# INTRODUCCIÓN A LA CIENCIA DE DATOS Trabajo Teórico práctico

Alberto Castillo Lamas

Universidad de Granada 18071 Granada, España e-mail: alcasla90@gmail.com

## 1. Análisis de datos

Esta sección presenta un estudio previo de cada uno de los dataset que se me han asignado.

Dataset	Instances	Attributes
Wine	178	13
autoMPG8	392	7

Table1. Características de los datasets a estudiar.

## 1.1. Wine

Vamos a ver un poco por encima cada una de las variables contenidas en el dataset. Primero de que tipo es cada variable, también podemos ver en la tabla 2 estadísticos básicos.

Alcohol		continua
MalicAcid		continua
Ash		continua
AlcalinityOfAsh		continua
Magnesium		discreta
TotalPhenols		continua
flavanoids	Todas son	continua
NonflavanoidsPhenols	"numeric"	continua
Proanthocyanins	(cuantitativa)	continua
ColorIntensity		continua
Hue		continua
OD280/OD315		continua
Proline		discreta
Class		3 clases

Aunque le he asignado los nombres a las variables del dataset desde el principio, debería trabajar sin ellos, no es problemma por el momento porque desconozco por completo el significado de ellos. Más adelante se estudiará el problema.

```
$ Alcohol
$ MalicAcid
$ Ash
$ AlcalinityOfAsh
$ Magnesium
$ TotalPhenols
$ flavanoids
                                            127 100 101 113 118 112 96 121 97 98 ...
2.8 2.65 2.8 3.85 2.8 3.27 2.5 2.6 2.8 2.98 ...
3.06 2.76 3.24 3.49 2.69 3.39 2.52 2.51 2.98 3.15 ...
                                      int
                                      num
                                      num
  NonflavanoidsPhenols:
Proanthocyanins :
                                             0.28 0.26 0.3 0.24 0.39 0.34 0.3 0.31 0.29 0.22 ...
2.29 1.28 2.81 2.18 1.82 1.97 1.98 1.25 1.98 1.85 ...
5.64 4.38 5.68 7.8 4.32 6.75 5.25 5.05 5.2 7.22 ...
                                      num
$ ColorIntensity
                                      num
                                             3.92 3.4 3.17 3.45 2.93 2.85 3.58 3.58 2.85 3.55 ...
1065 1050 1185 1480 735 1450 1290 1295 1045 1045 ...
  Hue
OD280/OD315
                                      num
  Proline
$ class
                                              1111111111...
```

Figura1. Tipo y muestra de cada variable.

Todas las variables son numéricas, concretamente cuantitativas continuas, excepto una discreta. A simple vista por los datos mostrados en la tabla 2 no se aprecia nada destacable, solo algunas variables cuya mediana y media toman valores con una cierta distancia para el rango de valores de dicha variable, lo que muestra como se encuentra desbalanceada y hay una cantidad notablemente mayor de valores a un lado o a otro de la media, centrándose así la mayor parte de valores en 1 o en los dos cuartiles superiores o inferiores.

Característica	Min	Max	Median	Mean	1st Quartile	3st Quartile
Alcohol	11.03	14.83	13.05	13.00	12.36	13.68
MalicAcid	0.740	5.800	1.865	2.336	1.603	3.083
Ash	1.360	3.230	2.360	2.367	2.210	2.558
AlcalinityOfAsh	10.60	30.00	19.50	19.49	17.20	21.50
Magnesium	70.00	162.00	98.00	99.74	88.00	107.00
TotalPhenols	0.980	3.880	2.355	2.295	1.742	2.800
flavanoids	0.340	5.080	2.135	2.029	1.205	2.875
NonflavanoidsPhenols	0.1300	0.6600	0.3400	0.3619	0.2700	0.4375
Proanthocyanins	0.410	3.580	1.555	1.591	1.250	1.950
ColorIntensity	1.280	13.000	4.690	5.058	3.220	6.200
Hue	0.4800	1.7100	0.9650	0.9574	0.7825	1.1200
OD280/OD315	1.270	4.000	2.780	2.612	1.938	3.170
Proline	278.0	1680.0	673.5	746.9	500.5	985.0
Class	1.000	3.000	2.000	1.938	1.000	3.000

Table2. Características de los datasets a estudiar.

Vamos a ver algunos de estos valores representados de forma general gráficamente en la figura 2. Ahora se puede observar claramente como la variable *Proline* se mueve en un rango mucho más amplio al del resto de variables, que si se asemejan entre si (no se aprecian el resto de varibles se pueden observar en la figura 3). Por tanto para trabajar con distancias será necesario la normalizacion de los datos.

Veamos como se distribuyen los valores de cada variable, figura 4. El último gráfico muestra la distribución de la clase, la cual toma tres valores y sus frecuencias no difieren notablemente, nos nos aporta información útil. Se puede destacar también como la frecuencia de las variables *Alcohol*, *Ash*, *AlcalinityO*-

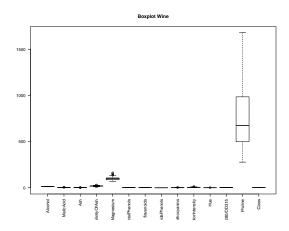
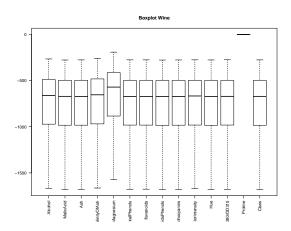


Figura2. Histograma de todas la variables del dataset Wine.



 ${\bf Figura 3.} \ {\bf Histograma} \ {\bf de \ todas \ la \ variables \ del \ dataset \ Wine, menos \ {\it proline}, para \ poder \ apreciar \ el \ resto.$ 

fAsh, NonflavanoidsPhenols, Proanthocyanins y Hue toman una forma similar a la de una distribución normal, podrían ser buenos estimadores.

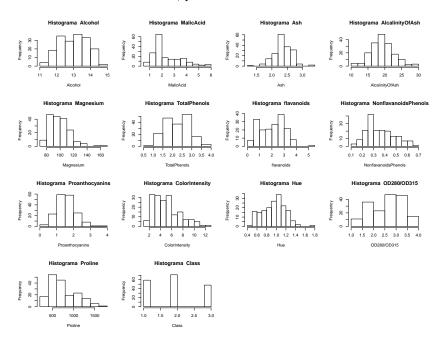


Figura4. Histograma de cada variable del dataset Wine.

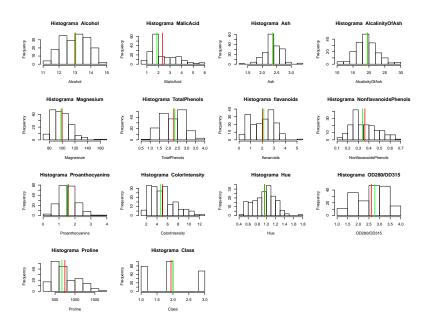
Observemos en la tabla 3 como mediana, moda y media en estas variables debe ser próxima.

Así es, las variables vistas a modo gráfico cumple la anterior teoría, además se observa como la variable *TotalPhenols* aunque a simple vista no la he detectado si se observa además de por los estadístico una cierta similitud con una distribución normal, aunque quizá menos que las anteriores mencionadas que si se muestran claramente, obsérvese también la figura 5.

Por otro lado, voy a observar el resumen estadístico de cada característica respecto a la variable de clase. Se observa como este dataset no contiene ningún valor perdido en ninguna de sus 13 variables. También observamos algunos detalles como las tres clases para clasificar el vino, cuyos individuos pertenecientes a la clase 1 son 59, a las clase 2 pertenecen 71, y a la clase 3 pertenecen 48.

Característica	Median	Mean	Mode	Modal skewness
Alcohol	13.05	13.00	12.71	0.2247191
MalicAcid	1.865	2.336	1.73	0.1966292
$\operatorname{Ash}$	2.360	2.367	2.29	0.247191
AlcalinityOfAsh	19.50	19.49	20	-0.1629213
Magnesium	98.00	99.74	88	0.5449438
TotalPhenols	2.355	2.295	2.2	0.1011236
flavanoids	2.135	2.029	2.65	-0.3370787
NonflavanoidsPhenols	0.3400	0.3619	0.345	-0.06741573
Proanthocyanins	1.555	1.591	1.35	0.3426966
ColorIntensity	4.690	5.058	3.666667	0.3483146
Hue	0.9650	0.9574	1.04	-0.2022472
OD280/OD315	2.780	2.612	2.87	-0.1404494
Proline	673.5	746.9	600	0.2134831
Class	2.000	1.938	2	-0.06179775

**Table3.** Mediana, media, moda y asimetría de la moda de cada variable del dataset Wine. Señalados en azul las variables identificadas en las gráficas como similares a una distribución normal



**Figura5.** Histograma de cada variable del dataset Wine pintando su media (línea roja) y su mediana (línea verde).

Tras estudiar cada una de las tablas se observan resultados interesantes, cómo en ciertas características y en concreto para cada una de las clase de vino los valores se agrupan entorno a un valor. En la figura 6 se puede observar un cuadro de estadísticos (obtenido para cada variable) con el que podemos comparar la media de los valores para una clase de vino y su desviación respecto a esta. Siendo así, podemos calcular el coeficiente de variación (dispersión de los valores respecto a la media) y comparar entre las características. Esto nos muestra como las características Alcohol y Ash (figura 7) contiene unos valores muy agrupados entorno a cada media de los valores asociados a cada clase de vino. En ambas variables para la clase 1 y 3 los valores difieren por debajo del 10%.

i	i	N	min	Q1	median	Q3	max	mean	sd	n	missing
Class	1  2  3	59 71 48	12.85  11.03  12.20	13.4000  11.9150  12.8050	13.750  12.290  13.165	14.1000  12.5150  13.5050	14.83 13.86 14.34	13.74475 12.27873 13.15375	0.4621254  0.5379642  0.5302413	59 71 48	0    0    0
									0.8118265		

Figura6. Summary (biblioteca Mosaic) de la variable Alcohol.

sd	sd
Class  1 0.09250961     2 0.14053317     3 0.07578328	Class   1 0.09250961     2 0.14053317     3 0.07578328
	Overall   0.11592734

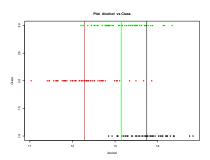
**Figura7.** Coeficiente de variación (Muestra nombre de columna sd pero ha sido dividido por la media) de Alcohol a la izquierda y de Ash a la derehca

Nos indica que dichas características puede que sean importantes clasificadores. Incluso aunque tengamos los valores agrupados entorno a unos valores de medias estar dos variables son casos opuestos pues aunque en Ash estén agrupados entorno a sus medias, estas medias están juntas y por los individuos de las clases se solapan como puede verse en la figura 9, al contrario de lo que sucede en la variable Alcohol cuyas clases se encuentran separadas y diferenciadas, figura 8. Casi podría clasificar solo con esta característica.

