TP1: Clasificación binaria - Predicción de la comestibilidad de hongos

Micaela Oliva, Camila Bernardez

```
# Set global chunk options
knitr::opts_chunk$set(
  collapse = TRUE,  # Collapse code and output
  comment = "#>",   # Set comment style
  tidy = TRUE,      # Tidy code formatting
  width = 80        # Set the width for code wrapping
)

# Set global R options
options(width = 80)  # Set output width for console
```

Ejercicio 1: Introducción al problema

El dataset elegido tiene como origen:

https://www.kaggle.com/datasets/vishalpnaik/mushroom-classification-edible-or-poisonous?resource=download&select=mushroom.csv

Es un dataset que busca clasificar si un hongo es comestible (edible) o no (poisonous). Para considerarlo, el dataset esta compuesto de 16 variables, de las cuáles:

- `class` (variable categórica binaria): indica si un hongo es comestible o no, y es lo que buscamos predecir.
  - edible
  - poisonous
- `cap-diameter` (variable numérica): indica el diametro del sombrero del hongo en cm.
- `cap-shape` (variable categórica): indica el forma del sombrero del hongo.
  - 'bell'
  - 'conical'
  - 'convex'
  - 'flat'
  - 'sunken'
  - 'spherical'
  - 'others'
- `cap-surface` (variable categórica): indica la textura de la superficie del sombrero del hongo.
  - 'fibrous'
  - 'grooves'
  - 'scaly'
  - 'smooth'
  - 'dry'

  - 'shiny'
  - 'leathery'
  - 'silky'
  - 'sticky'
  - 'wrinkled'
  - 'fleshy'

- `cap-color` (variable categórica): indica el color del sombrero del hongo.
  - 'brown'
  - 'orange'
  - 'buff'
  - 'gray'
  - 'green'
  - 'pink'
  - 'purple'
  - 'red'
  - 'white'
  - 'yellow'
  - 'blue'
  - 'black'

- `does-bruise-or-bleed` (variable categórica binaria -> true/false): indica si el hongo al lesionarse presenta moratones o sangrado.
  - 'true'
  - 'false'

- `gill-attachment` (variable categórica): indica cómo las láminas del hongo se adhieren al pie.
  - 'adnate'
  - 'adnexed'
  - 'decurrent'
  - 'free'
  - 'sinuate'
  - 'pores'
  - 'none' #
  - '' #

- `gill-spacing` (variable categórica): indica la separación entre las láminas del hongo.
  - 'close'
  - 'distant'
  - 'none' #
  - '' #

- `stem-heigh` (variable numérica): indica la altura del pie del hongo en cm.
- `stem-width` (variable numérica): indica el ancho del pie del hongo en mm.
- `stem-root` (variable categórica): indica la estructura de la raíz del pie del hongo.
  - 'bulbous'
  - 'swollen'
  - 'club'
  - 'cup'
  - 'equal'
  - 'rhizomorphs'
  - 'rooted'
  - '' #falta es f, supongo que es none

  - '' #

- `veil-type` (variable categórica): indica el tipo de velo que cubre las láminas del hongo.
  - 'partial'
  - 'universal'
  - '' #

- `has-ring` (variable categórica binaria -> true/false): indica si esta presente un anillo en el hongo o no.
  - 'true'
  - 'false'

- `ring-type` (variable categórica): indica el tipo del anillo presente en el hongo.
  - 'cobwebby'
  - 'evanescent'
  - 'flaring'
  - 'grooved'
  - 'large'
  - 'pendant'
  - 'sheathing',
  - 'zone'
  - 'scaly'
  - 'movable'
  - 'none'
  - 'unknown' #extra
  - ''

- `habitat` (variable categórica): indica el ambiente en el cual el hongo fue encontrado.
  - 'grasses'
  - 'leaves'
  - 'meadows'
  - 'paths'
  - 'heaths'
  - 'urban'
  - 'waste'
  - 'woods'

- `season` (variable categórica): indica la estación en la cual el hongo es comunmente observado.
  - 'spring'
  - 'summer'
  - 'autumn'
  - 'winter'

El conjunto de datos de mushrooms es ideal para utilizar árboles de decisión por:

- Las variables son diversas, ya que combina variables tanto categóricas, como numéricas, que los árboles de decisión manejan de una manera eficaz.
- La relación entre las características de un hongo (como el color, la forma, y la textura) y su clasificación como `edible` o `poisonous` no es lineal y puede ser compleja. Los árboles de decisión son particularmente buenos para captar estas relaciones no lineales, ya que dividen los datos en múltiples ramas basadas en diferentes combinaciones de características.
- Los árboles de decisión ofrecen interpretaciones claras sobre qué características determinan la clasificación de un hongo como `poisonous`, que es valioso en este contexto, ya que puede ser crucial en aplicaciones prácticas, como la seguridad de la salud.

- Los arboles logran capturar interacciones entre variables, como color y forma del sombrero.
- El tamaño del dataset, que consiste de 46.069 observaciones, permite construir modelos robustos y generalizables, además de aplicar poda para evitar sobreajuste.

Para resumir, la variable `class` es una variable categórica binaria que indica si un hongo es comestible (`edible`) o venenoso (`poisonous`) para poder hacer una clasificación binaria.

Asimismo, el conjunto de datos tiene varias variables categóricas (cap-shape, cap-surface, cap-color, entre otras) y variables numéricas como cap-diameter, stem-heigh, y stem-width, cumpliendo así la inclusión de ambos tipos de atributos.

Las variables categóricas están representadas como palabras (e.g. cap-shape con valores como 'bell', 'conical', etc.). Además, hicimos un preprocesamiento de los datos tal que tengamos menos de 50.000 observaciones, pues el dataset original consistía de más de 60K de datos, y que además no tengan valores nulos. ## HOWWW

Usamos árboles de decisión porque son capaces de manejar tanto variables categóricas como numéricas, permitiendo identificar de manera eficaz patrones complejos y no lineales en los datos. Además, los árboles de decisión pueden dividir los datos en función de múltiples atributos, lo que es útil cuando tenemos varias características relevantes, como en este caso, para clasificar hongos entre comestibles y venenosos.

Ejercicio 2: Preparación de los datos

Carga del conjunto de datos y realizamiento del preprocesamiento

```
mushrooms <- read.csv("mushrooms_small.csv")

table(is.na(mushrooms))  #verificamos que no hay valores nulos
#>
#>  FALSE
#> 967449
nrow(mushrooms)  #verificamos que hay menos de 50.000 observaciones
#> [1] 46069
```

Como los datos ya se encuentran sampleados (menos de 50.000 observaciones) y sin valores null, para preprocesarlos nos encargaremos de:

- cambiar los valores de las variables categóricas por palabras enteras en vez de letras.
- quitar columnas que dependen de otras.

