

Centro Universitario de Ciencias Exactas e

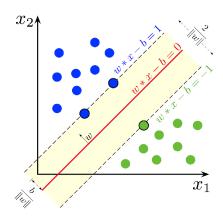
Ingenierías





Práctica 6: SVM

Aprendizaje Máquina



Alumno: Samuel David Pérez Brambila

Código: 222966286

Profesora: Karla Ávila Cárdenas

Sección: D01

Fecha de Entrega: 20 de Octubre de 2024

Introducción

Support vector machine (SVM) es "un algoritmo de aprendizaje supervisado que se utiliza en muchos problemas de clasificación y regresión, incluidas aplicaciones médicas de procesamiento de señales, procesamiento del lenguaje natural y reconocimiento de imágenes y voz." (MathWorks, s.f.)

De acuerdo con MathWorks (s.f.), el objetivo del algoritmo SVM es encontrar un hiperplano que separe de la mejor forma posible dos clases diferentes de puntos de datos. "De la mejor forma posible" implica el hiperplano con el margen más amplio entre las dos clases. El margen se define como la anchura máxima de la región paralela al hiperplano que no tiene puntos de datos interiores. El algoritmo solo puede encontrar este hiperplano en problemas que permiten separación lineal; en la mayoría de los problemas prácticos, el algoritmo maximiza el margen flexible permitiendo un pequeño número de clasificaciones erróneas.

Así mismo, MathWorks (s.f.) nos deja en claro que los vectores de soporte hacen referencia a un subconjunto de las observaciones de entrenamiento que identifican la ubicación del hiperplano de separación, además support vector machines pertenecen a una clase de algoritmos de Machine Learning denominados métodos kernel, donde se puede utilizar una función de kernel para transformar las características. Las funciones de kernel asignan los datos a un espacio dimensional diferente, que suele ser superior, con la expectativa de que resulte más fácil separar las clases después de esta transformación, simplificando potencialmente los límites de decisión complejos no lineales para hacerlos lineales en el espacio dimensional de características superior asignado. En este proceso, los datos no se tienen que transformar explícitamente, lo que supondría una alta carga computacional. Esto se conoce como truco de kernel.

Existen varios tipos de SVM, dependiendo del kernel que se utilice. Algunos de los más comunes son:

Tipo de SVM	Kernel	Descripción
Función de base radial	$K(x_1, x_2)$	Aprendizaje de una clase.
(RBF) o gaussiana	$= \exp\left(-\frac{\ x_1 - x_2\ ^2}{2\sigma^2}\right)$	σ representa la anchura
	$= \exp\left(-\frac{2\sigma^2}{2\sigma^2}\right)$	del kernel.
Lineal	$K(x_1, x_2) = x_1^{T} x_2$	Aprendizaje de dos
		clases.
Polinómica	$K(x_1, x_2) = (x_1^{T} x_2 + 1)^{\rho}$	ho representa el orden del
		polinomio.
Sigmoide	$K(x_1, x_2) = \tanh (\beta_0 x_1^{T} x_2)$	Representa un kernel de
	$+\beta_1$)	Mercer solo para
	, -,	determinados valores β_0
		\mid y β_1 .

Según InteractiveChaos (s.f.), este tipo de algoritmos destacan por:

- Ser efectivos en espacios de alta dimensionalidad, aun cuando el número de dimensiones supera el número de muestras.
- Eficiente gestión de la memoria, al usar solo un subconjunto de puntos en la función de decisión.

Las desventajas, por el contrario, incluyen las siguientes:

- Su eficacia depende del kernel que se escoja.
- Resultan poco eficientes con datasets grandes (el cálculo del kernel puede resultar muy lento).
- Si el número de características es mucho mayor que el número de muestras resulta crucial evitar el sobreentrenamiento escogiendo el kernel y el término de regularización adecuados.
- SVM no proporciona estimaciones de probabilidad.
- La frontera de decisión depende directamente de los valores más próximos, aunque sean erróneos.
- SVM es muy dependiente de la escala de los datos, por lo que convendrá escalarlos adecuadamente.

En la siguiente práctica, se implementará un SVM lineal utilizando el dataset de cáncer de mama proporcionado por la librería sklearn en Python. Para desarrollar este modelo, emplearemos librerías adicionales como Numpy, Seaborn, Pandas, Matplotlib, entre otras, que facilitarán la carga, procesamiento y visualización de los datos.