Así, aunque por su coeficiente de variación no lo aprecia hay otras variable como *TotalPhenols* y *flavanoids* que marcan los tres grupos de forma diferenciada como puede verse en las figuras 10 y 11 respectivamente.

Remarco las tres variable, *Alcohol*, *TotalPhenols*, y *flavanoids*, que gráficamente vemos como dividen el espacio de forma más o menos clara. Seguramente más adelante nos proporcionen una buena base como variables clasificadoras.

Para finalizar calculo el coeficiente de correlación de Pearson entre cada variable. Así se mostrará la dependencia para la clase de algunas variables, o la dependencia de otras variables indirectamente a través de otra, Obsérvese las tablas 4 y 5.



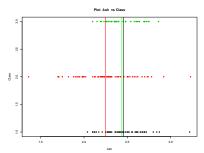
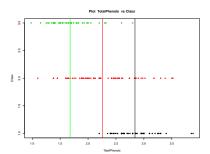


Figura8. Plot Alcohol junto con medias de cada clase.

**Figura9.** Plot Ash junto con medias de cada clase.



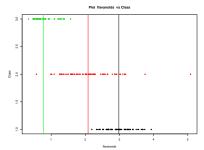


Figura 10. Plot Alcohol junto con medias de cada clase.

Figura11. Plot Ash junto con medias de cada clase.

Característica	Alcohol	MalicAcid	Ash	AlcalinityOfAsh	Magnesium	TotalPhenols	flavanoids
Alcohol	1.000000	0.094397	0.2115446	-0.310235	0.270798	0.289101	0.23681
MalicAcid	0.094397	1.000000	0.1640455	0.288500	-0.054575	-0.335167	-0.41101
Ash	0.211545	0.164045	1.0000000	0.443367	0.286587	0.128980	0.11508
AlcalinityOfAsh	-0.310235	0.288500	0.4433672	1.000000	-0.083333	-0.321113	-0.35137
Magnesium	0.270798	-0.054575	0.2865867	-0.083333	1.000000	0.214401	0.19578
TotalPhenols	0.289101	-0.335167	0.1289795	-0.321113	0.214401	1.000000	*0.86456
flavanoids	0.236815	-0.411007	0.1150773	-0.351370	0.195784	*0.864564	1.00000
NonflavanoidsPhenols	-0.155929	0.292977	0.1862304	0.361922	-0.256294	-0.449935	-0.53790
Proanthocyanins	0.136698	-0.220746	0.0096519	-0.197327	0.236441	*0.612413	*0.65269
ColorIntensity	0.546364	0.248985	0.2588873	0.018732	0.199950	-0.055136	-0.17238
Hue	-0.071747	-0.561296	-0.0746669	-0.273955	0.055398	0.433681	0.54348
OD280/OD315	0.072343	-0.368710	0.0039112	-0.276769	0.066004	*0.699949	*0.78719
Proline	*0.643720	-0.192011	0.2236263	-0.440597	0.393351	0.498115	0.49419
Class	-0.328222	0.437776	-0.0496432	0.517859	-0.209179	*-0.719163	*-0.84750

**Table4.** Coeficiente de correlación entre cada par de variables,  $1^{\circ}$  parte. Marcado con asterisco las variables con cierta correlación (i0.6).

Característica	Nonflavan. Proanthoc.	ColorIntens.	Hue	OD280/OD315	Proline	Class
Alcohol	-0.15593 0.1366979	0.546364	-0.071747	0.0723432	*0.64372	-0.328222
MalicAcid	0.29298 -0.2207462	0.248985	-0.561296	-0.3687104	-0.19201	0.437776
Ash	0.18623 0.0096519	0.258887	-0.074667	0.0039112	0.22363	-0.049643
AlcalinityOfAsh	0.36192 -0.1973268	0.018732	-0.273955	-0.2767685	-0.44060	0.517859
Magnesium	-0.25629 0.2364406	0.199950	0.055398	0.0660039	0.39335	-0.209179
TotalPhenols	-0.44994 *0.6124131	-0.055136	0.433681	*0.6999494	0.49811	*-0.719163
flavanoids	-0.53790 *0.6526918	-0.172379	0.543479	*0.7871939	0.49419	*-0.847498
NonflavanoidsPhenols	1.00000 -0.3658451	0.139057	-0.262640	-0.5032696	-0.31139	0.489109
Proanthocyanins	-0.36585 1.0000000	-0.025250	0.295544	0.5190671	0.33042	-0.499130
ColorIntensity	0.13906 -0.0252499	1.000000	-0.521813	-0.4288149	0.31610	0.265668
Hue	-0.26264 0.2955443	-0.521813	1.000000	0.5654683	0.23618	*-0.617369
OD280/OD315	-0.50327 0.5190671	-0.428815	0.565468	1.0000000	0.31276	*-0.788230
Proline	-0.31139 0.3304167	0.316100	0.236183	0.3127611	1.00000	*-0.633717
Class	0.48911 -0.4991298	0.265668	*-0.617369	*-0.7882296	*-0.63372	1.000000

**Table5.** Coeficiente de correlación entre cada par de variables, 2º parte. Marcado con asterisco las variables con cierta correlación (¿0.6).

Así podemos ver que de forma directa con la variable de clase están correladas las características *TotalPhenols*, *flavanoids*, *Hue*, *OD280/OD315*, y *Proline*. Especialmente *flavanoids* con una correlación inversa de coeficiente 0.847498.

#### 1.2. autoMPG8

Este dataset tiene una dimensión de 392 individuos y 8 características, incluyendo la de clase. Veamos que estructura tiene estas variables en la figura 12.

Cylinders		discreta
Displacement		continua
Horse_power		discreta
Weight	Todas son	discreta
Acceleration	numéricas	continua
$Model\_year$	(cuantitativa)	discreta
Origin		discreta
Mpg		continua

Aunque aquí si se escribe los nombres de ahora en adelante se trabaja con nombres de variables genéricos.

Nos encontramos ante 7 predictores numéricos, la mayoría expresado con decimales, lo que nos permite trabajar entre ellos con menos dificultad.

Voy a obtener una serie de estadísticos básicos para cada variable, así podremos verlo de forma general en la tabla 6. Se pueden apreciar rangos dispares entre la mayor parte de las características, lo que nos indica distancias distintas y la necesidad de procesar los datos en caso de trabajar con distancias. Además

```
'data.frame': 392 obs. of 8 variables:

$ V1: int 4 6 4 4 6 5 4 8 8 4 4 ...

$ V2: num 112 155 91 135 258 183 119 429 383 89 ...

$ V3: int 88 107 68 84 95 77 97 198 170 71 ...

$ V4: int 2605 2472 2025 2370 3193 3330 2300 4341 3563 1925 ...

$ V5: num 19.6 14 18.2 13 17.8 20.1 14.7 10 10 14 ...

$ V6: int 82 73 82 82 76 79 78 70 70 79 ...

$ V7: int 1 1 3 1 1 2 3 1 1 2 ...

$ V8: num 28 21 37 36 17.5 25.4 27.2 15 15 31.9 ...
```

Figura 12. Estructura y muestra de cada variable del dataset AutoMPG8.

la variable V1 tiene curiosamente el valor del tercer cuartil coincide con su máximo por lo tanto una cuarta parte de los individuos de esta características tiene como valor de V1 el máximo. También hay características como V3, V5, V6 y V8 cuya media y mediana son próximas lo que nos puede indicar que tienen una distribución normal, o características muy desequilibradas como V1 o V7.

Característica	Min	Max	Median	Mean	1st Quartile	3st Quartile
V1	3.000	8.000	4.000	5.472	4.000	8.000
V2	68.0	455.0	151.0	194.4	105.0	275.8
V3	46.0	230.0	93.5	104.5	75.0	126.0
V4	1613	5140	2804	2978	2225	3615
V5	8.00	24.80	15.50	15.54	13.78	17.02
V6	70.00	82.00	76.00	75.98	73.00	79.00
V7	1.000	3.000	1.000	1.577	1.000	2.000
V8	9.00	46.60	22.75	23.45	17.00	29.00

Table6. Características de los datasets a estudiar.

Vemos gráficamente en la figura 13 que los rangos son dispares, sobre todo el de V4. Tras quitar este podemos ver en la figura 14 que hay otro grupo de dos variables, V2 y V3, mocho mayores al resto. Nos queda finalmente otro grupo de variable con un rango similar, figura 15.

