Universidad Nacional Autónoma de México

Facultad de Ingeniería

PRÁCTICA 16

PRONÓSTICO (BOSQUES ALEATORIOS)

Minería de Datos

Profesor:

Dr. Molero Castillo Guillermo Gilberto

Grupo 1

Alumna:

Monroy Velázquez Alejandra Sarahí

No. Cuenta: 314000417

OBJETIVO

Pronosticar el área del tumor de pacientes con indicios de casos de cáncer de mama a través de bosques aleatorios.

DESARROLLO

El conjunto de datos con el que se trabajará corresponde a estudios clínicos a partir de imágenes digitalizadas de pacientes con cáncer de mama de Wisconsin (WDBC, Wisconsin Diagnostic Breast Cancer).

Primero comenzamos la importación de bibliotecas correspondientes que nos ayudarán para la realización del código, las cuales son *pandas* para la manipulación y análisis de datos, *numpy* para crear vectores y matrices, *matplotlib* para la generación de gráficas, así como *seaborn* para la visualización de datos. Por último, la biblioteca files para subir el archivo *csv*.

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

```
from google.colab import files
files.upload()
```

```
Elegir archivos  Ningún archivo seleccionado  Upload widget is only available when the cell has been executed in the current brow
Saving WDBCOriginal.csv to WDBCOriginal.csv
{'WDBCOriginal.csv': b'\xef\xbb\xbfIDNumber,Diagnosis,Radius,Texture,Perimeter,Area,Smoothness,Compactne
```

Una vez importadas, el *dataframe* se lee y se despliega en pantalla:

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

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

569 rows × 12 columns

Ahora que el *dataframe* está cargado, comenzamos con los pasos vistos en clase.

Como paso extra podemos observar ciertos valores de las variables a través de la función *describe()*.

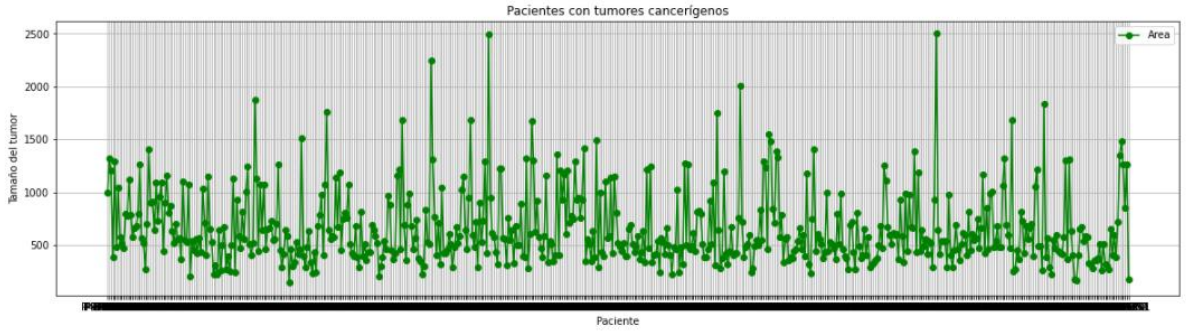
```
BCancer.describe()
```

	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	FractalDimension
count	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000
mean	14.127292	19.289649	91.969033	654.889104	0.096360	0.104341	0.088799	0.048919	0.181162	0.062798
std	3.524049	4.301036	24.298981	351.914129	0.014064	0.052813	0.079720	0.038803	0.027414	0.007060
min	6.981000	9.710000	43.790000	143.500000	0.052630	0.019380	0.000000	0.000000	0.106000	0.049960
25%	11.700000	16.170000	75.170000	420.300000	0.086370	0.064920	0.029560	0.020310	0.161900	0.057700
50%	13.370000	18.840000	86.240000	551.100000	0.095870	0.092630	0.061540	0.033500	0.179200	0.061540
75%	15.780000	21.800000	104.100000	782.700000	0.105300	0.130400	0.130700	0.074000	0.195700	0.066120
max	28.110000	39.280000	188.500000	2501.000000	0.163400	0.345400	0.426800	0.201200	0.304000	0.097440

Evaluación Visual

Graficamos el área, o tamaño del tumor en cada paciente, para visualizar un panorama general de este dato:

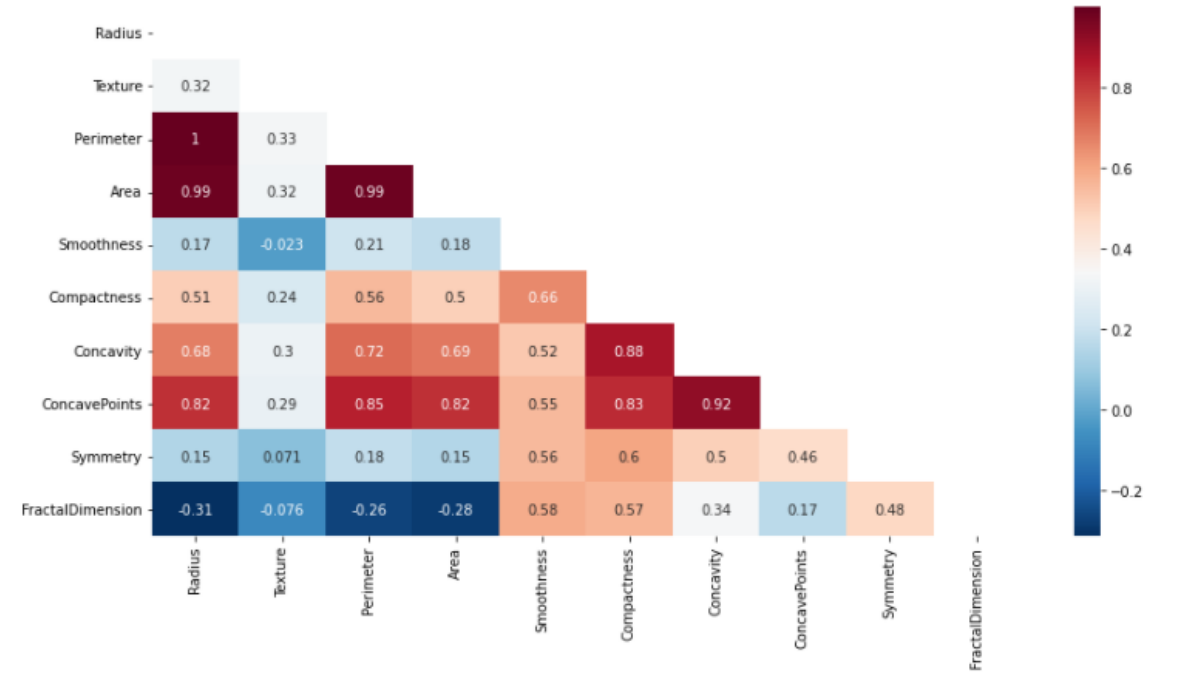
```
plt.figure(figsize=(20, 5))
plt.plot(BCancer['IDNumber'], BCancer['Area'], color='green', marker='o', label='Area')
plt.xlabel('Paciente')
plt.ylabel('Tamaño del tumor')
plt.title('Pacientes con tumores cancerígenos')
plt.grid(True)
plt.legend()
plt.show()
```



Selección de Características

Antes de pasar a la aplicación del algoritmo, se realiza una selección de caracteristicas, para descartar aquellas variables poco relevantes, o redundantes, en este caso se hara un analisis correlacional de datos. Para ello generamos un mapa de calor mostrando solo la matriz inferior:

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



Las variables seleccionadas son:

1) Textura [Posición 3]

2) Area [Posición 5]

3) Smoothness [Posición 6]

4) Compactness [Posición 7]

5) Symmetry [Posición 10]

6) FractalDimension [Posición 11]

7) Perimeter [Posición 4] - Para calcular el área del tumor

División de los datos y aplicación del algoritmo

Para comenzar a aplicar el algoritmo necesitamos importar la librería *sklearn*, ya que utilizaremos los módulos *RandomForestRegressor*, *mean_squared_error*, *mean_absolute_error*, *r2_score* y *model_selection*.

```
from sklearn.ensemble import RandomForestRegressor
from sklearn.metrics import mean_squared_error, mean_absolute_error, r2_score
from sklearn import model_selection
```