Contenido de la Actividad

El presente código implementa el algoritmo de Máquinas de Vectores de Soporte (SVM) sobre el conjunto de datos "Breast Cancer Wisconsin", que se utiliza para clasificar tumores como benignos o malignos. Se emplean las características "mean radius" (radio medio del tumor), "mean texture" (textura media del tumor), y se evalúa el rendimiento del modelo utilizando un enfoque de validación cruzada. El modelo SVM ajusta un hiperplano de separación entre las clases, permitiendo clasificar nuevos datos basándose en la distancia a dicho hiperplano. Además, se optimiza el modelo explorando diferentes valores del parámetro de regularización $\mathcal C$ para encontrar el más adecuado, logrando un balance entre la complejidad del modelo y su capacidad de generalización. La evaluación se realiza mediante métricas como la precisión, el recall y la matriz de confusión, lo que proporciona una visión clara del desempeño del modelo en la clasificación de los tumores.

Importación de bibliotecas para tratamiento de datos

- import pandas as pd: Se importa la biblioteca pandas para manejar estructuras de datos y realizar análisis de datos.
- <u>import numpy as np:</u> Se importa numpy, que es útil para realizar cálculos numéricos y operaciones con matrices.
- <u>from sklearn.datasets import load breast cancer:</u> Importa una función específica de scikit-learn que permite cargar el conjunto de datos de cáncer de mama.

Importación de bibliotecas para gráficos y métricas

- <u>import matplotlib.pyplot as plt:</u> Importa matplotlib, que es una biblioteca para crear gráficos.
- <u>from matplotlib import style:</u> Permite aplicar estilos predefinidos a los gráficos.
- <u>from sklearn.metrics import confusión_matrix, accuracy_score, precision_score, recall_score:</u> Importa métricas de evaluación, como la matriz de confusión, precisión, exactitud y recall.
- <u>from sklearn.svm import SVC:</u> Importa el clasificador SVM (Máquinas de Vectores de Soporte).
- <u>from sklearn.model selection import traint test split, GridSearchCV,</u>
 <u>StratifiedKFold, cross val predict:</u> Importa herramientas para dividir el conjunto de datos y realizar búsqueda de hiperparámetros.

Configuración de Matplotlib:

- <u>plt.rcParams['image.cmap'] = "bwr":</u> Establece el mapa de colores para los gráficos.
- <u>plt.rcParams['savefig.bbox'] = "tight":</u> Asegura que las figuras se guarden sin espacios adicionales alrededor.
- <u>style.use('ggplot'):</u> Aplica el estilo de ggplot a los gráficos, que es visualmente atractivo y fácil de interpretar.

Configuración de warnings:

- <u>import warnings:</u> Importa la biblioteca para gestionar advertencias.
- <u>warnings.filterwarnings('ignore'):</u> Suprime las advertencias para que no se muestren en la salida.

Carga del dataset

- <u>data = load_breast_cancer():</u> Carga el conjunto de datos de cáncer de mama en la variable data.
- X = pd.DataFrame(data['data'], columns=data['feature names']): Crea un DataFrame de pandas para las características (X) utilizando los nombres de las características.
- y = data['target']: Extrae las etiquetas de clase (benigno o maligno) en y.

Selección de características

```
Prácticas - practica6_SVM.py

32 # Usaremos dos características para graficar

33 X = X[['mean radius', 'mean texture']]
```

• X = X[['mean radius', 'mean texture']]: Reduce X a solo dos características (mean radius y mean textura) para facilitar la visualización en gráficos.

Visualización de Datos

- <u>fig, ax = plt.subplots(figsize=(6, 4)):</u> Crea una figura y un eje para graficar con un tamaño específico.
- <u>ax.scatter(X['mean radius']</u>, X['mean texture'], c=y): Crea un gráfico de dispersión utilizando las características seleccionadas y colorea los puntos según las etiquetas y.

- <u>ax.set title('Breast Cancer Dataset (Radio medio vs Textura media):</u> Establece el título del gráfico.
- plt.show(): Muestra el gráfico en pantalla.

División de Datos en Train y Test

• X train, X test, y train, y test = train_test_split(...): Divide el conjunto de datos en entrenamiento (70%) y prueba (30%). random_state asegura que la división sea reproducible y shuffle=True mezcla los datos antes de la división.