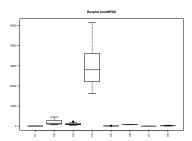


Figura13. Diagrama de cajas de cada variable del dataset AutoMPG8.

Vamos a mostrar la distribución de cada característica a través de un histograma, figura 16. Puede verse como las variable V2, V3, V4, 5 y V8 siguen una distribución normal. Y aunque V6 por su media y mediana indicaba una

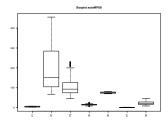


Figura14. Diagrama de cajas de cada variable del dataset AutoMPG8.

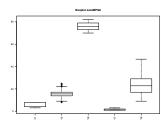


Figura15. Diagrama de cajas de cada variable del dataset AutoMPG8.

distribución normal no ha sido así. También destaco la característica V1 cuyos individuos casi por completo se agrupan en torno a tres grupos. Esta característica si guarda cierta correlación con la variable de clase puede ser un clasificador fundamental.

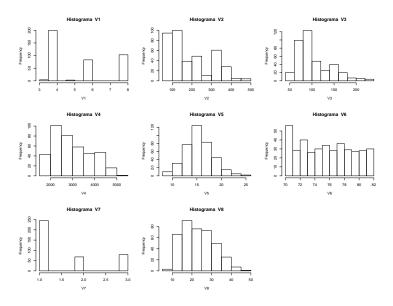
Veamos junto a sus distribuciones como las variables que se han mencionado coinciden relativamente su media y media entorno al centro de su distribución, figura 17.

Voy a ver a continuación un resumen estadístico para cada característica respecto a la variable de clase dividiendo los individuos en intervalos (por ser valores continuos) según la clase.

Estudio cada tabla como la la de la figura 18, de las que se obtiene que el conjunto de datos no contiene valores perdidos en todo el conjunto. Además se puede ver a simple vista como la agrupación de los datos en torno a su rango es en casi todas las variables entorno al 20 % o más bajo, exceptuando V6 y V7, por lo tanto las cinco primeras características son candidatos adecuados para clasificar por este aspecto. Destaca sobre las demás la agrupación de la característica V3.

Entorno a estas variables podemos trabajar para la clasificación. Con sus valores agrupados alrededor de las medias de dichos rangos podríamos encontrar alguna variable cuyos grupos se encuentren bien agrupados y distantes del resto de grupos, esto nos daría como resultado una característica importante para clasificación.

En este caso el conjunto de datos lo vamos a enfocar para regresión (sección 4.3) por tanto nos interesa más ver el comportamiento y la distribución de los



 ${\bf Figura 16.}$  Distribución de cada variable del dataset AutoMPG8 a través de su histograma.

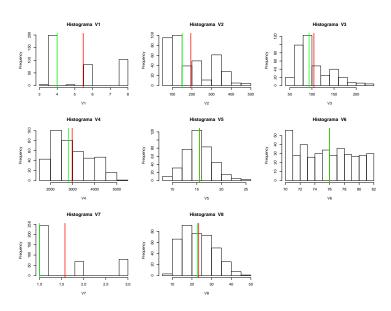


Figura17. Distribución de cada variable del dataset AutoMPG8 a través de su histograma además de pintar la media (línea roja) y mediana (línea verde).

		sd		
i	[0.000,0.226) [0.226,0.372) [0.372,0.545) [0.545,1.000]	0.26130784	i i	[0.000,0.226) [0.226,0.372) [0.372,0.545) [0.545,1.000]
Overall		0.34115665	Overall	
		sd		
i	[0.000,0.226) [0.226,0.372) [0.372,0.545) [0.545,1.000]	0.16731963	i	[0.000,0.226) [0.226,0.372) [0.372,0.545) [0.545,1.000]
Overall		0.27039794	Overall	
	 	+  sd	* <del>-</del>	
i	[0.000,0.226) [0.226,0.372) [0.372,0.545) [0.545,1.000]	0.10084541		
+	+	0.20919109		

**Figura 18.** Resumen estadístico de las variables V1 a V5 (ordenadas de arriba a abajo y de izquierda a derecha) respecto a la variable de clase dividiendo los individuos según un rango de clase.

individuos en el espacio como muestra la figura 19. Observamos como por su distribución podemos descartar la característica V5. También queda en duda las variables V1, V6, y V7, las cuales no se ajustan de forma tan clara como V2, V3 y V4.

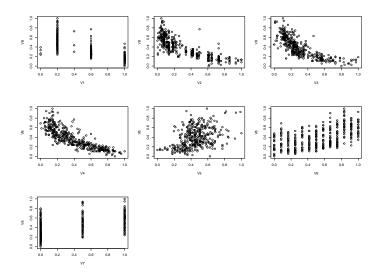


Figura19. Plot de cada variable vs la característica de clase.

Una vez vistas la distribución general de cada variable vamos a ver como esta distribución se hace particularmente para cada rango, figura 20, como muestra la tabla 7.

Entre las cinco características seleccionadas se pueden destacar V2, V3 y V4. Muestran claramente como siguen una correlación invertida y las cuatro

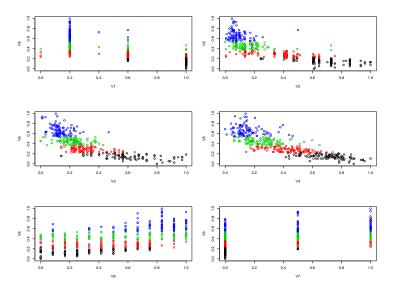


Figura 20. Plot variables más interesantes con el rango de clase al que pertenecen según tabla 7.

Rango de clase	Color	Individuos
[0,000,0,226)	Negro	99
[0,226,0,372)	Rojo	97
[0,372,0,545)	Verde	101
[0,545,1,000]	Azul	95

Table7. Características de los datasets a estudiar.

clases se diferencian claramente, por tanto serán variables muy determinantes en regresión.

## 2. Regresión

El dataset asigando para realizar regresión es *autoMPG8*. Tiene 8 variables y por tanto 7 características regresoras. Como se explicó en la sección 1.2, podemos ver en la figura 19 como de los siete regresores podemos descartar *Acceleration* (V5) al ser una nube de puntos que no se ajusta para nada a una función lineal o curva.

Veamos ahora los indices de correlación entre las variables en la figura 8. Nos indica que las variables con mayor correlación con la clase son *Displacement*, *Horse\_power*, y *Weight*. Claramente reconocible en la figura 20, pero de las tres restantes nos indica además que *Cylinders* es igual de buena que las tres anteriores, y estos cuatro regresores mantienen una correlación invertida con la clase.

Del resto de regresores no destaca ninguno, el mejor de estos es *Model\_year* que completaría los 5 seleccionados para regresión, aunque yo me quedaría solo con los *Cylinders*, *Displacement*, *Horse\_power*, y *Weight*.

Característica	Cylinders	Displacem.	Horse_pow.	Weight	Acceler.	Model_year	Origin	Mpg
Cylinders	1.0000	0.9508	0.8430	0.8975	-0.5047	-0.3456	-0.5689	**-0.7776
Displacement	0.9508	1.0000	0.8973	0.9330	-0.5438	-0.3699	-0.6145	**-0.8051
Horse_power	0.8430	0.8973	1.0000	0.8645	-0.6892	-0.4164	-0.4552	**-0.7784
Weight	0.8975	0.9330	0.8645	1.0000	-0.4168	-0.3091	-0.5850	**-0.8322
Acceleration	-0.5047	-0.5438	-0.6892	-0.4168	1.0000	0.2903	0.2127	0.4233
$Model\_year$	-0.3456	-0.3699	-0.4164	-0.3091	0.2903	1.0000	0.1815	*0.5805
Origin	-0.5689	-0.6145	-0.4552	-0.5850	0.2127	0.1815	1.0000	0.5652
Mpg	-0.7776	-0.8051	-0.7784	-0.8322	0.4233	0.5805	0.5652	1.0000

**Table8.** Coeficiente de correlación entre cada par de variables,  $1^{\circ}$  parte. Asterisco marca variables con cierta correlación con la clase, \*\*(muy correlado, ¿0.7) \*(moderadamente correlado).

Voy a aplicar el algoritmo de regresión lineal simple sobre cada regresor seleccionado, podemos ver el resumen estadístico de cada uno en las figuras de 21 a la 25. Según el coeficiente de determinación  $(R^2)$ , a excepción del regresor  $Model\_year$  que no es bueno como dije, el resto de regresores superan el coeficiente de 0,6 marcando el máximo en 0,692 el modelo del regresor Weight, por tanto el mejor.

Figura21. Resumen estadísticos para la regresión lineal simple del regresor Cylinders.

En la figura 26 se puede observar cuales son las regresiones lineales simples obtenidas para cada modelo

Figura 22. Resumen estadísticos para la regresión lineal simple del regresor Displacement.

Figura 23. Resumen estadísticos para la regresión lineal simple del regresor *Horse\_power*.

Figura24. Resumen estadísticos para la regresión lineal simple del regresor Weight.

 ${\bf Figura 25.} \ {\bf Resumen \ esta} {\bf d}{\it (sticos \ para \ la \ regresi\'on \ lineal \ simple \ del \ regresor \ {\it Model\_year}.$ 

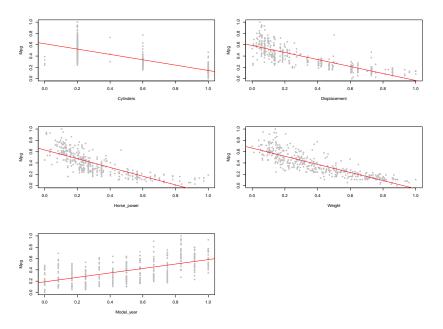


Figura 26. Regresión lineal simple dibujada sobre cada plor del modelo regresor.