Se seleccionan las variables predictoras (X) y la variable a pronosticar (Y), las variables predictoras son: *Texture*, *Perimeter*, *Smoothness*, *Compactness*, *Symmetry* y *FractalDimension*; mientras que la variable a pronosticar es *Area*.

```
X = np.array(BCancer[['Texture',
                      'Perimeter',
                      'Smoothness',
                      'Compactness',
                      'Symmetry',
                      'FractalDimension']])
pd.DataFrame(X)

#X = np.array(BCancer[['Radius', 'Texture', 'Perimet
#pd.DataFrame(X)
```

```
Y = np.array(BCancer[['Area']])
pd.DataFrame(Y)
```

	0	1	2	3	4	5
0	10.38	122.80	0.11840	0.27760	0.2419	0.07871
1	17.77	132.90	0.08474	0.07864	0.1812	0.05667
2	21.25	130.00	0.10960	0.15990	0.2069	0.05999
3	20.38	77.58	0.14250	0.28390	0.2597	0.09744
4	14.34	135.10	0.10030	0.13280	0.1809	0.05883
...	...	...	...	...	...	...
564	22.39	142.00	0.11100	0.11590	0.1726	0.05623
565	28.25	131.20	0.09780	0.10340	0.1752	0.05533
566	28.08	108.30	0.08455	0.10230	0.1590	0.05648
567	29.33	140.10	0.11780	0.27700	0.2397	0.07016
568	24.54	47.92	0.05263	0.04362	0.1587	0.05884

569 rows × 6 columns

	0
0	1001.0
1	1326.0
2	1203.0
3	386.1
4	1297.0
...	...
564	1479.0
565	1261.0
566	858.1
567	1265.0
568	181.0

569 rows × 1 columns

Se hace la división de los datos donde se generará el entrenamiento y se despliega tanto la variable *X_train*, como *Y_train:*

```
X_train, X_test, Y_train, Y_test = model_selection.train_test_split(X, Y,
                                                                    test_size = 0.2,
                                                                    random_state = 1234,
                                                                    shuffle = True)
```

```
pd.DataFrame(X_train)
#pd.DataFrame(X_test)
```

	0	1	2	3	4	5
0	18.22	84.45	0.12180	0.16610	0.1709	0.07253
1	22.44	71.49	0.09566	0.08194	0.2030	0.06552
2	20.76	82.15	0.09933	0.12090	0.1735	0.07070
3	23.84	82.69	0.11220	0.12620	0.1905	0.06590
4	18.32	66.82	0.08142	0.04462	0.2372	0.05768
...	...	...	...	...	...	...
450	15.18	88.99	0.09516	0.07688	0.2110	0.05853
451	15.10	141.30	0.10010	0.15150	0.1973	0.06183
452	18.60	81.09	0.09965	0.10580	0.1925	0.06373
453	18.70	120.30	0.11480	0.14850	0.2092	0.06310
454	13.78	81.78	0.09667	0.08393	0.1638	0.06100

455 rows × 6 columns

```
pd.DataFrame(Y_train)
#pd.DataFrame(Y_test)
```

	0
0	493.1
1	378.4
2	480.4
3	499.0
4	340.9
...	...
450	587.4
451	1386.0
452	481.9
453	1033.0
454	492.1

455 rows × 1 columns

Luego, se entrena el modelo a través de un bosque aleatorio:

```
PronosticoBA = RandomForestRegressor(max_depth=8, min_samples_split=4, min_samples_leaf=2, random_state=0)
PronosticoBA.fit(X_train, Y_train)
```

```
/usr/local/lib/python3.7/dist-packages/ipykernel_launcher.py:5: DataConversionWarning: A column-vector y was pa
  """
RandomForestRegressor(max_depth=8, min_samples_leaf=2, min_samples_split=4,
                      random_state=0)
```

En este paso también definimos los parámetros *max_depth*, *min_samples_split*, *min_samples_leaf* y *random_state* para evitar un sobreajuste.