La fuente del dataset especifica que las columnas 'gill-color', 'stem-surface', 'stem-color', 'veil-color' y 'spore-print-color' dependen de 'cap-color' y 'cap-surface', así que decidimos eliminar estas columnas correlacionadas para disminuir al máximo posible el ruido, que podría distorsionar nuestra clasificación binaria.

```
mushrooms <- mushrooms[, !(names(mushrooms) %in% c("gill.color", "stem.surface",
    "stem.color", "veil.color", "spore.print.color"))]
ncol(mushrooms)
#> [1] 16
```

Las variables categóricas toman valores de letras que pueden ser confusos, ya que no siempre reflejan de manera clara la palabra que representan (por ejemplo 'k' se utiliza en lugar de 'black'), y pueden repetirse entre columnas sin necesariamente significar lo mismo. Para que el manejo de los datos y las leyendas de los gráficos sean más claras decidimos reemplazarlas por las palabras correspondientes, especificadas anteriormente.

```
# install.packages('dplyr')
library(dplyr)
```

```
#>
#> Attaching package: 'dplyr'
#> The following objects are masked from 'package:stats':
#>
#>     filter, lag
#> The following objects are masked from 'package:base':
#>
#>     intersect, setdiff, setequal, union

mushrooms_renamed <- mushrooms %>%
    mutate(class = recode(class, e = "edible", p = "poisonous"), cap.shape = recode(cap.shape,
        b = "bell", c = "conical", x = "convex", f = "flat", s = "sunken", p = "spherical",
        o = "others"), cap.surface = recode(cap.surface, i = "fibrous", f = "fibrous",
        g = "grooves", y = "scaly", s = "smooth", d = "dry", h = "shiny", l = "leathery",
        k = "silky", t = "sticky", w = "wrinkled", e = "fleshy", ), cap.color = recode(cap.color,
        n = "brown", b = "buff", g = "gray", r = "green", p = "pink", u = "purple",
        e = "red", w = "white", y = "yellow", l = "blue", o = "orange", k = "black"),
        does.bruise.or.bleed = recode(does.bruise.or.bleed, t = "true", f = "false"),
        gill.attachment = recode(gill.attachment, a = "adnate", x = "adnexed", d = "decurrent",
            e = "free", s = "sinuate", p = "pores", f = "none", `?` = "unknown"),
        gill.spacing = recode(gill.spacing, c = "close", d = "distant", f = "none"),
        stem.root = recode(stem.root, b = "bulbous", s = "swollen", c = "club", u = "cup",
            e = "equal", z = "rhizomorphs", r = "rooted"), veil.type = recode(veil.type,
            p = "partial", u = "universal"), has.ring = recode(has.ring, t = "true",
            f = "false"), ring.type = recode(ring.type, c = "cobwebby", e = "evanescent",
            r = "flaring", g = "grooved", l = "large", p = "pendant", s = "sheathing",
            z = "zone", y = "scaly", m = "movable", f = "none", `?` = "unknown"),
        habitat = recode(habitat, g = "grasses", l = "leaves", m = "meadows", p = "paths",
            h = "heaths", u = "urban", w = "waste", d = "woods"), season = recode(season,
            s = "spring", u = "summer", a = "autumn", w = "winter"))
```

```
unique(mushrooms_renamed$class)
#> [1] "poisonous" "edible"
unique(mushrooms_renamed$cap.shape)
#> [1] "convex"    "flat"      "spherical" "bell"      "conical"   "sunken"
#> [7] "others"
unique(mushrooms_renamed$cap.surface)
#>  [1] "grooves"  "shiny"    "dry"      "scaly"    "sticky"   "fleshy"
#>  [7] "silky"    "wrinkled" "leathery" "fibrous"  "smooth"
unique(mushrooms_renamed$cap.color)
#>  [1] "orange" "red"    "brown"  "gray"   "green"  "white"  "yellow" "pink"
#>  [9] "purple" "buff"   "blue"   "black"
unique(mushrooms_renamed$does.bruise.or.bleed)
#> [1] "false" "true"
unique(mushrooms_renamed$gill.attachment)
#> [1] "free"      "none"      "adnexed"   "decurrent" "adnate"    "pores"
#> [7] "sinuate"
unique(mushrooms_renamed$gill.spacing)
#> [1] "none"    "close"   "distant"
unique(mushrooms_renamed$stem.root)
#> [1] "swollen"     "club"        "equal"       "rooted"      "bulbous"
#> [6] "cup"         "rhizomorphs" "f"
unique(mushrooms_renamed$veil.type)
#> [1] "universal" "partial"
```

```r
unique(mushrooms_renamed$has.ring)
#> [1] "true"  "false"
unique(mushrooms_renamed$ring.type)
#>  [1] "grooved"    "pendant"    "evanescent" "large"      "none"
#>  [6] "movable"    "scaly"      "flaring"    "cobwebby"   "sheathing"
#> [11] "zone"
unique(mushrooms_renamed$habitat)
#> [1] "woods"   "meadows" "grasses" "heaths"  "leaves"  "paths"   "waste"
#> [8] "urban"
unique(mushrooms_renamed$season)
#> [1] "winter" "summer" "autumn" "spring"
```

```r
head(mushrooms_renamed$class)
#> [1] "poisonous" "poisonous" "poisonous" "poisonous" "poisonous" "poisonous"
```

Análisis exploratorio de datos: Estadísticas descriptivas y visualizaciones de las variables principales

Primero veamos de qué tipos de datos son nuestras variables. Encontramos solo dos tipos de datos en nuestro dataset: 3 variables de tipo `numeric` '(cap.diameter', 'stem.heigh' y 'stem.width') y 13 categóricas de tipo `character`. Además, 3 de las 13 categóricas son binarias, incluyendo a nuestra variable a predecir 'class', que especifica si el hongo en cuestión es o no comestible ('edible' o 'poisonous').

```r
str(mushrooms_renamed)
#> 'data.frame':    46069 obs. of  16 variables:
#>  $ class                : chr  "poisonous" "poisonous" "poisonous" "poisonous" ...
#>  $ cap.diameter         : num  15.3 16.6 14.1 14.2 15.3 ...
#>  $ cap.shape            : chr  "convex" "convex" "convex" "flat" ...
#>  $ cap.surface          : chr  "grooves" "grooves" "grooves" "shiny" ...
#>  $ cap.color            : chr  "orange" "orange" "orange" "red" ...
#>  $ does.bruise.or.bleed: chr  "false" "false" "false" "false" ...
#>  $ gill.attachment      : chr  "free" "free" "free" "free" ...
#>  $ gill.spacing         : chr  "none" "none" "close" "none" ...
#>  $ stem.height          : num  16.9 18 17.8 15.8 17.8 ...
#>  $ stem.width           : num  17.1 18.2 17.7 16 18.8 ...
#>  $ stem.root            : chr  "swollen" "swollen" "swollen" "swollen" ...
#>  $ veil.type            : chr  "universal" "universal" "universal" "universal" ...
#>  $ has.ring             : chr  "true" "true" "true" "true" ...
#>  $ ring.type            : chr  "grooved" "grooved" "grooved" "pendant" ...
#>  $ habitat              : chr  "woods" "woods" "woods" "woods" ...
#>  $ season               : chr  "winter" "summer" "winter" "winter" ...
```

Comenzamos por analizar la distribución de algunas variables. En primer lugar nos interesa análizar si tenemos una proporción más o menos pareja de los valores que toma **class**. Siendo que hay aproximadamente 44 observaciones de `edible` para cada 55 observaciones de `poisonous` nos aseguramos una buena distribución de valores para que el modelo tenga suficientes ejemplos de ambas clases para aprender y generalizar adecuadamente.

```r
num_edible <- sum(mushrooms_renamed$class == "edible")
num_poisonous <- sum(mushrooms_renamed$class == "poisonous")

prop_edible <- num_edible/(nrow(mushrooms_renamed))
prop_poisonous <- num_poisonous/(nrow(mushrooms_renamed))

print(paste("Edible:", num_edible, "(", round(prop_edible * 100, 2), "%)"))
```

```
#> [1] "Edible: 20516 ( 44.53 %)"
print(paste("Poisonous:", num_poisonous, "(", round(prop_poisonous * 100, 2), "%)"))
#> [1] "Poisonous: 25553 ( 55.47 %)"
```