Una vez que hemos visto los modelos de cada regresor por separado pasamos a crear un modelo lineal múltiple teniendo en cuenta interacciones y no linealidad. Primero vamos a generar un modelo con los cinco regresores seleccionados, el cual mejora bastante el ajuste hasta un 0,806 como se ve en la figura 27. Aún así este modelo marca como variables no significativas *Cylinders*, *Desplazement*, y *Horse\_power*, pero tras eliminarlas nos queda el modelo resumido por la figura 28 el cual mejora un insignificante 0,124 %.

Tengo dos modelos con con un ajuste similar pero uno de ellos está formado por solo dos regresores. Esto es positivo porque implica simplicidad en el modelo pero a la vez tiene menos margen de mejora para trabajar con no linealidad e interacción. Sigo trabajando con ambos modelos y más adelante descartaré uno de ellos.

Voy a desarrollar primero el modelo simple, será más breve. Primero aplico interacción interacción entre las variables, posteriormente añado no linealidad para cada variable (a partir de cúbico empeora), y finalmente agrego no linealidad de la interacción. El mejor modelo resultante pertenece al penúltimo paso donde se ha añadido interacción entre las dos variables y no linealidad (cuadrática) en ambas variables por separado, se muestra en la figura 29 y su ajuste es de 0.86.

Voy a desarrollar ahora el modelo con los 5 regresores. Solo añadiendo interacción entre los cuatro regresores que tenían mayor correlación ya supera al modelo de la figura 29. Este modelo muestra la importancia de *Model-year* así

Figura 27. Resumen estadístico regresión lineal múltiple con los 5 regresores seleccionados.

Figura 28. Resumen estadístico regresión lineal múltiple con los 5 regresores seleccionados menos los no significativos.

Figura 29. Resumen estadístico regresión lineal múltiple con Weight y Model\_year como regresores, añade no linealidad e interacción.

que añadiéndola y quitando de la interacción a variables menos significativas el modelo mejora aún más, ver figura 30 hasta 0,873. A continuación añado no linealidad con el que se confirma la importancia de *Model\_year* como puede verse en la figura 31 dejando el **mejor modelo** con un ajuste de 0,884.

Figura 30. Resumen estadístico regresión lineal múltiple con 5 regresores, añade interacción.

**Figura31.** Resumen estadístico regresión lineal múltiple con 5 regresores, añade interacción y no linealidad.

A continuación paso a aplicar el algoritmo Knn para regresión.

Primero pruebo con todas las variables y luego utilizo el modelo obtenido en regresión lineal. Claramente mejora el resultado donde el RMSE era de 1,829 y baja hasta 1,655.

Veamos que algoritmo de regresión múltiple es mejor. Para ello voy a probar con un k-5fold del conjunto de datos AutoMPG8 aplicado sobre el algoritmo de Regresión Lineal Múltiple y KNN. En la tabla 9 se refleja como claramente KNN obtiene mejores resultados que LM.

Algoritmo	MSE train	MSE test
LM	10.79	11.4
KNN	3.552	8.107

 ${\bf Table 9.}$ Resulatdos MSE de train y test obtenidos para k-5fild del dataset AutoMPG8 aplicado a los algoritmos LM y KNN

Para el test de Wilcoxon tenemos unos valores de R+=0, R-=1 y un p-value= 1, por tanto hay un 0% de confianza de que sean distintos.

No puedo aplicar el test de Friedman debido a la dimensión del conjunto para su cálculo.

El test post-hoc Holm indica que no existen diferencias significativas entre ningún algoritmo, como muestra la tabla 10.

Table 10. Test post-hoc holm entre los algoritmos LM, KNN, y m5.

## 3. Clasificación

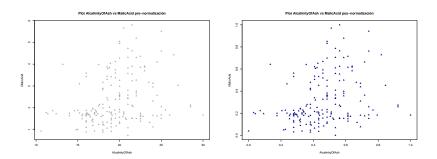
#### 3.1. KNN

Vamos a clasificar según el algoritmo k-NN el cual se basa en distancias. Como pudimos observar en la figura 2 tenemos variables, sobre todo una respecto al resto, que tiene un rango de valores mucho mayores al resto y por tanto como se explica en la subsección 1.1 será necesario la normalizacion del dataset.

Comprobamos que tras normalizar, figura 32, los datos no han alterado su distribución inicial, figura 33, cumpliéndose para cualquier par de variables. También facilita la tarea de normalizar el hecho de que no haya valores negativos.

Los datos una vez normalizados están preparados para ser utilizados por el algoritmo K-NN. Pero antes de normalizar he hecho la prueba, y se puede observar en la tabla 11 la enorme diferencia en los resultados pre y pos normalizacion.

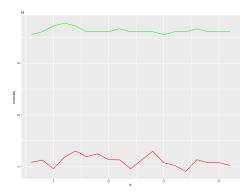
Se puede observar como la bondad de la clasificación fluctúa con el aumento del número de clusters (k), se puede ver la progresión en la figura 34. Fijándonos en la línea verde, con los datos normalizados. Se observa como el algoritmo mejora con el aumento del número de k desde un inicio de 3, hasta que alcanza la cifra de 7 para posteriormente empeorar manteniéndose en torno al 96 % de precisión en la predicción. Su máximo es obtenido para un k=6 con un acierto del 97.74510 %.



**Figura32.** Plot antes de normalizar datos. **Figura33.** Plot despues de normalizar datos.

k	Accuracy PreNormalizar	Accuracy PosNormalizar
3	70.29412	94.96732
4	70.71895	94.96732
5	70.68627	97.18954
6	73.00654	97.7451
7	73.03922	97.18954
8	71.92810	96.07843
9	72.48366	96.07843
10	71.33987	96.07843
11	71.30719	96.63399
12	69.60784	96.07843
13	71.30719	96.07843
14	72.97386	96.07843
15	70.75163	95.52288
16	70.22876	96.07843
17	69.08497	96.07843
18	71.33987	96.63399
19	70.75163	96.07843
20	70.78431	96.07843
21	70.22876	96.07843

 ${\bf Table 11.}$  Ejecuciones con distintas K para KNN antes y después de normalizar el conjunto de datos.



**Figura 34.** Accuracy del algoritmo KNN con distintos números de K, pre-normalización (linea roja) y pos-normalización (linea verde).

#### 3.2. LDA

En este apartado voy a realizar la predicción sobre el dataset *Wine* mediante *Linear Discriminant Analysis* o Análisis Discriminante Lineal. Mediante el cual encontraremos una combinación lineal de las características para separar en tres clases a los individuos.

Primero vamos a centrar y escalar los datos. Se puede observar en las figuras 35 (antes) y 36 (despues) la variación de algunos estadísitcos, como centrar la media.

Alcohol	MalicAcid	Ash	AlcalinityOfAsh	Magnesium	TotalPhenols	flavanoids
Min. :11.03	Min. :0.740	Min. :1.360	Min. :10.60	Min. : 70.00	Min. :0.980 M	in. :0.340
1st Qu.:12.36	1st Qu.:1.603	1st Qu.:2.210		1st Qu.: 88.00		st Qu.:1.205
Median :13.05	Median :1.865	Median :2.360	Median :19.50	Median : 98.00	Median :2.355 M	edian :2.135
Mean :13.00	Mean :2.336	Mean :2.367		Mean : 99.74		ean :2.029
3rd Qu.:13.68	3rd Qu.:3.083	3rd Qu.:2.558		3rd Qu.:107.00		rd Qu.:2.875
Max. :14.83	Max. :5.800	Max. :3.230		Max. :162.00		ax. :5.080
			nsity Hue			
Min. :0.1300	Min. :0.			.4800 Min. :1		
1st Qu.:0.2700	1st Qu.:1.					
Median :0.3400	Median :1.					
Mean :0.3619					.612 Mean : 74	
3rd Qu.:0.4375	3rd Qu.:1.					
Max. :0.6600	Max. :3.	580 Max. :1	3.000 Max. :1	.7100 Max. :4	.000 Max. :168	0.0 Max. :3.000

Figura35. Summary del dataset wine sin procesar los datos.

Alcohol	MalicAcid	Ash	AlcalinityOfAsh	Magnesium	TotalPhenols	flavanoids
Min. :-2.42739	Min. :-1.4290	Min. :-3.66881	Min. :-2.663505	Min. :-2.0824	Min. :-2.10132	Min. :-1.6912
1st Qu.:-0.78603	1st Qu.:-0.6569	1st Qu.:-0.57051	1st Qu.:-0.687199	1st Qu.:-0.8221	1st Qu.:-0.88298	1st Qu.:-0.8252
Median : 0.06083	Median :-0.4219	Median :-0.02375	Median : 0.001514	Median :-0.1219	Median : 0.09569	Median : 0.1059
Mean : 0.00000	Mean : 0.0000	Mean : 0.00000	Mean : 0.000000	Mean : 0.0000	Mean : 0.00000	Mean : 0.0000
3rd Qu.: 0.83378	3rd Qu.: 0.6679	3rd Qu.: 0.69615	3rd Qu.: 0.600395	3rd Qu.: 0.5082	3rd Qu.: 0.80672	3rd Qu.: 0.8467
Max. : 2.25341	Max. : 3.1004	Max. : 3.14745	Max. : 3.145637	Max. : 4.3591	Max. : 2.53237	Max. : 3.0542
NonflavanoidsPhen	ols Proanthocyanins	ColorIntensity	Hue	OD280/OD315	Proline	class
Min. :-1.8630	Min. :-2.0632	1 Min. :-1.6297	Min. :-2.08884	Min. :-1.8897	Min. :-1.4890	Min. :-1.21053
1st Qu.:-0.7381	1st Qu.:-0.5956	0 1st Qu.:-0.7929	1st Qu.:-0.76540	1st Qu.:-0.9496	1st Qu.:-0.7824	1st Qu.:-1.21053
Median :-0.1756	Median :-0.0627	2 Median :-0.1588	Median : 0.03303	Median : 0.2371	Median :-0.2331	Median : 0.07974
Mean : 0.0000	Mean : 0.0000	0.0000 Mean	Mean : 0.00000	Mean : 0.0000	Mean : 0.0000	Mean : 0.00000
3rd Qu.: 0.6078	3rd Qu.: 0.6274:	1 3rd Qu.: 0.4926	3rd Qu.: 0.71116	3rd Qu.: 0.7864	3rd Qu.: 0.7561	3rd Qu.: 1.37000
Max. : 2.3956	Max. : 3.4752	7 Max. : 3.4258	Max. : 3.29241	Max. : 1.9554	Max. : 2.9631	Max. : 1.37000

Figura36. Summary del dataset wine tras centrar y escalar los datos.