Y se genera el pronóstico:

```
Y_Pronostico = PronosticoBA.predict(X_test)
pd.DataFrame(Y_Pronostico)
```

	0
0	420.781134
1	348.203769
2	487.185543
3	266.820671
4	569.064344
...	...
109	418.142585
110	1080.452036
111	543.014357
112	554.268093
113	2105.021452

114 rows × 1 columns

Podemos visualizar una comparativa entre el valor del área que agrupamos en *Y_test* contra el valor de *Y_Pronostico*, el cual resulta del entrenamiento a través del bosque aleatorio. Si observamos cada registro, nos damos cuenta de que los valores pronosticados se acercan a los reales:

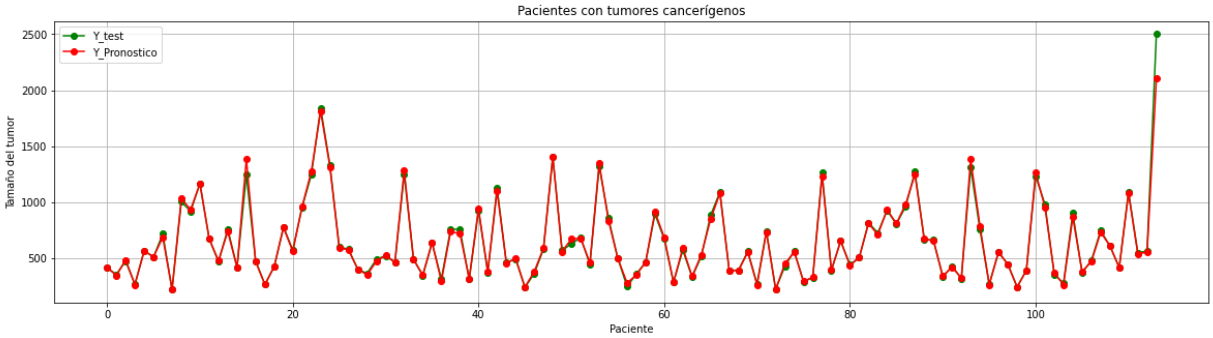
```
Valores = pd.DataFrame(Y_test, Y_Pronostico)
Valores
```

	0
420.781134	416.2
348.203769	357.6
487.185543	476.7
266.820671	269.4
569.064344	568.9
...	...
418.142585	419.8
1080.452036	1094.0
543.014357	551.7
554.268093	565.4
2105.021452	2501.0

114 rows × 1 columns

Los valores anteriores, los desplegamos en una gráfica para poder realizar una comparativa visual:

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



Si imprimimos nuestro *score* nos daremos cuenta de que nuestro modelo ha sido entrenado con 98% de exactitud:

```
r2_score(Y_test, Y_Pronostico)
```

```
0.9862774348475016
```

Obtención de los parámetros del modelo

Luego, obtenemos los parámetros del modelo, donde incluimos el criterio, la importancia de las variables, el MAE, MSE, RMSE y el *score*. También imprimimos las variables y las ordenamos de acuerdo con su importancia:

```
print('Criterio: \n', PronosticoBA.criterion)
print('Importancia variables: \n', PronosticoBA.feature_importances_)
print("MAE: %.4f" % mean_absolute_error(Y_test, Y_Pronostico))
print("MSE: %.4f" % mean_squared_error(Y_test, Y_Pronostico))
print("RMSE: %.4f" % mean_squared_error(Y_test, Y_Pronostico, squared=False))
print('Score: %.4f' % r2_score(Y_test, Y_Pronostico))
```

```
Criterio:
 squared_error
Importancia variables:
 [1.15182354e-03 9.94994772e-01 7.76652894e-04 1.24814848e-03
 8.55020149e-04 9.73582886e-04]
MAE: 16.7955
MSE: 1832.1701
RMSE: 42.8039
Score: 0.9863
```

```
Importancia = pd.DataFrame({'Variable': list(BCancer[['Texture', 'Perimeter', 'Smoothness',
                                                      'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension']]),
                            'Importancia': PronosticoBA.feature_importances_}).sort_values('Importancia', ascending=False)
Importancia
```

	Variable	Importancia
1	Perimeter	0.994995
3	Compactness	0.001248
0	Texture	0.001152
5	FractalDimension	0.000974
4	Symmetry	0.000855
2	Smoothness	0.000777

Conformación del modelo de clasificación

El error absoluto medio (MAE) del algoritmo es 16.79, que es alrededor de 2.5% de la media de todos los valores de la variable 'Area' (654.88). Esto significa que el algoritmo realiza un notable pronóstico.

Además, se tiene un Score de 0.9863, el cual indica que el pronóstico del Area del tumor se logrará con un 98.6% de efectividad.

Por otro lado, los pronósticos del modelo final se alejan en promedio 42.8 (RMSE) unidades del valor real.