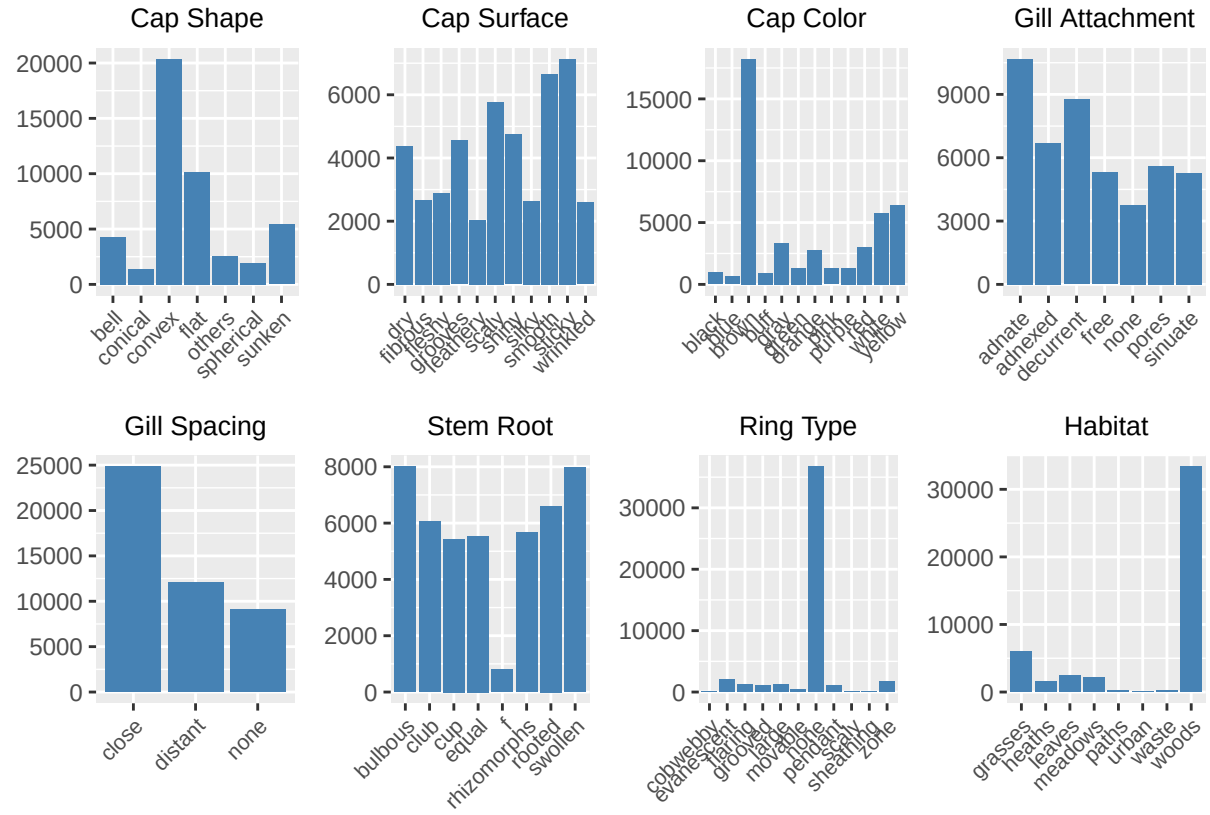
Veamos la distribución de algunas otras variables categóricas. En el gráfico inferior observamos que para algunas variables la distribución de los valores que pueden tomar es más o menos pareja, por ejemplo para 'stem root', 'gill attachment' o - en menor medida - 'cap surface'. Mientras que en otras categorías hay valores sobre representados: para 'cap shape' casi la mitad de los datos son de tipo 'convex' mientras que la otra mitad se distribuye en 6 tipos restantes, y otras categorías como 'cap color', 'ring type' o 'habitat' tienen una diferencia incluso mayor.

Sabemos que una distribución pareja de datos para cada variable permite que el modelo generalice mejor por tener información variada de cada categoría, por lo que la existencia de variables con una distribución desbalanceada podría suponer un problema para el entrenamiento. Puede que ocurra un *overfit* a la clase mayoritaria, lo cual dificulta la predicción cuando los datos pertenecen a las clases minoritarias. En el árbol esto se podría ver representado con cortes que separen a la categoría mayoritaria de las demás, y en consecuencia esto puede disminuir algunas métricas como el F1-score.

```
library(ggplot2)
library(patchwork)

color = "steelblue"

# Define individual plots
p1 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = cap.shape)) + geom_bar(fill = color) + ggtitle("Cap Shape") +
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 8), axis.title.x = element_blank(),
        axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_text(size = 10, hjust = 0.5))

p2 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = cap.surface)) + geom_bar(fill = color) +
    ggtitle("Cap Surface") + theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1,
    size = 8), axis.title.x = element_blank(), axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_tex
    hjust = 0.5))

p3 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = cap.color)) + geom_bar(fill = color) + ggtitle("Cap Color") +
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 8), axis.title.x = element_blank(),
        axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_text(size = 10, hjust = 0.5))

p4 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = gill.attachment)) + geom_bar(fill = color) +
    ggtitle("Gill Attachment") + theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1,
    size = 8), axis.title.x = element_blank(), axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_tex
    hjust = 0.5))

p5 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = gill.spacing)) + geom_bar(fill = color) +
    ggtitle("Gill Spacing") + theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1,
    size = 8), axis.title.x = element_blank(), axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_tex
    hjust = 0.5))

p6 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = stem.root)) + geom_bar(fill = color) + ggtitle("Stem Root") +
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 8), axis.title.x = element_blank(),
        axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_text(size = 10, hjust = 0.5))

p8 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = ring.type)) + geom_bar(fill = color) + ggtitle("Ring Type") +
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 8), axis.title.x = element_blank(),
        axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_text(size = 10, hjust = 0.5))
```

```
p9 <- ggplot(mushrooms_renamed, aes(x = habitat)) + geom_bar(fill = color) + ggtitle("Habitat") +
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 8), axis.title.x = element_blank(),
        axis.title.y = element_blank(), plot.title = element_text(size = 10, hjust = 0.5))

# Combine all the plots into a wider grid layout
combined_plot <- (p1 | p2 | p3 | p4)/(p5 | p6 | p8 | p9) + plot_layout(widths = c(4,
    4))  # Increase the widths for more space
```

```
print(combined_plot)
```