Una vez procesados, compruebo los predictores near-zero variance, figura 37. Los casos positivos serían eliminados, pero en este caso no hay ninguno.

	freqRatio	percentUnique	zeroVar	nzv
Alcohol	1.000000	70.786517	FALSE	FALSE
MalicAcid	1.750000	74.719101	FALSE	FALSE
Ash	1.000000	44.382022	FALSE	FALSE
AlcalinityOfAsh	1.363636	35.393258	FALSE	FALSE
Magnesium	1.181818	29.775281	FALSE	FALSE
TotalPhenols	1.333333	54.494382	FALSE	FALSE
flavanoids	1.333333	74.157303	FALSE	FALSE
NonflavanoidsPhenols	1.000000	21.910112	FALSE	FALSE
Proanthocyanins	1.285714	56.741573	FALSE	FALSE
ColorIntensity	1.000000	74.157303	FALSE	FALSE
Hue	1.142857	43.820225	FALSE	FALSE
OD280/OD315	1.250000	68.539326	FALSE	FALSE
Proline	1.000000	67.977528	FALSE	FALSE
Class	1.203390	1.685393	FALSE	FALSE

Figura 37. Comprobamos características near-zero variance.

Ya podemos utilizar el algoritmo LDA para clasificar. Para ello voy a realizar varios modelos basándome en el análisis exploratorio realizado en la sección 1.1.

Voy a probar primero con las dos variables que más correlación mostraron con la clase, flavanoids y OD280/OD315. Y calculamos la calidad del ajuste comparando la predicción y las etiquetas, ver figura 38, lo que nos da un acierto del 83,70787%. La división se puede observar gráficamente en la figura 39.

		class 1	class	2	class	3
class	1	53		14		0
class	2	6	4	48		0
class	3	0		9		48

Figura 38. Comprobamos características near-zero variance.

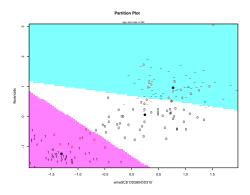


Figura39. División del espacio para cada clase según el algoritmo LDA, modelo 1.

El resultado del primer modelo es bueno pero queda lejos de la clasificación con KNN. Voy a utilizar más variables de las que estudiamos que puedan ser importantes. Utilizo flavanoids y OD280/OD315 como en el modelo anterior y añadimos Proline, Hue y TotalPhenols, véase la figura 40.

Exactamente, el modelo mejora notablemente para subir su *accuracy* hasta 94,38202 %, colocándose algo por debajo de la precisión del algoritmo KNN.

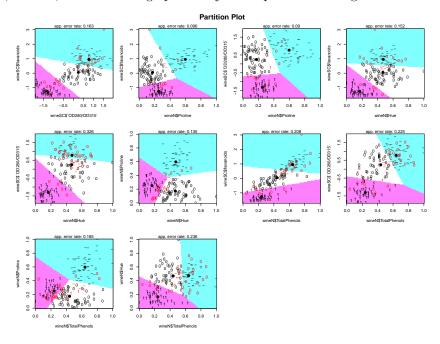


Figura 40. División del espacio para cada clase según el algoritmo LDA, modelo 2.

## 3.3. QDA

Quadratic Discriminant Analysis funciona mejor cuando las varianzas son muy diferentes entre clases. Como podemos ver en la figura 41 hay ciertas varianzas con la misma magnitud pero aún así relativamente difieren dentro de la misma magnitud. Por tanto nos encontramos en un caso bueno donde aplicar QDA.

9.977187e-01	MalicAcid 1.248015e+00 NonflavanoidsPhenols 1.548863e-02 Class	Ash 7.526464e-02 Proanthocyanins 3.275947e-01	AlcalinityofAsh 1.115269e+01 ColorIntensity 5.374449e+00	Magnesium 2.039893e+02 Hue 5.224496e-02	TotalPhenols 3.916895e-01 0D280/0D315 5.040864e-01
Proline	Class				

Figura41. Varianza de las características del dataset wine.

Para comenzar voy a seguir los mismos pasos para crear los dos primeros modelos como lo hice con LDA. Primero voy a crearlo con las dos variables que creo son más influyentes como predictoras, flavanoids y OD280/OD315, dando un modelo resultante cual gráficamente particiona el espacio de la solución como

muestra la figura 42 con una precisión del 85,95506 %. Esto quiere decir que en igualdad de condiciones QDA ha mejorado en algo más de un  $2\,\%$  al algoritmo LDA.

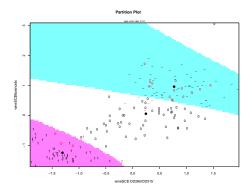


Figura 42. División del espacio para cada clase según el algoritmo QDA, modelo 1.

Ahora veamos como se comporta ante el segundo conjunto de variables que apliqué a LDA. Teóricamente debería seguir mejorándolo para este conjunto de datos.

Efectivamente, sigue mejorando los resultados de LDA para situar la calidad el ajuste en un 97,19101 % lo que lo iguala con la precisión del algoritmo KNN, solo quedándose unas décimas por debajo. Su comportamiento podemos observarlo, para el conjunto de variables flavanoids, OD280/OD315, Proline, Hue y TotalPhenols, como muestra la figura 43.

Para finalizar, puesto que QDA ha conseguido mejorar, voy a probar a intentar mejorar el resultado obtenido con el modelo anterior a través de otra parte del estudio realizado en la sección 1.1 donde concluía con la variable *Alcohol* como una posible buena predictora debido a la distribución de sus datos. Es generado el modelo, y no puede darnos un mejor resultado mejorando la precisión de la clasificación hasta un 100 %. El modelo ha sido obtenido añadiendo al conjunto de variables del segundo modelo la nombrada característica *Alcohol*, y gráficamente puede observarse en la figura 44.

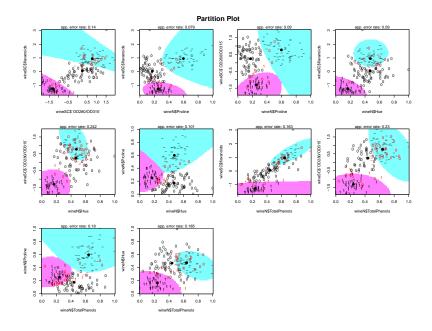


Figura 43. División del espacio para cada clase según el algoritmo QDA, modelo 2.

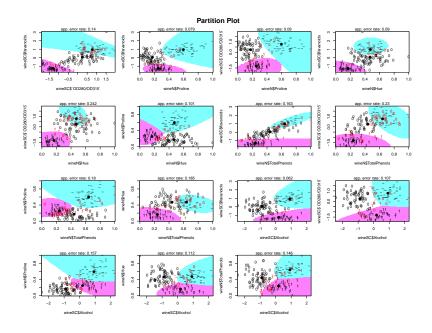


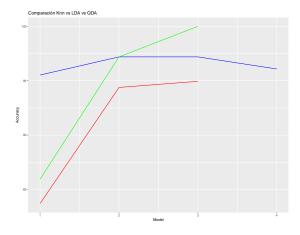
Figura44. División del espacio para cada clase según el algoritmo QDA, modelo 3.

## 3.4. Comparación de algoritmos

Para la comparación de los distintos algoritmos en este caso solo tenemos los resultados obtenidos para un dataset, por lo tanto no podemos hacer una ejecución por defecto de cada uno y comparar un conjunto de salidas para cada uno. En este caso voy a utilizar diferentes salidas y observar como progresa desde algo básico la calidad de la clasificación de cada uno para así poder seleccionar un ganador, no solo será basado en la precisión, se describirá brevemente el proceso para cada uno.

El algoritmo Knn, más estándar y aplicable a cualquier tipo de problema se ha ejecutado con los datos normalizados, necesario para su correcto funcionamiento, y probado para distintos valores de K (número de clusters) junto a todas las características del conjunto de datos. Como se puede observar en la figura 45 sin seleccionar características ya tiene una calidad en la predicción bastante alta.

Por otro lado se encuentran los algoritmos LDA y QDA, descriptivos y que nos permiten conocer la fórmula mediante la que se obtiene los resultados. En un principio, en las mismas condiciones QDA supera a LDA ligeramente, y sobre estas se impone claramente KNN (escena x=1). Pero en la evolución (escenarios  $x \not = 2$ ) el algoritmo KNN mejora pero no tanto como LDA y QDA, incluso en el último modelo de los tres (x=3) QDA se impone aciendo una predicción perfecta del 100%.



