

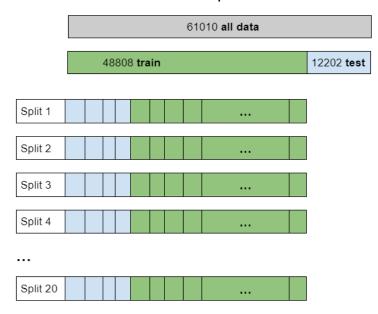
Informe TP1: Reservas de Hotel

Integrantes:

Agama Avila, Arely - 105829 Martinez, Selene Anahi - 100439 Meichtri, Melany - 102330

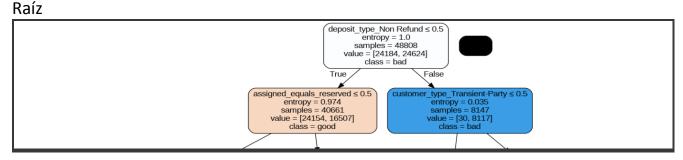
Checkpoint 2:

A. Primero decidimos dividir en 80/20 el dataset. Utilizamos el 80% para, es decir 48808 de 61010 filas de nuestro dataset para entrenar y el 20% (12202) para testear. Elegimos f1 score ya que es una métrica que tiene en cuenta tanto el recall como la precisión

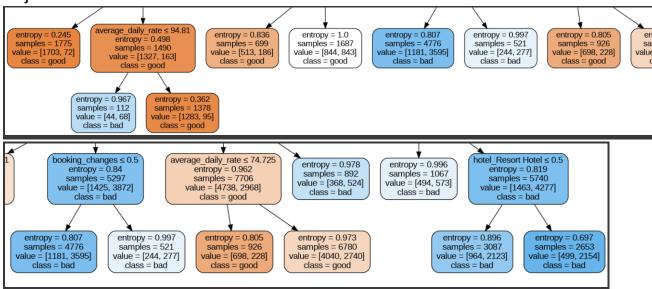


En un principio lo separamos en 20 folds y luego subimos a 45/40.

B. Graficar el árbol de decisión con mejor performance



Hojas



ÁRBOL 1

Elegimos las variables que estaban más relacionadas con el target en nuestro heatmap del CH1.

Transformamos las variables categóricas 'meal' y 'hotel' para poder utilizarlas en el árbol utilizando one-hot-encoding

Como eran 10 variables, decidimos que nuestro árbol (1, 8) de profundidad.

Al tener tantas observaciones, decidimos aumentar nuestra cantidad de folds, probamos con 20.

Del 1er árbol obtuvimos que las features más representativas para clasificar eran lead_time y previous_cancellations. Las reglas para este árbol fueron lead_time <= 17.5 y después clasificó por previous cancellations >0.5.

Nuestro mejor parámetro obtenido solo tuvo profundidad de 2, por lo que, en los siguientes árboles, decidimos cambiar el mínimo para que sea un mejor clasificador.

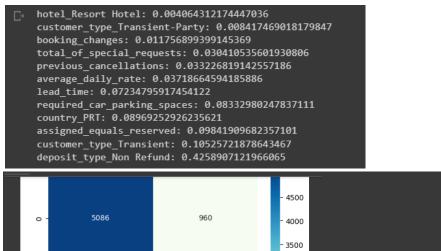
ARBOL 2

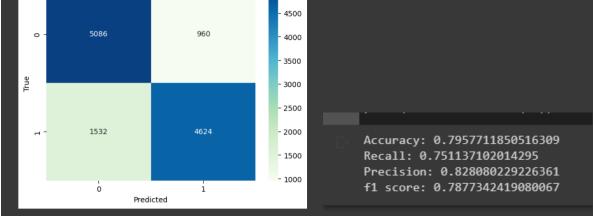
Llegamos a la conclusión que debíamos hacer clustering con algunas variables, como country dado que Portugal tiene mayor relación con el target. Hicimos clustering de assigned_room_type y reserved_room_type. Por último aplicamos one hot encoding en esas variables cualitativas, también en hotel, meal ,deposit_type, customer_type y country.

ÁRBOL 9

En el árbol 9 pudimos confirmar que las variables cualitativas mejoran mucho la predicción .

Los atributos más considerados en este árbol fueron:





Mejoramos el **recall**, es decir, que ahora nuestro último puede clasificar correctamente como positivos otros casos que antes tomaba como negativos. Mantuvimos la **precisión**: se mantiene la cantidad de falsos positivos identificados Mejoramos el **accuracy**