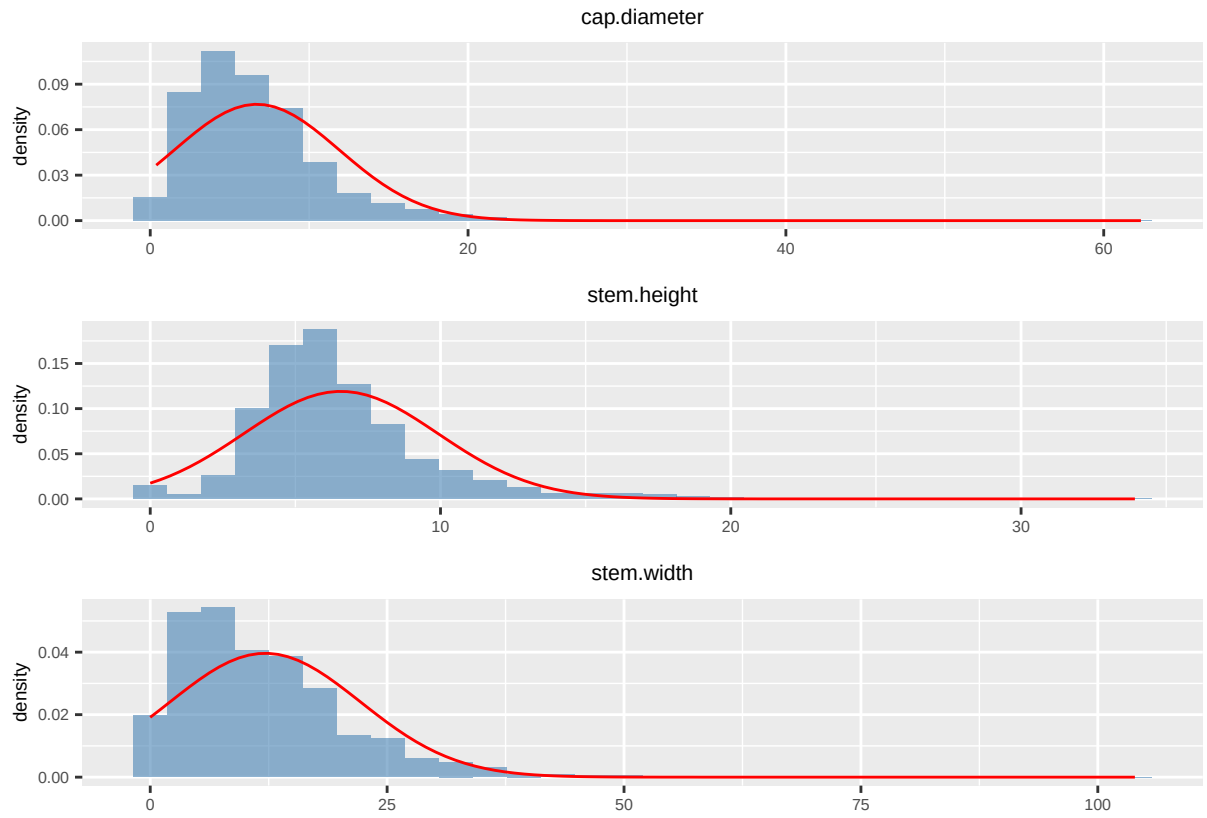
Pasemos ahora a inspeccionar las variables númericas. Visualizamos los datos de una forma más intuitiva con los histogramas, y al superponerles las curvas normales correspondientes observamos que siguen ??? aproximadamente esta distribución.

```
numeric_columns <- mushrooms_renamed[, c("cap.diameter", "stem.height", "stem.width")]
summary(numeric_columns)
#>   cap.diameter     stem.height      stem.width
#>  Min.   : 0.380   Min.   : 0.00   Min.   :  0.00
#>  1st Qu.: 3.480   1st Qu.: 4.63   1st Qu.:  5.19
#>  Median : 5.860   Median : 5.95   Median : 10.16
#>  Mean   : 6.709   Mean   : 6.57   Mean   : 12.14
#>  3rd Qu.: 8.540   3rd Qu.: 7.73   3rd Qu.: 16.53
#>  Max.   :62.340   Max.   :33.92   Max.   :103.91
```

```
create_histogram_with_normal <- function(data, column_name, color) {
  mu <- mean(data[[column_name]], na.rm = TRUE)
  sigma <- sd(data[[column_name]], na.rm = TRUE)
```

```
  ggplot(data, aes_string(x = column_name)) +
    geom_histogram(aes(y = after_stat(density)), fill = color, bins = 30, alpha = 0.6) +
    stat_function(fun = dnorm, args = list(mean = mu, sd = sigma), color = "red", size = 0.5) +
    ggtitle(paste(column_name)) +
    theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 8),  # Título más pequeño
      axis.text = element_text(size = 6),  # Texto del eje más pequeño
      axis.title = element_text(size = 7),
      axis.title.x = element_blank())  # Título del eje más pequeño
}

# Crear los histogramas
p1 <- create_histogram_with_normal(mushrooms_renamed, "cap.diameter", "steelblue")
#> Warning: `aes_string()` was deprecated in ggplot2 3.0.0.
#> i Please use tidy evaluation idioms with `aes()`.
#> i See also `vignette("ggplot2-in-packages")` for more information.
#> This warning is displayed once every 8 hours.
#> Call `lifecycle::last_lifecycle_warnings()` to see where this warning was
#> generated.
#> Warning: Using `size` aesthetic for lines was deprecated in ggplot2 3.4.0.
#> i Please use `linewidth` instead.
#> This warning is displayed once every 8 hours.
#> Call `lifecycle::last_lifecycle_warnings()` to see where this warning was
#> generated.
p2 <- create_histogram_with_normal(mushrooms_renamed, "stem.height", "steelblue")
p3 <- create_histogram_with_normal(mushrooms_renamed, "stem.width", "steelblue")

# Combinar los histogramas en una sola visualización
combined_plot <- p1 / p2 / p3
```

```
print(combined_plot)
```



Por último nos interesa analizar la correlación entre las variables, principalmente para saber si hay algunas variables más correlacionadas con nuestra variable objetivo que otras. Esto significaría que es posible que un modelo menos complejo (de menos variables) sea suficiente para predecirla.

```
# install.packages('PerformanceAnalytics') library('PerformanceAnalytics')
```

```
# chart.Correlation(numeric_columns, pch=19)
```

Ejercicio 3: Construcción de un árbol de decisión básico

```
mushrooms_renamed$cap.shape <- as.factor(mushrooms_renamed$cap.shape)
mushrooms_renamed$cap.surface <- as.factor(mushrooms_renamed$cap.surface)
mushrooms_renamed$cap.color <- as.factor(mushrooms_renamed$cap.color)
mushrooms_renamed$gill.attachment <- as.factor(mushrooms_renamed$gill.attachment)
mushrooms_renamed$gill.spacing <- as.factor(mushrooms_renamed$gill.spacing)
mushrooms_renamed$stem.root <- as.factor(mushrooms_renamed$stem.root)
mushrooms_renamed$ring.type <- as.factor(mushrooms_renamed$ring.type)
mushrooms_renamed$veil.type <- as.factor(mushrooms_renamed$veil.type)
mushrooms_renamed$habitat <- as.factor(mushrooms_renamed$habitat)
mushrooms_renamed$season <- as.factor(mushrooms_renamed$season)
mushrooms_renamed$class <- as.factor(mushrooms_renamed$class)
mushrooms_renamed$does.bruise.or.bleed <- as.factor(mushrooms_renamed$does.bruise.or.bleed)
mushrooms_renamed$has.ring <- as.factor(mushrooms_renamed$has.ring)
```

```
library(dplyr)
set.seed(42)  #semilla para replicabilidad
```

```r
n <- nrow(mushrooms_renamed)
indices <- sample(1:n)  #'mezclamos' primero el orden de las filas, para luego solo tomar de la 1:70%,
train_size <- floor(0.7 * n)
valid_size <- floor(0.15 * n)

train_indices <- indices[1:train_size]
valid_indices <- indices[(train_size + 1):(train_size + valid_size)]
test_indices <- indices[(train_size + valid_size + 1):n]

# creamos los subsets de datos
train_set <- mushrooms_renamed[train_indices, ]
valid_set <- mushrooms_renamed[valid_indices, ]
test_set <- mushrooms_renamed[test_indices, ]
```

Hiperparámetros

Los parámetros e hiperparámetros que utilizamos son los que vienen por defecto en `rpart`. Los principales hiperparámetros son:

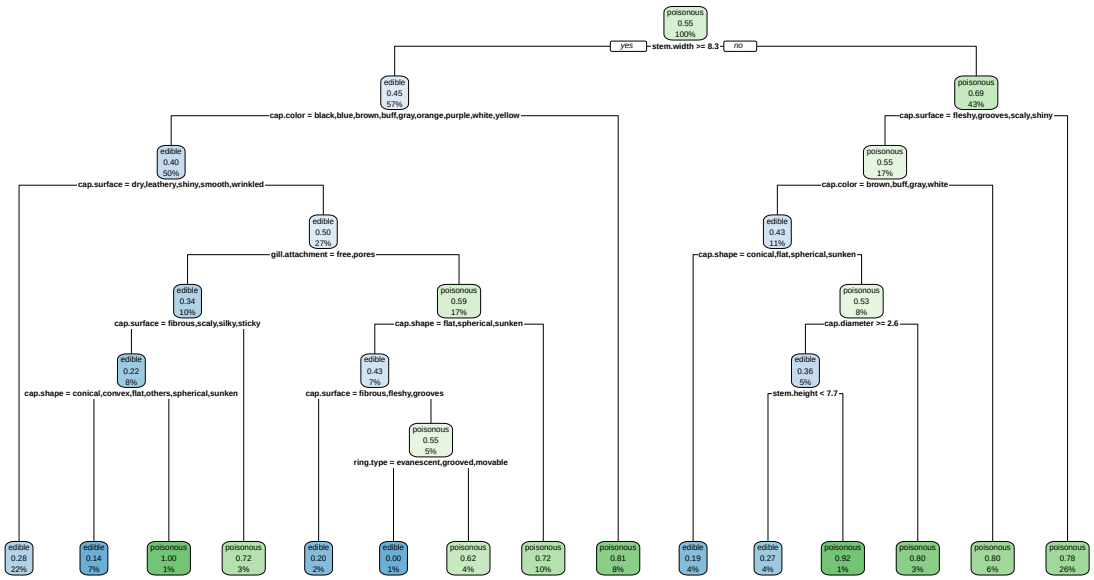
- minsplit = define el número mínimo de observaciones que debe haber en un nodo para realizar un corte (split). Por defecto el valor de este hiperparámetro es 20. Un valor elevado puede producir un árbol con menor profundida, pero menos riesgo de sufrir de overfitting. Aunque, por el otro lado, si es demasiado elevado puede que no realicemos los suficientes cortes para realizar una predicción útil.
- minbucket = define el número mínimo de observaciones que debe haber por hoja. Por defecto su valor es minsplit/3 (si minsplit también se deja por defecto, sería casi 7). Mientras más bajo sea mayor será la specififfity, es decir la proporción de negativos identificados correctamente como tal. Sin embargo, un nivel muy bajo cercano a 1 puede correr el riesgo de realizar overfitting sobre el modelo.
- maxdepth = define la profundidad máxima del árbol. Por defecto toma un valor de 30. Similar a los parámetros anteriores, un valor muy alto puede causar overfitting y un valor muy bajo puede resultar en predicciones malas.

Otros hiperparámetros son cp, xval, maxcompete, maxsurrogate, usersurrogate y surrogatestyle.

Estructura del árbol binario

```r
library(rpart)

tree_model <- rpart(class ~ ., data = train_set, method = "class")  #dejamos los parametros por defecto
```

```r
library(rpart.plot)

rpart.plot(tree_model)
```



El primer corte utiliza la variable 'stem.width' y con esta se logra un primer split bastante parejo: un 57% de los tallos tienen un ancho mayor a los 8.3 centímetros y se clasifican como venenosos, mientras que el 43% restante van a la categoría de comestibles. Luego otros dos criterios de decisión importantes son la superficie y el color de la parte superior del hongo.

En el segundo nivel ya se comienzan a tomar algunas decisiones finales sobre la clasificación. Por ejemplo, si ya se había pre-clasificado como venenoso por tener un tallo ancho y luego no tiene uno de los colores listados (por defecto deja como opciones el rosa, rojo o verde), ya se determina que un 8% del total de hongos que cumple con esas características es venenoso. Por el lado derecho del árbol un 26% también se clasifica como venenoso si no tiene un cierto tipo de superficie.

Las características sobre la superficie reaparecen en otro niveles para afinar aun mas la clasificación. Otras variables utilizadas son 'cap.shape' (varias veces), 'gill.attachment', 'stem.height' y 'cap.diameter'. En el último nivel antes de las hojas la última clasificación se realiza en base al 'ring.type'.

Las variables 'habitat', 'season', 'does-bruise-or-bleed', 'gill.spacing', 'stem.root', 'veil.type' y 'has.ring' no fueron usadas. #REVISAR CORR

Ejercicio 4: Evaluación del árbol de decisión básico

Comenzamos evaluando las predicciones sobre el conjunto de *testing*, tanto para las probabilidades como la clase predicha. A partir de esots datos podemos comenzar a calcular las métricas que nos interesan.

```
# Instalacion y/o importe de las librerias install.packages('caret')
library(caret)
#> Loading required package: lattice
```

```r
# Predicciones de probabilidades y de clases
pred_prob <- predict(tree_model, test_set, type = "prob")  # Probabilidades predichas
pred_class <- predict(tree_model, test_set, type = "class")  # Clases predichas
```

Matriz de confusión

Hacemos la Matriz de Confusión:

```r
conf_matrix <- confusionMatrix(pred_class, test_set$class)
cat("Matriz de Confusion:\n")
#> Matriz de Confusion:
print(conf_matrix$table)
#>            Reference
#> Prediction  edible poisonous
#>   edible      2075       613
#>   poisonous   1008      3215
```

```r
print(t(conf_matrix$table))  # traspongo para que sea como visto en clase
#>            Prediction
#> Reference   edible poisonous
#>   edible      2075      1008
#>   poisonous    613      3215
```

Lo que obtenemos es:

- $TP = 2075$: El True Positive indica la cantidad de instancias donde el modelo predijo `edible` y la clase verdaderamente tomaba ese valor.
- $FP = 613$: El False Positive indica la cantidad de instancias donde el modelo predijo `edible`, cuando en realidad la clase tomaba el valor `poisonous`.
- $FN = 1008$: El False Negative indica la cantidad de instancias donde el modelo predijo `poisonous`, cuando en realidad la clase tomaba el valor `edible`.
- $TN = 3215$: El True Negative Indica la cantidad de instancias donde el modelo predijo `poisonous` y la clase clase verdaderamente tomaba ese valor.

Necesitamos de otras métricas para evaluar si el resultado fue bueno, por lo que a continuación calculamos la `accuracy`.

Accuracy

Buscamos ver la proporcion de predicciones correctas (tanto positivas como negativas) de las predicciones totales.

$$
\begin{aligned}
Accuracy = \frac{TP + TN}{P + N} = \\
= \frac{TP + TN}{TP + FN + FP + TN} = \\
= \frac{TP + TN}{TP + FN + FP + TN} = \\
= \frac{2075 + 3215}{2075 + 1008 + 613 + 3215} = \\
= \frac{5290}{6911} = 0.7654464
\end{aligned}
$$

Verificamos el número obtenido con R y con el método de ['Accuracy'] de la misma matriz de confusión.

```r
#
TP <- conf_matrix$table[1, 1]
FP <- conf_matrix$table[1, 2]
FN <- conf_matrix$table[2, 1]
TN <- conf_matrix$table[2, 2]

# Calculamos el accuracy
Accuracy <- (TP + TN)/(TP + FN + FP + TN)
print(paste("Accuracy: ", Accuracy))
#> [1] "Accuracy:  0.765446389813341"

# Validacion
print(paste("Accuracy (conf matrix): ", conf_matrix$overall["Accuracy"]))
#> [1] "Accuracy (conf matrix):  0.765446389813341"
```

Esta métrica indica que el modelo clasifica correctamente alrededor de 76.5% de las instancias, lo cual significa que en este caso $Error\ rate = 1 - Accuracy = 0.2345536$.