**Figura45.** Comparativa de ajuste de los algoritmos knn(línea azul), LDA(línea roja) y QDA(líneaa verde). En el eje X se representa los distintos escenario para cada algoritmo, siendo para Knn distintos valores de k (3,5,7,9) y para LDA y QDA modelos con distintas variables (modelo 1: OD280/OD315 + flavanoids, modelo 2: modelo 1 + Proline + Hue + TotalPhenols, modelo 3: modelo 2 + Alcohol)

Conclusión. Para este caso, concretamente con el dataset Wine, el algoritmo que mejor se comporta es QDA, no solo por la precisión en la clasificación sino también por ser descriptivo al igual que LDA. Incluso en el mejor caso KNN

podría igualar pero QDA seguiría siendo mejor opción por conocer de que forma se obtiene.

Solo en el caso de que LDA pudiera igualar a QDA tendríamos un modelo del que podemos obtener la fórmula, y además sería una fórmula más simple al ser lineal, aunque por su progresión no parece posible que LDA salve las diferencias que se imponen en igualdad de condiciones.

## 4. Código R

Esta sección contiene los códigos de R que permiten replicar los experimentos realizados en las secciones de análisis exploratorio, regresión y clasificación.

#### 4.1. Análisis exploratorio de Wine

```
# Leemos dataset (***PATH AL DATASET***) y asigno nombres de cada
caracteristica
wine <- read.delim("~/R/ICC_TrabajoFinal/wine/wine.dat", header = F,
\mathtt{sep} \texttt{=",", skip} \texttt{=} 18, \ \mathbf{as.is} \texttt{=} \mathtt{TRUE});
names(wine) <- c("Alcohol", "MalicAcid", "Ash", "AlcalinityOfAsh",
"Magnesium", "TotalPhenols", "flavanoids", "NonflavanoidsPhenols",</pre>
"Proanthocyanins", "ColorIntensity", "Hue", "OD280/OD315",
"Proline", "Class");
attach (wine)
dim(wine)
summary (wine)
#Obtenemos el tipo de cada variable
apply (wine, 2, mode)
# Vision general de todas la variables
boxplot (wine, main="Boxplot_Wine", las=2)
boxplot (wine-wine $ Proline, main="Boxplot_Wine", las=2)
\#Funcion que hace el histograma editando etiquetas - Dataset WINE
histograma <- function (x) {
hist (wine [,x], main=paste("Histograma_", names(wine)[x]),
xlab=names(wine)[x])
}
#Distribucion de cada variable
\mathbf{par}(\mathbf{mfrow} = \mathbf{c}(4,4))
sapply (1:(dim(wine)[2]), histograma)
\mathbf{par} ( \mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (1, 1) )
\#Moda
library ( modeest )
mlv(wine $Alcohol, method="mfv")
apply (wine, 2, mlv, method = "mfv")
\#Histograma + media + mediana + moda
hist (wine $ Alcohol, main=paste ("Histograma_Alcohol"), xlab="Alcohol")
abline (v=mean (wine $ Alcohol), col="Red", lwd=2)
```

```
abline (v=median (wine $Alcohol), col="Green", lwd=2)
\#Funcion que hace el histograma editando etiquetas, pinta su
media y mediana – Dataset WINE
histogramaAbline <- function (x) {
hist(wine[,x], main=paste("Histograma_", names(wine)[x]),
xlab=names(wine)[x])
abline(v=mean(wine[,x]), col="Red", lwd=2)
abline (v=median (wine [,x]), col="Green", lwd=2)
#Distribucion con media y moda
\mathbf{par} ( \mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (4, 4) )
sapply (1:(dim(wine)[2]), histogramaAbline)
\mathbf{par} (\mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (1, 1))
#Summary respecto a la clase de todas las varibales
require (Hmisc)
require (mosaic)
summaryMosaic <- function(x) {
print(names(wine)[x])
summary(wine[,x] ~ Class, data=wine, fun=favstats)
sapply (1:(dim(wine)[2]-1), summaryMosaic, simplify=FALSE)
\#Coeficiente de variacion
coeficiente Variacion <- function(x){
print (names( wine ) [ x ] )
summary (wine [,x] ~ Class, data=wine, fun=favstats)[,8] /
summary(wine[,x] ~ Class, data=wine, fun=favstats)[,7]
sapply (1:(\dim(\text{wine})[2]-1), coeficiente Variacion, simplify=FALSE)
#Plot variable contra la variable de clase y pinta las medias de cada clase
para dicha variable
#Se aprecia distancias y dispersion de los datos
plotDifsMeans <- function(x) {</pre>
plot (wine [, x], wine $Class, pch=16, col=wine $Class, ylab="Class",
xlab=names(wine)[x], main=paste("Plot_",
names(wine)[x], "_vs_Class"))
abline(v=summary(wine[,x] \sim Class, data=wine, fun=favstats)[[4*6+1]],
col="black")
abline(v=summary(wine[,x] \sim Class, data=wine, fun=favstats)[[4*6+2]],
col="red")
abline(v=summary(wine[,x] \sim Class, data=wine, fun=favstats)[[4*6+3]],
```

```
col="green")
}
plotDifsMeans(1)
plotDifsMeans(3)
plotDifsMeans(6)
plotDifsMeans(7)
```