Parámetros para Validación Cruzada

- <u>param_grid = {'C': ...}</u>: Define un diccionario con los valores del parámetro C que se probarán durante la búsqueda de hiperparámetros. C controla la regularización en SVM.
- modelo svm = SVC(kernel='linear', random state=123): Crea una instancia del clasificador SVM con un kernel lineal.

Validación Cruzada con K-folds con StratifiedKFold

• <u>cv = StratifiedKFold(n splits=5):</u> Crea un objeto de validación cruzada que divide los datos en 5 pliegues, asegurando que cada pliegue tenga una proporción similar de clases.

Búsqueda del mejor modelo

- <u>grid_search = GridSearchCV(...):</u> Crea un objeto para realizar una búsqueda de hiperparámetros utilizando validación cruzada.
- grid search.fit(X train, y train): Ajusta el modelo SVM a los datos de entrenamiento y encuentra el mejor parámetro C.

Evaluación por cada valor de C

 Importación de Seaborn: Se importa la biblioteca seaborn, que se usará más adelante para crear mapas de calor (heatmaps) para visualizar la matriz de confusión.

- <u>Bucle For:</u> Se inicia un bucle que iterará sobre cada valor de *C* que se ha definido previamente en param_grid['C']. Este bucle se usa para evaluar cómo cada valor de *C* afecta al rendimiento del modelo.
- <u>Creación del Modelo SVM (modelo_temp)</u>: Se crea una instancia temporal del modelo SVM utilizando el kernel lineal y el valor de *C* actual del bucle. random_state=123 asegura que los resultados sean reproducibles.
- Predicción con Validación Cruzada (y_pred_cv): Se usa la función cross_val_predict para realizar la validación cruzada. Esto entrenará el modelo en diferentes pliegues (folds) y hará predicciones para cada muestra en X_train, devolviendo las predicciones en y_pred_cv.
- Cálculo de la Matriz de Confusión (conf_matrix): Se calcula la matriz de confusión usando las verdaderas etiquetas y_train y las predicciones y_pred_cv. La matriz de confusión muestra el rendimiento del modelo en términos de verdaderos positivos, falsos positivos, verdaderos negativos y falsos negativos.
- Cálculo de Métricas de Rendimiento: Se calculan varias métricas para evaluar el rendimiento del modelo:
 - Accuracy: Porcentaje de predicciones correctas en comparación con el total de predicciones.
 - <u>Precisión:</u> Proporción de verdaderos positivos respecto a la suma de verdaderos positivos y falsos positivos, ponderada por la cantidad de muestras en cada clase.
 - Recall: Proporción de verdaderos positivos respecto a la suma de verdaderos positivos y falsos negativos, también ponderada por la cantidad de muestras en cada clase.
- <u>Impresión de Resultados:</u> Se imprimen los resultados de la evaluación del modelo para el valor actual de *C*:
 - Se imprime el valor de *C* en uso.
 - Se muestra la precisión, el recall y la matriz de confusión.
- Configuración de la Figura (plt.figure(figsize=(6,5)): Se crea una nueva figura con un tamaño específico (6x5 pulgadas) para la visualización de la matriz de confusión.
- <u>Creación del Mapa de Calor:</u> Se usa sns.heatmap() para crear un mapa de calor basado en la matriz de confusión:
 - annot=True: Muestra los valores numéricos dentro de cada celda del mapa.
 - o fmt='d': Formato de los valores que se muestran, en este caso enteros.
 - o cmap='Blues': Esquema de colores para el mapa de calor.
 - xticklabels y yticklabels: Se etiquetan los ejes X e Y con los nombres de las clases (Benigno y Maligno).
- Etiquetas y Título: Se añaden un título y etiquetas a los ejes:
 - El título incluye el valor de C para referenciar la matriz de confusión correspondiente.

- Se etiquetan los ejes X como "Predicción" y el eje Y como "Real" para clarificar el significado de cada eje.
- <u>Mostrar Gráfica</u>: Finalmente, se muestra la gráfica generada en la figura. Esto permite visualizar la matriz de confusión en un formato gráfico, lo que facilita la interpretación de los resultados.