Para graficar el árbol, se puede utilizar alguno de los estimadores

En este ejemplo utilizaremos el árbol número 99, pero se podría ver cualquier otro árbol con solo cambiar el número:

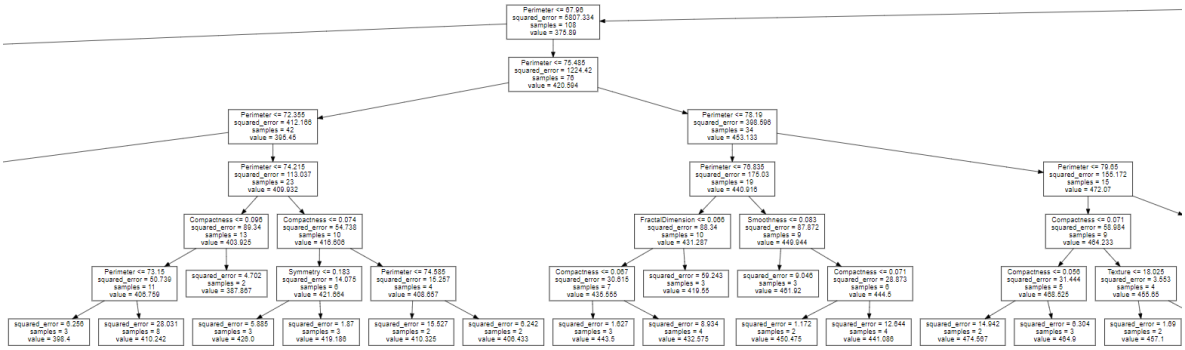
```
Estimador = PronosticoBA.estimators_[99] #para el arbol #
Estimador
```

```
DecisionTreeRegressor(max_depth=8, max_features='auto', min_samples_leaf=2,
                      min_samples_split=4, random_state=1396067212)
```

Lo siguiente será importar la biblioteca *graphviz* y el módulo *export_graphviz* de *sklearn* ya que imprimiremos la forma del árbol.

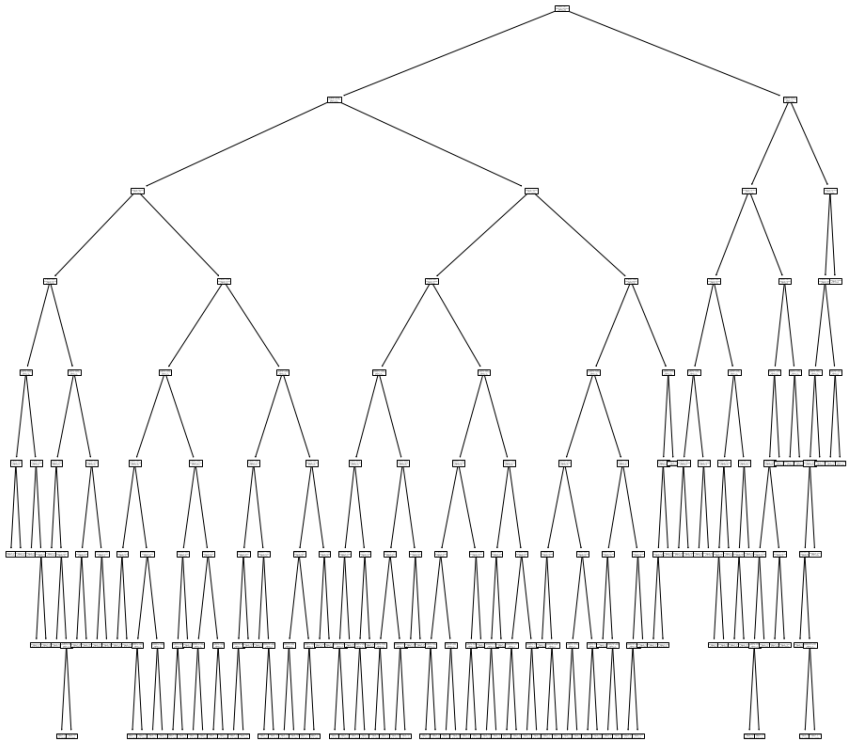
```
import graphviz
from sklearn.tree import export_graphviz
```

```
# Se crea un objeto para visualizar el árbol
# Se incluyen los nombres de las variables para imprimirlos en el árbol
Elementos = export_graphviz(Estimador,
                            feature_names = ['Texture', 'Perimeter', 'Smoothness',
                                             'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension'])
Arbol = graphviz.Source(Elementos)
Arbol
```