## 4.2. Análisis exploratorio de AutoMPG8

```
#Leemos dataset (***PATH AL DATASET***)
autoMPG8 <- read.delim("~/R/ICC_TrabajoFinal/autoMPG8/autoMPG8.dat",
\label{eq:header} \begin{array}{ll} \text{header } = \text{F, sep=",", skip=12, } \mathbf{as.is=} \\ \text{TRUE);} \end{array}
#Nombres mas adelante
names(autoMPG8) <- c("Cylinders", "Displacement", "Horse_power",
"Weight", "Acceleration", "Model_year", "Origin", "Mpg");
attach (autoMPG8);
dim(autoMPG8)
str (autoMPG8)
summary (autoMPG8)
#Vision general de todas la variables
boxplot (autoMPG8, main="Boxplot_autoMPG8", las=2)
boxplot (autoMPG8[, -c(4)], main="Boxplot_autoMPG8", las=2)
boxplot (autoMPG8[, -c(2,3,4)], main="Boxplot_autoMPG8", las=2)
\#Funcion que hace el histograma editando etiquetas — Dataset autoMPG8
histograma <- function (x) {
hist (autoMPG8[,x], main=paste("Histograma_", names(autoMPG8)[x]),
xlab=names(autoMPG8)[x])
#Distribucion de cada variable
\mathbf{par} ( \mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (3,3) )
sapply(1:(dim(autoMPG8)[2]), histograma)
\mathbf{par} ( \mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (1, 1) )
#Funcion que hace el histograma editando etiquetas, pinta su media
y mediana – Dataset WINE
histogramaAbline <- function (x) {
hist (autoMPG8[,x], main=paste("Histograma_", names(autoMPG8)[x]),
xlab=names(autoMPG8)[x])
abline(v=mean(autoMPG8[,x]), col="Red", lwd=2)
abline (v=median (autoMPG8[,x]), col="Green", lwd=2)
```

```
#Distribucion con media y moda
\mathbf{par} (\mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (3,3))
sapply(1:(dim(autoMPG8)[2]), histogramaAbline)
\mathbf{par}(\mathbf{mfrow} = \mathbf{c}(1,1))
\#Normalization
normalize <- function(x) {
(x - \min(x, na.rm=TRUE))/(\max(x, na.rm=TRUE) - \min(x, na.rm=TRUE))
autoMPG8Norm <- as.data.frame(lapply(autoMPG8, normalize))
#Summary respecto a la clase de todas las varibales
require (Hmisc)
require (mosaic)
summaryMosaic <- function(x) {</pre>
print(names(autoMPG8Norm)[x])
\mathbf{summary}(\mathbf{autoMPG8Norm}[\ ,\mathbf{x}\ ] \quad ^{\boldsymbol{\sim}} \quad \mathbf{autoMPG8Norm}[\ ,\mathbf{dim}(\mathbf{autoMPG8Norm})\ [\ 2\ ]\ ]\ ,
data=autoMPG8Norm, fun=favstats)
sapply (1:(dim(autoMPG8Norm)[2]-1), summaryMosaic, simplify=FALSE)
#Summary respecto a la clase de todas las varibales — Muestra SD
summaryMosaic <- function(x) {
print(names(autoMPG8Norm)[x])
summary(autoMPG8Norm[,x] ~ autoMPG8Norm[,dim(autoMPG8Norm)[2]],
data=autoMPG8Norm, fun=favstats)
sapply (1:5, summaryMosaic, simplify=FALSE)
#Funcion que pinta del dataset 'autoMPG8' con un plot las dos clases
que se especifiquen por parametros
plotY \leftarrow function (x,y)  {
plot (autoMPG8Norm[,y]~autoMPG8Norm[,x], xlab=names(autoMPG8Norm)[x],
 ylab=names(autoMPG8Norm)[y])
#Agrupamos graficas en rejilla (row*col) de 3x3
\mathbf{par} (\mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (3,3))
\#Aplica la funcion anterior sobre todas las variables menos la clase
a predecir contra la que visualizamos el resto de variables
sapply (1:(dim(autoMPG8Norm)[2]-1), plotY, dim(autoMPG8Norm)[2])
```

```
#Restrablece a la visualización por defecto
\mathbf{par} ( \mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (1, 1) )
#[0.000,0.226]
#[0.226,0.372]
\#[0.372, 0.545]
\#[0.545, 1.000]
divide_class_ranges <- function(x) {
if (autoMPG8Norm\$class [x] < 0.226)
autoMPG8Norm\$class[x]=0
else
if (autoMPG8Norm\$class [x] < 0.372)
autoMPG8Norm\$class[x]=1
if (autoMPG8Norm$class [x] < 0.545)
autoMPG8Norm\$class[x]=2
else
autoMPG8Norm\$class [x]=3
autoMPG8Norm$class <- autoMPG8Norm$V8
autoMPG8Norm$class <- sapply(1:dim(autoMPG8Norm)[1], divide_class_ranges)
\mathbf{par}(\mathbf{mfrow} = \mathbf{c}(3,2))
plot (autoMPG8Norm$V8~autoMPG8Norm$V2, xlab=names(autoMPG8Norm)[2],
 ylab=names(autoMPG8Norm)[8], col=autoMPG8Norm$class+1)
plot (autoMPG8Norm$V8~autoMPG8Norm$V3, xlab=names(autoMPG8Norm)[3],
ylab=names(autoMPG8Norm)[8], col=autoMPG8Norm$class+1)
plot (autoMPG8Norm$V8~autoMPG8Norm$V4, xlab=names(autoMPG8Norm)[4],
ylab=names(autoMPG8Norm)[8], col=autoMPG8Norm$class+1)
plot (autoMPG8Norm$V8~autoMPG8Norm$V5, xlab=names(autoMPG8Norm)[5],
vlab=names(autoMPG8Norm)[8], col=autoMPG8Norm$class+1)
plot (autoMPG8Norm$V8~autoMPG8Norm$V6, xlab=names(autoMPG8Norm)[6],
 ylab=names(autoMPG8Norm)[8], col=autoMPG8Norm$class+1)
\mathbf{par}(\mathbf{mfrow} = \mathbf{c}(1,1))
4.3. Regresión
#Leemos dataset (***PATH AL DATASET***)
autoMPG8 <- read.delim("~/R/ICC_TrabajoFinal/autoMPG8/autoMPG8.dat",
header = F, sep=",", skip=12, as.is=TRUE);
names(autoMPG8) <- c("Cylinders", "Displacement", "Horse_power",</pre>
"Weight", "Acceleration", "Model_year", "Origin", "Mpg")
\#Normalization
normalize <- function(x) {
```

```
(x - \min(x, na.rm=TRUE))/(\max(x, na.rm=TRUE) - \min(x, na.rm=TRUE))
autoMPG8Norm <- as.data.frame(lapply(autoMPG8, normalize))
cor (autoMPG8Norm)
#Ajutamos el modelo lineal
fit1=lm(autoMPG8Norm$Mpg~autoMPG8Norm$Cylinders, data=autoMPG8Norm)
fit 2=lm(autoMPG8Norm$Mpg~autoMPG8Norm$Displacement, data=autoMPG8Norm)
fit 3=lm(autoMPG8Norm$Mpg~autoMPG8Norm$Horse_power, data=autoMPG8Norm)
fit 4=lm(autoMPG8Norm$Mpg~autoMPG8Norm$Weight, data=autoMPG8Norm)
fit5=lm(autoMPG8Norm$Mpg~autoMPG8Norm$Model_year, data=autoMPG8Norm)
#Visualizamos estadisticos basicos del modelo
summary (fit5)
#Modelos con regresion lienal simple
\mathbf{par} (\mathbf{mfrow} = \mathbf{c} (3, 2))
plot (Mpg Cylinders, autoMPG8Norm, pch=19, cex=0.6, col="grey")
abline (fit1, col="red")
plot (Mpg Displacement, autoMPG8Norm, pch=19, cex=0.6, col="grey")
abline (fit2, col="red")
plot (Mpg~Horse_power, autoMPG8Norm, pch=19, cex=0.6, col="grey")
abline (fit3, col="red")
plot (Mpg~Weight, autoMPG8Norm, pch=19, cex=0.6, col="grey")
abline (fit4, col="red")
plot(Mpg~Model_year, autoMPG8Norm, pch=19, cex=0.6, col="grey")
abline (fit5, col="red")
\mathbf{par}(\mathbf{mfrow} = \mathbf{c}(1,1))
#modelo lineal multiple
fit Multi1=lm(Mpg~Cylinders+Displacement+Horse_power+Weight+Model_year,
data=autoMPG8Norm)
summary(fitMulti1)
fit Multi2=lm(Mpg~Weight+Model_year, data=autoMPG8Norm)
summary(fitMulti2)
fit Multi3=lm(Mpg~Cylinders*Displacement*Horse_power*Weight + Cylinders
+ Displacement + Horse_power + Weight + Model_year,
data=autoMPG8Norm)
summary(fitMulti3)
fitMulti3.1=lm(Mpg Displacement*Horse_power*Weight*Model_year + Cylinders
+ Displacement + Horse_power + Weight + Model_year,
data=autoMPG8Norm)
summary (fit Multi3.1)
fit Multi3.2=lm(Mpg I(Model_year 3) + I(Model_year 2)
```

```
+ Displacement*Horse_power*Weight*Model_year + Cylinders + Displacement
+ Horse_power + Weight + Model_year,
data=autoMPG8Norm)
summary(fitMulti3.2)
fit Multi4=lm(Mpg~ I(Weight^2) + I(Model_year^2) + Weight*Model_year + Weight
+ Model_year, data=autoMPG8Norm)
summary(fitMulti4)
\#Knn
require (kknn)
fitknn <- kknn(Mpg<sup>*</sup>., autoMPG8, autoMPG8)
yprime = fitknn$fitted.values
sqrt (sum ((autoMPG8$Mpg-yprime)^2)/length (yprime))
fitknn <- kknn(Mpg~I(Model_year^3) + I(Model_year^2)
+ Displacement*Horse_power*Weight*Model_year + Cylinders + Displacement +
Horse_power + Weight + Model_year, autoMPG8, autoMPG8)
yprime = fitknn$fitted.values
sqrt(sum((autoMPG8$Mpg-yprime)^2)/length(yprime))
#COMPARATIVA
#K-fold CROSS VALIDATION
{\tt nombre} < - \ ``\ ^{R}/ICC\_TrabajoFinal/autoMPG8/autoMPG8"
run_lm_fold \leftarrow function(i, x, tt = "test") 
file <- paste(x, "-5-", i, "tra.dat", sep="")
x_tra <- read.csv(file, comment.char="@")
file <- paste(x, "-5-", i, "tst.dat", sep="")
x_tst <- read.csv(file, comment.char="@")
In \leftarrow length(names(x_tra)) - 1
names(x_tra)[1:In] <- paste ("X", 1:In, sep="")
\mathbf{names}(x_-tra)[In+1] \leftarrow "Y"
\mathbf{names}(x_{-}tst)[1:In] \leftarrow \mathbf{paste} ("X", 1:In, sep="")
\mathbf{names}(x_- tst)[In+1] \leftarrow "Y"
if (tt == "train") {
test \leftarrow x_ta
}
else {
test \leftarrow x_{-}tst
fitMulti=Im(Y^{\tilde{}}.,x_{\tilde{}}tra)
yprime=predict(fitMulti, test)
sum(abs(test$Y-yprime)^2)/length(yprime) ##MSE
```

```
mean(sapply (1:5, run_lm_fold, nombre, "train"))
mean(sapply(1:5, run\_lm\_fold, nombre, "test"))
run_knn_fold \leftarrow function(i, x, tt = "test") 