Mejor parámetro C encontrado

```
Prácticas - practica6_SVM.py

101  # Obtener el mejor parámetro C encontrado

102  # -------

103  best_C = grid_search.best_params_['C']

104  print(f"\nMejor parámetro C encontrado: {best_C}")
```

- <u>best C = grid search.best params ['C']</u>: Obtiene el mejor valor de C encontrado por GridSearchCV.
- Impresión del mejor C: Muestra el mejor parámetro encontrado.

Modelo óptimo encontrado

```
Prácticas - practica6_SVM.py

106  # El mejor modelo encontrado con GridSearchCV

107  modelo_optimo = grid_search.best_estimator_
```

• <u>modelo optimo = grid search.best estimator :</u> Guarda el mejor modelo ajustado que se encontró durante la búsqueda.

Evaluación Final en el Conjunto de Test

- <u>y_pred_test = modelo_optimo.predict(X_test):</u> Realiza predicciones sobre el conjunto de prueba.
- <u>Cálculo de métricas:</u> Calcula la matriz de confusión, exactitud, precisión y recall para evaluar el rendimiento del modelo en el conjunto de prueba.
- Impresión de resultados: Muestra la evaluación final del modelo.
- Al igual que el anterior, se crea un heatmap para mostrar la matriz de confusión de manera gráfica.

Representación Gráfica de Límites de Clasificación

- <u>Creación de un grid:</u> Se crean arrays x e y con valores que cubren el rango de las características en el conjunto de entrenamiento.
- <u>np.meshgrid(...)</u>: Genera una cuadrícula de puntos (X, Y) a partir de x e y.
- grid = np.vstack([...]).T: Combina las coordenadas del grid en una sola matriz
 2D.

Predicción de Clases para el Grid

```
Prácticas - practica6_SVM.py

# Predicción de las clases para los puntos del grid

pred_clases_grid = modelo_optimo.predict(grid)

# Reshape de las predicciones para que coincidan con la forma del grid

Z = pred_clases_grid.reshape(X_grid.shape)
```

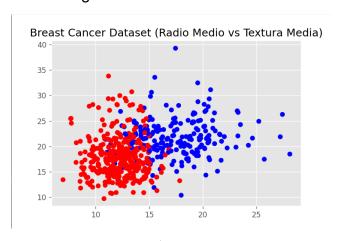
- <u>pred_clases_grid = modelo_optimo.predict(grid):</u> Predice las clases para todos los puntos en el grid.
- <u>Z = pred_clases_grid.reshape(X_grid.shape):</u> Da forma a las predicciones para que coincidan con la cuadrícula de puntos.

Graficar resultados

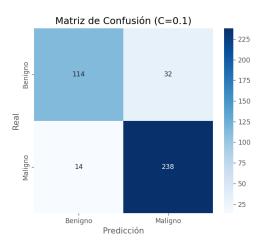
- Creación de un gráfico: Se inicializa la figura y los ejes para graficar.
- contourf(...): Dibuja contornos rellenos para mostrar las áreas de clasificación del modelo.
- <u>ax.scatter(...)</u>: Grafica los puntos del grid con una baja opacidad.
- <u>scatter = ax.scatter(...)</u>: Grafica los datos de entrenamiento con los colores que representan sus clases reales.

- <u>Vectores de soporte:</u> Grafica los vectores de soporte del modelo, resaltándolos con un borde negro.
- <u>Hiperplano de separación:</u> Grafica las líneas que representan el hiperplano de separación.
- Leyenda: Crea una leyenda para explicar los colores de las clases.
- Etiquetas y título: Establece las etiquetas para los ejes y el título del gráfico.
- plt.show(): Muestra el gráfico final.

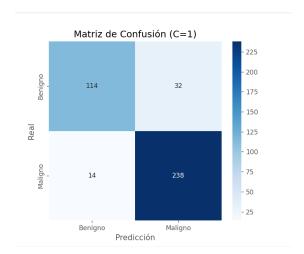
Es así, que obtenemos los siguientes resultados:

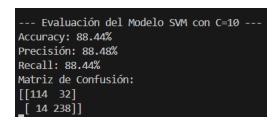


```
--- Evaluación del Modelo SVM con C=0.1 ---
Accuracy: 88.44%
Precisión: 88.48%
Recall: 88.44%
Matriz de Confusión:
[[114 32]
[ 14 238]]
```

