03(Compactness) + 146.80(Symmetry) + 6232.69(Fractal Dimension) + 456.36
```

En adición a lo anterior, los pronósticos del modelo final se alejan en promedio **3083.26** y **55.53** unidades del valor real, esto es, **MSE** y RMSE, respectivamente.

• Resultados del algoritmo solo tomando en cuenta todas las variables

Como se mencionó anteriormente, al aplicar este algoritmo, se obtuvo un **Score de 0.9780**, el cual indica que el **pronóstico del Área del tumor se logrará con un 97.8% de efectividad.**

Por ende el modelo de pronóstico quedó de la siguiente manera:

En adición a lo anterior, los pronósticos del modelo final se alejan en promedio **2932.75** y **54.15** unidades del valor real, esto es, **MSE** y **RMSE**, respectivamente.