file <- paste(x, "-5-", i, "tra.dat", sep="")
x_tra <- read.csv(file, comment.char="@")
file <- paste(x, "-5-", i, "tst.dat", sep="")
x_t tst \leftarrow read.csv(file, comment.char="@")
In \leftarrow length(names(x_tra)) - 1
names(x_tra)[1:In] <- paste ("X", 1:In, sep="")
\mathbf{names}(x_tra)[In+1] \leftarrow "Y"
names(x_tst)[1:In] \leftarrow paste("X", 1:In, sep="")
\mathbf{names}(x_- t s t) [In+1] \leftarrow "Y"
if (tt == "train") {
test \leftarrow x_ta
else {
\operatorname{test} <\!\!- x_{-} \operatorname{tst}
fit Multi=kknn(Y~.,x_tra,test)
fitMulti
yprime=fitMulti$fitted.values
sum(abs(test$Y-yprime)^2)/length(yprime) ##MSE
mean(sapply(1:5,run_knn_fold,nombre,"train"))
mean(sapply (1:5, run_knn_fold, nombre, "test"))
#Tabla resultados
tablatst <- data.frame(LM=11.400, KNN=8.107, m5p=8.350)
rownames (tablatst) <- "autoMPG8"
#Wilcoxon test
#Normalizamos la diferencias entre algoritmos LM y KNN
difs \leftarrow (tablatst[,1] - tablatst[,2]) / tablatst[,1]
\#Aplicamos el test de Wilcoxon, calculamos primeros los valores
pertenecientes a R+ y R-
wilc_1_2 \leftarrow cbind(ifelse(difs<0, abs(difs)+0.1, 0+0.1),
ifelse (difs >0, abs (difs )+0.1, 0+0.1)
colnames(wilc_1_2) < -c(colnames(tablatst)[1], colnames(tablatst)[2])
head (wilc _1 _2)
#Obtenemos valores totales
LMvsKNNtst \leftarrow wilcox.test(wilc_1_2[,1], wilc_1_2[,2],
```

```
alternative = "two.sided", paired=TRUE)
LMvsKNNtst$ statistic #R+
pvalue<-LMvsKNNtst$p.value
LMvsKNNtst \leftarrow wilcox.test(wilc_1_2[,2], wilc_1_2[,1],
alternative = "two.sided", paired=TRUE)
LMvsKNNtst$statistic #R-
confianza \leftarrow (1-pvalue)*100
paste(round(confianza, 2), "%")
#Friedman test
test_friedman<-friedman.test(as.matrix(tablatst))
test_friedman
#Post-hoc Holm test
groups <-rep(1:dim(tablatst)[2], each=dim(tablatst)[1])
pairwise.wilcox.test(as.matrix(tablatst), groups,
p.adjust= "holm", paired = TRUE)
4.4. Clasificación
\#Leemos\ dataset\ (***PATH\ AL\ DATASET***)\ y\ asigno\ nombres\ de\ cada
caracteristica
wine <- read.delim("~/R/ICC_TrabajoFinal/wine/wine.dat", header = F,
sep=",", skip=18, as.is=TRUE);
names(wine) <- c("Alcohol", "MalicAcid", "Ash", "AlcalinityOfAsh",
"Magnesium", "TotalPhenols", "flavanoids",</pre>
"NonflavanoidsPhenols", "Proanthocyanins", "ColorIntensity", "Hue",
"OD280/OD315",
"Proline", "Class");
attach (wine)
\#Normalization
normalize <- function(x) {
(x - \min(x, na.rm=TRUE))/(\max(x, na.rm=TRUE) - \min(x, na.rm=TRUE))
wineN<-as.data.frame(lapply(wine, normalize))
#Comprobamos no alteración de datos
plot (wine $ Alcalinity Of Ash, wine $ Malic Acid, main="Plot_Alcalinity Of Ash_vs
MalicAcid_pre-normalizacion", pch=17,
xlab="AlcalinityOfAsh", ylab="MalicAcid", col="darkgray")
plot (wineN$AlcalinityOfAsh, wineN$MalicAcid, main="Plot_AlcalinityOfAsh_vs
_MalicAcid_pos-normalizacion", pch=17,
xlab="AlcalinityOfAsh", ylab="MalicAcid", col="darkblue")
```

```
#Correlacion entre variables
cor (wine)
library (class)
#K-fold CROSS VALIDATION automatico para WINE (normaliza los conjuntos
de train y test)
run_knn_fold <- function(i, kn) {</pre>
path="~/R/ICC_TrabajoFinal/wine/
file <- paste(path, "wine-10-", i, "tra.dat", sep="")
x_tra <- read.csv(file, comment.char="@", header=FALSE)
x_tra < -as.data.frame(lapply(x_tra, normalize))
file <- paste(path, "wine-10-", i, "tst.dat", sep="")
x_tst <- read.csv(file, comment.char="@", header=FALSE)
x_t tst < -as. data. frame(lapply(x_tst, normalize))
In \leftarrow length(names(x_tra)) - 1
\mathbf{names}(x_{tra})[1:In] \leftarrow \mathbf{paste}("X", 1:In, sep="")
\mathbf{names}(x_tra)[In+1] \leftarrow "Y"
\mathbf{names}(x_{-}tst)[1:In] \leftarrow \mathbf{paste}("X", 1:In, sep="")
\mathbf{names}(x_t t s t) [In +1] \leftarrow "Y"
fitKNN = knn(train=x_tra[,-14], test=x_tst[,-14], cl=x_tra$Y, k=kn)
accuracy = sum(table(fitKNN, x_tst[,14])[c(1,5,9)])*100 / nrow(x_tst)
mean(sapply(1:10,run_knn_fold,3))
accuracyKnn < -data.frame(k=c(3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,21),
pre=c(70.84967, 71.27451, 69.60784, 71.83007, 73.03922, 71.9281, 72.48366,
71.33987, 71.30719,
69.60784, 71.30719, 72.97386, 70.75163, 70.22876, 69.08497, 71.33987,
70.75163, 70.78431, 70.22876),
pos=c(95.52288, 96.07843, 97.18954, 97.7451, 97.18954, 96.07843, 96.07843,
96.07843, 96.63399, 96.07843,
96.07843, 96.07843, 95.52288, 96.07843, 96.07843, 96.63399, 96.07843,
96.07843, 96.07843))
plot (accuracyKnn$k, accuracyKnn$pre, ylim=c(65,100))
plot (accuracyKnn$k, accuracyKnn$pos, ylim=c(65,100))
require (ggplot2)
ggplot(accuracyKnn, aes(x=accuracyKnn$k)) +
geom_line(aes(y=accuracyKnn$pre), colour="red") +
geom_line(aes(y=accuracyKnn$pos), colour="green") +
```

```
ylab ("Accuracy") + xlab ("K") + labs (title="H")
library (MASS)
library (klaR)
library (caret)
attach (wineSC)
#Escalamos y centramos los datos
wineSC = as.data.frame(scale(wine))
summary (wineSC)
\#Comprobamos\ y\ eliminamos\ características\ nzv\ (near\ zero\ variance)
nearZeroVar(wineSC, saveMetrics = T)
#Modelo 1
lda.fit = lda(wineSC$Class ~ wineSC$flavanoids + wineN$OD280.OD315, data=wineSC)
plot (lda.fit, type="p")
lda.pred = predict(lda.fit, wineSC)
resultsLDA = table(lda.pred$class, wineSC$Class)
sum(table(lda.pred$class, wineSC$Class)[c(1,5,9)])*100 / nrow(wineSC)
partimat (Class flavanoids+wineSC$ 'OD280/OD315', data=wineSC ,method="lda")
#Modelo 2
lda.fit2 = lda(wineSC$Class ~ wineSC$flavanoids + wineSC$'OD280/OD315' +
wineSC$Proline + wineSC$Hue + wineSC$TotalPhenols, data=wineSC)
plot(lda.fit , type="both")
lda.pred2 = predict(lda.fit2, wineSC)
resultsLDA = table(lda.pred2$class, wineSC$Class)
sum(table(lda.pred2\$class, wineSC\$Class)[c(1,5,9)])*100 / nrow(wineSC)
partimat (wineSC$Class~wineSC$flavanoids+wineSC$'OD280/OD315'+wineSC$Proline+
wineSC$Hue+wineSC$TotalPhenols, data=wineSC ,method="lda")
#Modelo 3
lda.fit3 = lda(wineSC$Class ~ wineSC$flavanoids + wineSC$'OD280/OD315' +
wineSC$Proline + wineSC$Hue + wineSC$TotalPhenols + wineSC$Alcohol, data=wineSC)
plot(lda.fit , type="both")
```

```
lda.pred3 = predict(lda.fit3, wineSC)
resultsLDA = table(lda.pred3$class, wineSC$Class)
sum(table(lda.pred3\$class, wineSC\$Class)[c(1,5,9)])*100 / nrow(wineSC)
partimat (wineSC$ Class~wineSC$ flavanoids+wineSC$ 'OD280/OD315'+
wineSC$Proline+wineSC$Hue+
wineSC$TotalPhenols+wineSC$Alcohol, data=wineSC ,method="lda")
apply (wine, 2, var)
#Modelo 1
qda.fit=qda(wineSC$Class~wineSC$flavanoids+wineSC$'OD280/OD315', data=wineSC)
plot(qda.fit , type="both")
qda.pred=predict(qda.fit,wineSC)
resultsQDA = table(qda.pred$class, wineSC$Class)
sum(table(qda.pred\$class, wineSC\$Class)[c(1,5,9)])*100 / nrow(wineSC)
partimat (wineSC$Class~wineSC$flavanoids+wineSC$'OD280/OD315', data=wineSC,
method="qda")
#Modelo 2
qda. fit 2=qda (wineSC$ Class~wineSC$ flavanoids+wineSC$ 'OD280/OD315'+
wineSC$Proline+
wineSC$Hue+wineSC$TotalPhenols, data=wineSC)
plot(qda.fit2 , type="both")
qda.pred2=predict(qda.fit2, wineSC)
resultsQDA = table(qda.pred2$class, wineSC$Class)
sum(table(qda.pred2\$class, wineSC\$Class)[c(1,5,9)])*100 / nrow(wineSC)
partimat (wineSC$ Class~wineSC$ flavanoids+wineSC$ 'OD280/OD315'+
wineN$Proline+wineN$Hue+
wineN$TotalPhenols , data=wineSC ,method="qda")
#Modelo 3
qda. fit 3=qda (wineSC$ Class~wineSC$ flavanoids+wineSC$ 'OD280/OD315'+
wineSC$Proline+wineSC$Hue+wineSC$TotalPhenols+wineSC$Alcohol, data=wineSC)
plot(qda.fit2 , type="both")
qda.pred3=predict(qda.fit3, wineSC)
```

```
resultsQDA = table(qda.pred2$class, wineSC$Class)
sum(table(qda.pred3$class, wineSC$Class)[c(1,5,9)])*100 / nrow(wineSC)
partimat (wineSC$Class~wineSC$flavanoids+wineSC$'OD280/OD315'+
wineN$Proline+wineN$Hue+wineN$TotalPhenols+wineSC$Alcohol,
data=wineSC ,method="qda", nplots.vert=4)
6 \text{ accuracies} < -\text{data.frame}(\text{knn} = \text{c}(95.52288, 97.18954, 97.18954, 96.07843),
1da = c(83.70787, 94.38202, 94.94382, NA),
qda=c(85.95506, 97.19101, 100, NA))
require (ggplot2)
ggplot(accuracies, aes(x=c(1,2,3,4))) +
geom_line(aes(y=accuracies$knn), colour="blue") +
geom_line(aes(y=accuracies$lda), colour="red") +
geom_line(aes(y=accuracies$qda), colour="green") +
ylab ("Accuracy") + xlab ("Model") +
labs(title="Comparacion_Knn_vs_LDA_vs_QDA")
```