Pero para considerar que las clases pueden llegar a estar desbalanceadas, usaremos Precision-Recall:

Precision and Recall

Precision

Buscamos ver la proporcion de las instancias predichas como `edible` (positivas) que verdaderamente toman ese valor.

$$Precision_{edible} = \frac{TP}{TP + FP} =$$

$$= \frac{2075}{2075 + 613} = 0.7719494$$

```r
Precision <- TP/(TP + FP)
Precision
#> [1] 0.7719494

# Validacion
print(paste("Precision (conf matrix): ", conf_matrix$byClass["Pos Pred Value"]))
#> [1] "Precision (conf matrix):  0.771949404761905"
```

Esto significa que alrededor de 77.2% del tiempo cuando el modelo predice la clase `edible`, acierta.

Recall

Buscamos ver la proporcion de las instancias que verdaderamente valen `edible` que fueron correctamente predichas como tal.

$$Recall_{edible} = \frac{TP}{TP + FN} =$$

$$= \frac{2075}{2075 + 1008} = 0.6730457$$

En R:

```r
Recall <- TP/(TP + FN)
print(paste("Recall: ", Recall))
#> [1] "Recall:  0.673045734674019"

# Validacion
```

```r
print(paste("Recall: ", conf_matrix$byClass["Sensitivity"]))
#> [1] "Recall:  0.673045734674019"
```

Esto significa que alrededor de 67.3% el modelo identifica correctamente si los hongos son `edible`, es decir, comestibles.

Queremos también una ponderacion conjunta de Precision y de Recall, por lo cual calculamos el F1-Score.

F1-Score

$$F1 - Score = \frac{2 * Precision * Recall}{Precision + Recall} =$$
$$= \frac{2 * 0.7719494 * 0.6730457}{0.7719494 + 0.6730457} = 0.7191128$$

En R:

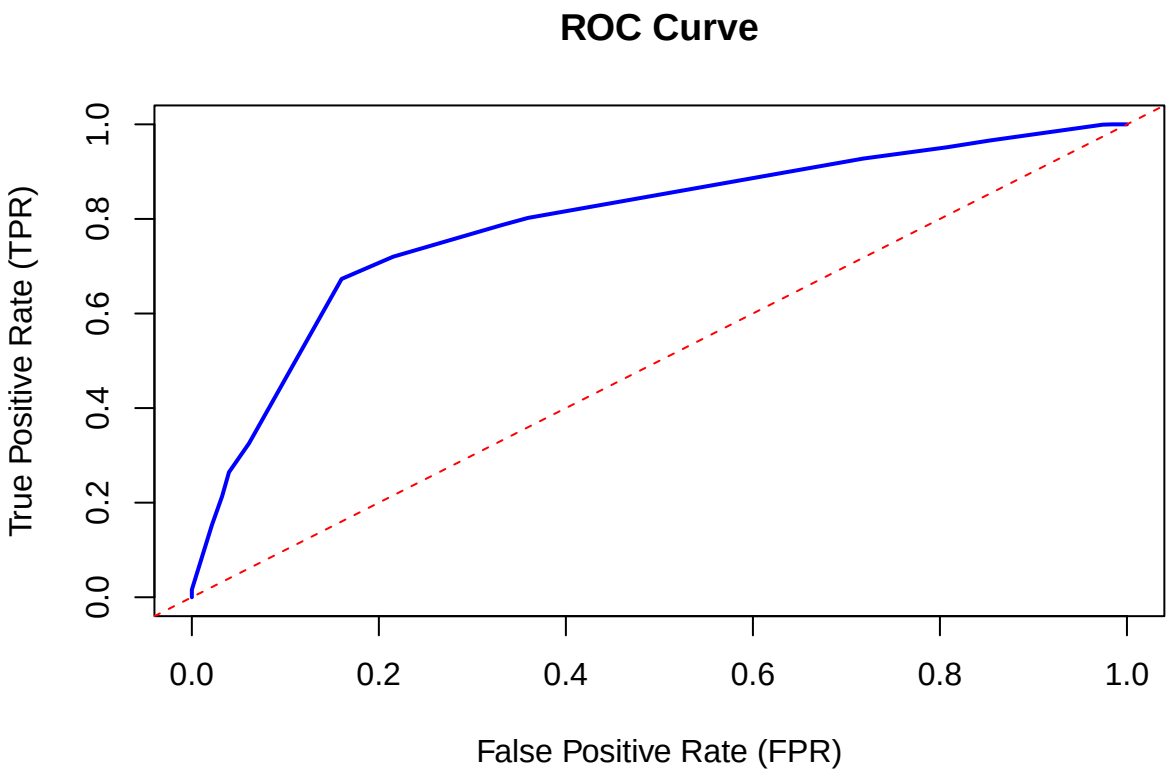
```r
F1_score <- (2 * Precision * Recall)/(Precision + Recall)
print(paste("F1_score: ", F1_score))
#> [1] "F1_score:  0.719112805406342"
```

Esto significa que el accuracy del modelo en predicir la clase `edible` es igual a 0.7191128.

ROC-AUC Score

Buscamos ver que tan bien el modelo tiene la capacidad de separar o clasificar las clases. Esto se obtiene graficando la relación entre el *True Positive Rate* (o Recall) y el *False Positive Rate*. Es decir, de los que efectivamente son `edible`, en que proporción acierta y en cuánto erra. En la situación ideal, el TRP es 1.0 mientras que el FPR es 0.0, es decir que acierta siempre (y por ende nunca erra en la clasificación). Mientras más se acerque la curva ROC a esta forma, mejor será nuestro modelo. Medimos el área debajo de esta curva para calcular la métrica AUC-ROC.

```r
# Install PRROC package if not already installed install.packages('PRROC')
library(PRROC)

# Calculate ROC curve using PRROC
roc_obj <- roc.curve(scores.class0 = pred_prob[, "edible"], weights.class0 = test_set$class ==
    "edible", curve = TRUE)

# Plot the ROC curve
plot(roc_obj$curve[, 1], roc_obj$curve[, 2], type = "l", col = "blue", lwd = 2, xlab = "False Positive R
    ylab = "True Positive Rate (TPR)", main = "ROC Curve")

# Diagonal line representing random classifier
abline(a = 0, b = 1, lty = 2, col = "red")
```




```
auc_value <- roc_obj$auc
print(paste("AUC-ROC Score:", auc_value))
#> [1] "AUC-ROC Score: 0.792191547607779"
```

$$AUC - ROC = 0.7921915$$

Esto significa que como $0.7921915 > 0.5$, el modelo se ejecuta mejor que hacer random guessing.

Por lo tanto, evaluamos el modelo de árbol de decisión sobre el conjunto de testeo, calculando varias métricas claves. La matriz de confusión mostró un balance aceptable entre verdaderos positivos y negativos, aunque con un número considerable de falsos positivos y negativos. El accuracy fue del 76.5%, lo que indica que el modelo clasifica correctamente la mayoría de las instancias.

La precisión fue del 77.2% y el recall del 67.3%, lo que sugiere que el modelo es más confiable en predecir instancias positivas que en capturar todas las positivas existentes. El F1-score combinó estos aspectos y alcanzó un valor de 0.719.