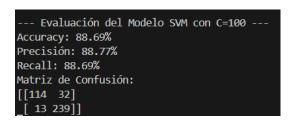


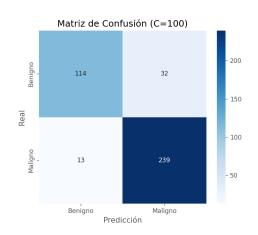
```
--- Evaluación del Modelo SVM con C=1 ---
Accuracy: 88.44%
Precisión: 88.48%
Recall: 88.44%
Matriz de Confusión:
[[114 32]
[ 14 238]]
```



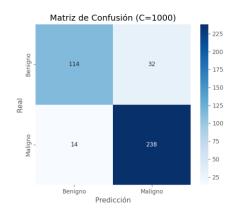






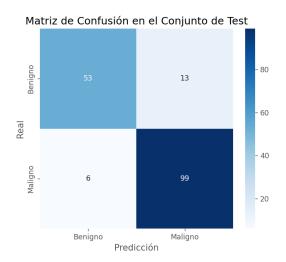


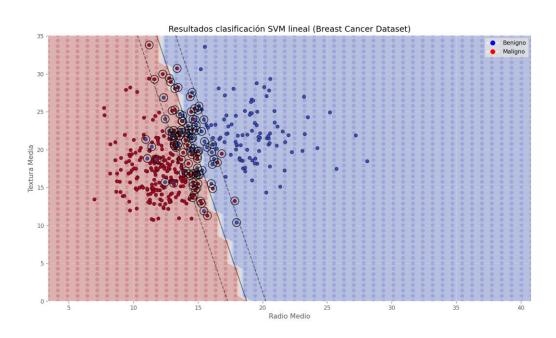
```
--- Evaluación del Modelo SVM con C=1000 ---
Accuracy: 88.44%
Precisión: 88.48%
Recall: 88.44%
Matriz de Confusión:
[[114 32]
[ 14 238]]
```



Mejor parámetro C encontrado: 100

--- Evaluación final en el conjunto de test --Accuracy: 88.89%
Precisión: 88.95%
Recall: 88.89%
Matriz de Confusión (test):
[[53 13]
_[6 99]]





Conclusiones

Al finalizar la práctica de clasificación utilizando Support Vector Machines (SVM) en Python, se pudo constatar que este algoritmo es una poderosa herramienta para resolver problemas de clasificación binaria. A lo largo del proceso, se resaltó la importancia de seleccionar y ajustar correctamente los hiperparámetros, en particular el parámetro C, para optimizar el modelo y maximizar el margen de separación entre las clases.

Durante el desarrollo del modelo, se subrayó la relevancia de una adecuada preparación de los datos, como la correcta selección de características, lo cual influye directamente en el rendimiento de SVM. Además, el uso de técnicas de validación cruzada con k-folds permitió evaluar el rendimiento del modelo en diferentes subconjuntos de datos, lo que ayuda a prevenir el sobreajuste y mejorar su capacidad de generalización. El análisis del desempeño se complementó con el cálculo de métricas clave como la exactitud (accuracy), la precisión (precision) y el recall, que ofrecieron una visión detallada de la capacidad del modelo para clasificar correctamente las instancias del dataset.

Asimismo, la visualización gráfica de los límites de decisión y de la matriz de confusión proporcionó una comprensión más profunda de cómo el modelo clasifica los datos y dónde se producen los errores. Esta representación fue particularmente útil para observar los vectores de soporte, que determinan el hiperplano de separación.

En resumen, esta práctica ha demostrado que SVM no solo es eficaz en la clasificación binaria, sino que también puede beneficiarse de una cuidadosa sintonización de hiperparámetros y visualización de resultados. Además, ha reforzado la importancia de herramientas de Python como Numpy, Seaborn y Matplotlib para el desarrollo de modelos en el ámbito de la ciencia de datos y el aprendizaje máquina. La experiencia adquirida ha sido fundamental para profundizar en el aprendizaje automático, brindando una base sólida para futuros proyectos en este campo.

Referencias

- InteractiveChaos. (s.f.). Ventajas y desventajas de SVM. InteractiveChaos.
 Recuperado el 10 de Octubre de 2024 de: https://interactivechaos.com/es/manual/tutorial-de-machine-learning/ventajas-y-desventajas-de-sym
- MathWorks. (s.f.). Introducción a Support Vector Machine (SVM).
 MathWorks. Recuperado el 10 de Octubre de 2024 de: https://la.mathworks.com/discovery/support-vector-machine.html