Como la imagen del árbol es muy grande para visualizarla de forma general, imprimimos de forma distinta:

```
from sklearn.tree import plot_tree
plt.figure(figsize=(16,16))
plot_tree(Estimador,
          feature_names = ['Texture', 'Perimeter', 'Smoothness', 'Compactness',
                           'Symmetry', 'FractalDimension'])
plt.show()
```



Para una mejor legibilidad imprimimos de esta manera:

```
from sklearn.tree import export_text
Reporte = export_text(Estimador,
                      feature_names = ['Texture', 'Perimeter', 'Smoothness',
                                       'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension'])
print(Reporte)
```

```
|--- Perimeter <= 108.20
|   |--- Perimeter <= 81.49
|   |   |--- Perimeter <= 67.96
|   |   |   |--- Perimeter <= 59.23
|   |   |   |   |--- Perimeter <= 53.84
|   |   |   |   |   |--- Perimeter <= 49.84
|   |   |   |   |   |   |--- value: [179.90]
|   |   |   |   |   |--- Perimeter >  49.84
|   |   |   |   |   |   |--- value: [203.57]
|   |   |   |   |--- Perimeter >  53.84
|   |   |   |   |   |--- Perimeter <= 56.10
|   |   |   |   |   |   |--- value: [226.52]
|   |   |   |   |   |--- Perimeter >  56.10
|   |   |   |   |   |   |--- Perimeter <= 58.88
|   |   |   |   |   |   |   |--- value: [245.75]
|   |   |   |   |   |   |--- Perimeter >  58.88
|   |   |   |   |   |   |   |--- value: [261.93]
|   |   |   |--- Perimeter >  59.23
|   |   |   |   |--- Perimeter <= 64.43
|   |   |   |   |   |--- Perimeter <= 60.27
|   |   |   |   |   |   |--- value: [276.17]
|   |   |   |   |   |--- Perimeter >  60.27
|   |   |   |   |   |   |--- Texture <= 14.24
|   |   |   |   |   |   |   |--- value: [277.83]
|   |   |   |   |   |   |--- Texture >  14.24
|   |   |   |   |   |   |   |--- Perimeter <= 63.14
|   |   |   |   |   |   |   |   |--- value: [288.74]
|   |   |   |   |   |   |   |--- Perimeter >  63.14
|   |   |   |   |   |   |   |   |--- value: [299.25]
|   |   |   |   |--- Perimeter >  64.43
|   |   |   |   |   |--- Perimeter <= 66.62
|   |   |   |   |   |   |--- Texture <= 17.97
```

La imagen del árbol es grande, pero se puede leer en el siguiente orden:

1. La decisión que se toma para dividir el nodo.
2. El tipo de criterio que se usó para dividir cada nodo.
3. Cuantos valores tiene ese nodo.
4. Valores promedio.
5. Por último, el valor pronosticado en ese nodo.

Nuevos pronósticos

Para nuevos pronósticos implementamos el siguiente bloque de código, donde cada variable predictora tiene un valor; esto servirá para prónosticar el valor de la variable a pronosticar, es decir del *area:*

```
AreaTumorID1 = pd.DataFrame({'Texture': [10.38],
                             'Perimeter': [122.8],
                             'Smoothness': [0.11840],
                             'Compactness': [0.27760],
                             'Symmetry': [0.2419],
                             'FractalDimension': [0.07871]})
PronosticoBA.predict(AreaTumorID1)
```

```
/usr/local/lib/python3.7/dist-packages/sklearn/base.py:439: Us
  f"X has feature names, but {self.__class__.__name__} was fit
array([1028.75772738])
```

CONCLUSIÓN

En esta práctica aplicamos el algoritmo de bosques aleatorios para generar el pronóstico del tamaño en área de un tumor canceroso, a diferencia de la practica número catorce que solo usamos un árbol de decisión para realizar el mismo pronostico, con ello concluimos que utilizar los bosques aleatorios da un mejor resultado, mientras que en esa práctica obtuvimos un pronóstico de 991.833, en esta práctica fue de 1028.7577.