Finalmente, el AUC-ROC de 0.792 indica que el modelo tiene una buena capacidad para distinguir entre las clases, superando el azar. En resumen, el modelo tiene un desempeño razonable.

Ejercicio 5: Optimización del modelo

En esta sección, optimizaremos el modelo de árbol de decisión ajustando los hiperparámetros maxdepth, minsplit, y minbucket. La optimización se realizará evaluando el rendimiento del modelo en términos de AUC-ROC sobre un conjunto de validación. Exploraremos varias combinaciones de estos hiperparámetros para identificar la configuración que maximice el AUC-ROC.

Primero, definimos una función opt_hiperparams que ajusta el modelo de árbol de decisión para cada combinación de hiperparámetros y calcula el AUC-ROC en el conjunto de validación.

```
library(pROC)
#> Type 'citation("pROC")' for a citation.
#>
#> Attaching package: 'pROC'
#> The following objects are masked from 'package:stats':
#>
#>     cov, smooth, var
opt_hiperparams <- function(train_data, valid_data, maxdepth_set, minsplit_set, minbucket_set) {
    # Initialize a data frame to store results
    results <- data.frame(maxdepth = integer(), minsplit_val = integer(), minbucket_val = integer(),
        auc = numeric())

    # Loop through all combinations of hyperparameters
    for (depth in maxdepth_set) {
        for (split in minsplit_set) {
            for (bucket in minbucket_set) {
                # Adjust the model
                tree_model_modified <- rpart(class ~ ., data = train_data, method = "class",
                  control = rpart.control(minbucket = bucket, minsplit = split, maxdepth = depth,
                    cp = 0, xval = 0))

                # Predict probabilities on the validation set
                pred_probs <- predict(tree_model_modified, newdata = valid_data,
                  type = "prob")[, 2]

                # Calculate AUC-ROC
                roc_curve <- roc(valid_data$class, pred_probs)
                auc_value <- auc(roc_curve)

                results <- rbind(results, data.frame(maxdepth = depth, minsplit_val = split,
                  minbucket_val = bucket, auc = auc_value))
            }
        }
    }

    return(results)
}
```

VISUALIZACION!!!!

Ahora, definimos los conjuntos de valores que probaremos para los hiperparámetros maxdepth, minsplit, y minbucket.

```
maxdepth_options <- c(3, 5, 7, 9, 11)
minsplit_options <- c(1000, 3000, 6000, 10000, 20000)  #si ponemos 1000 como minimo elige eso (y maxdep
minbucket_options <- c(50, 100, 500, 1000, 5000)
```

Ejecutamos la función opt_hiperparams para encontrar la combinación óptima de hiperparámetros.

```
# Identificar el mejor modelo basado en AUC
results <- opt_hiperparams(train_set, valid_set, maxdepth_options, minsplit_options,
    minbucket_options)
```

A continuación, identificamos los hiperparámetros que maximizaron el AUC-ROC.

```r
best_model_params <- results[which.max(results$auc), ]
best_maxdepth <- best_model_params$maxdepth
best_maxdepth <- as.integer(as.character(best_maxdepth))

best_minsplit <- best_model_params$minsplit_val
best_minbucket <- best_model_params$minbucket_val
```

En este paso, seleccionamos la configuración de hiperparámetros que produjo el mayor AUC-ROC en el conjunto de validación. Esta configuración se usará para ajustar un nuevo modelo que será evaluado en el conjunto de testeo.

Con los mejores hiperparámetros seleccionados, entrenamos el modelo final y evaluamos su rendimiento en el conjunto de testeo.

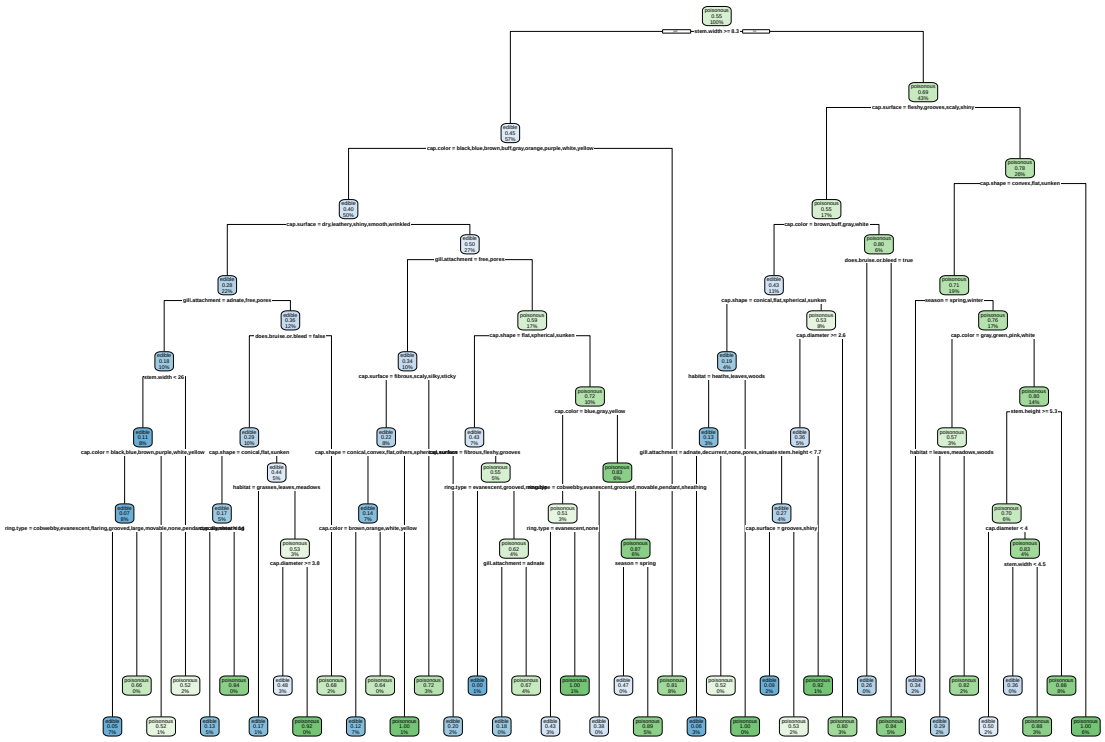
```r
new_model <- rpart(class ~ ., data = train_set, method = "class", minsplit = best_minsplit,
    minbucket = best_minbucket, maxdepth = best_maxdepth, cp = 0, xval = 0)



# Hacer predicciones en el conjunto de testeo
test_predictions <- predict(new_model, newdata = test_set, type = "prob")[, 2]

# Calcular el AUC-ROC
roc_curve <- roc(test_set$class, test_predictions)
#> Setting levels: control = edible, case = poisonous
#> Setting direction: controls < cases
auc_value <- auc(roc_curve)

auc_value <- roc_curve$auc
```

Este bloque de código ajusta el modelo final con los mejores valores de los hiperparámetros identificados y luego evalúa su rendimiento en el conjunto de testeo, calculando el AUC-ROC. Este valor se comparará con el AUC-ROC obtenido con el modelo básico.

```r
print(paste("Max depth *: ", best_maxdepth))
#> [1] "Max depth *:  9"
print(paste("Min bucket *: ", best_minbucket))
#> [1] "Min bucket *:  50"
print(paste("Min split *: ", best_minsplit))
#> [1] "Min split *:  1000"
```

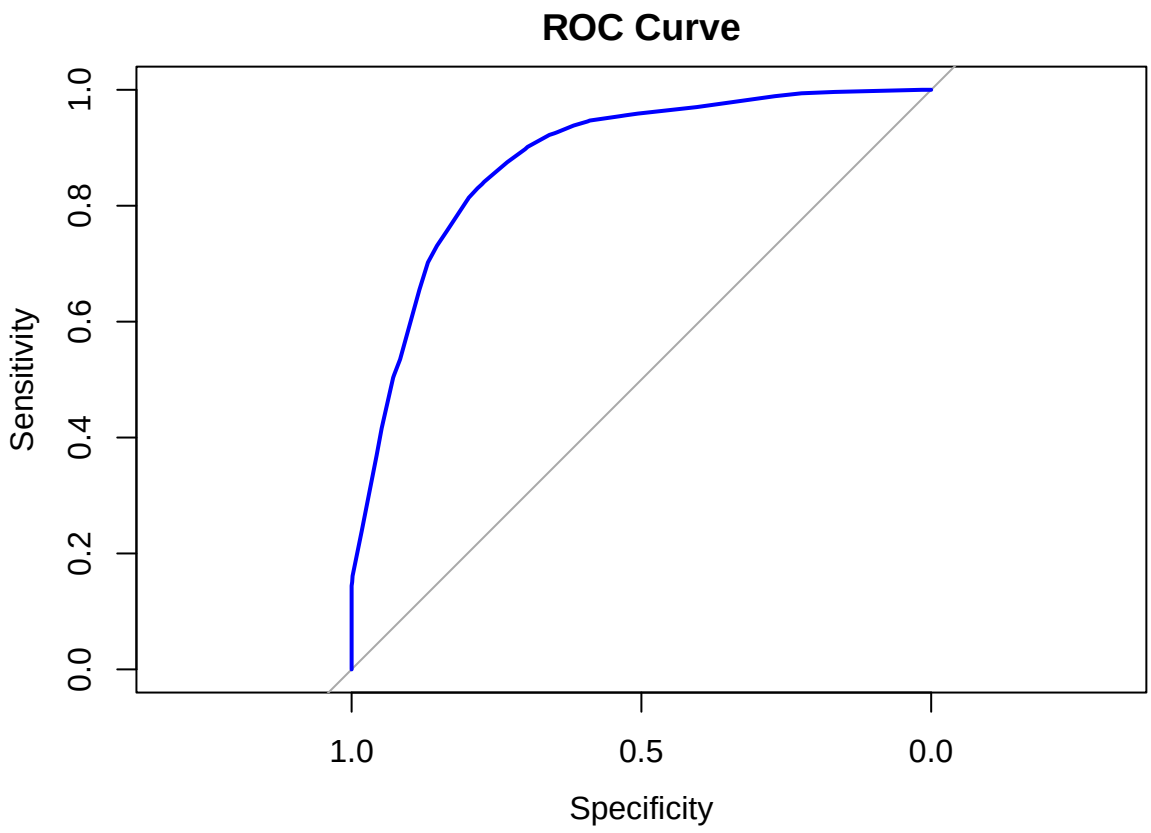
Finalmente, visualizamos el modelo optimizado y evaluamos sus métricas de rendimiento.

```r
library(rpart.plot)
rpart.plot(new_model)
#> Warning: labs do not fit even at cex 0.15, there may be some overplotting
```



```
print(paste("AUC-ROC Score:", auc_value))
#> [1] "AUC-ROC Score: 0.8779796494139 33"
```

```
# Plot de ROC curve
plot(roc_curve, main = "ROC Curve", col = "blue", lwd = 2, xlim = c(1, 0))
```



A continuación, comparamos el rendimiento del modelo optimizado con el modelo básico evaluando la matriz de confusión, el TPR, y el FPR.

```
prediccion <- predict(new_model, test_set, type = "class")  # Clases predichas

matrix <- confusionMatrix(prediccion, test_set$class)
print("Matriz de Confusión:")
#> [1] "Matriz de Confusión:"

print(t(matrix$table))
#>            Prediction
#> Reference   edible poisonous
#>   edible      2328       755
#>   poisonous    555      3273

TP <- matrix$table[1, 1]
FP <- matrix$table[1, 2]
FN <- matrix$table[2, 1]
TN <- matrix$table[2, 2]

TPR <- TP/(TP + FN)
FPR <- FP/(FP + TN)
```

```
# Print the metrics
print(paste("True Positive Rate (TPR):", TPR))
#> [1] "True Positive Rate (TPR): 0.755108660395718"
print(paste("False Positive Rate (FPR):", FPR))
```

```
#> [1] "False Positive Rate (FPR): 0.144984326018809"
```

Habiendo optimizado los hiperparámetros obtenemos un valor de AUC-ROC de aproximadamente 0.877, 0.08 puntos mejor que con el árbol básico sin optimizar. Además, logramos aumentar el TPR un poco más de 0.10 puntos, y disminuir el FPR de 0.16 a 0.145. Este último punto es muy relevante, ya que en nuestro modelo

- El TPR indica la proporción de hongos comestibles correctamente identificados como tal.
- El FPR indica la proporción de hongos venenosos incorrectamente identificados como comestibles.

Si el modelo fuera a usarse como una manera confiable de decidir si comer un hongo salvaje, resulta más peligroso que el FPR sea alto a que el TPR sea bajo.

Ejercicio 6: Interpretación de resultados

Explicación del árbol optimizado

El árbol de decisión optimizado presenta algunas diferencias clave con respecto al árbol básico. Aunque los primeros cortes siguen siendo los mismos, reflejando la importancia central de ciertas variables como cap.color y cap.shape, el árbol optimizado introduce nuevas variables a partir de niveles más profundos, como does.bruise.bleed, habitat, y season.

Estas nuevas variables, aunque no fueron las más influyentes en los primeros cortes, contribuyeron a mejorar la precisión del modelo al refinar las decisiones en ramas específicas. Esto sugiere que, al permitir una mayor profundidad y ajuste en el árbol, logramos capturar relaciones más sutiles en los datos que no fueron aprovechadas por el modelo básico.

Rendimiento

El valor de AUC-ROC del árbol optimizado es de 0.877, lo que representa una mejora significativa de 0.08 puntos en comparación con el árbol básico. Esta mejora se traduce también en un mejor True Positive Rate (TPR) y una reducción del False Positive Rate (FPR). Específicamente, el TPR aumentó en 0.10 puntos, lo que implica que el modelo ahora es más efectivo en identificar correctamente los hongos comestibles. Más crucialmente, el FPR disminuyó de 0.16 a 0.145, reduciendo el riesgo de clasificar incorrectamente hongos venenosos como comestibles—aumentando así la seguridad del modelo en aplicaciones sensibles.

Variables

Aunque las variables clave del árbol básico siguen desempeñando un papel principal en el árbol optimizado, la introducción de nuevas variables en los niveles inferiores sugiere un cambio en la estructura de importancia. La aparición de variables como habitat y season en las ramas más profundas indica que estas variables, aunque no determinantes por sí solas, contribuyen a mejorar la clasificación cuando se combinan con otras. Esta combinación de variables más específicas permite al modelo optimizado tener un enfoque más refinado, mejorando la capacidad de generalización y aumentando el AUC-ROC.

Consideraciones finales

En resumen, la optimización de los hiperparámetros ha llevado a un árbol más profundo y detallado, que captura relaciones más complejas en los datos. Esto ha resultado en un modelo más preciso y seguro, especialmente en este contexto donde la minimización del FPR es crítico. Este proceso de optimización no solo ha mejorado las métricas de rendimiento, sino que también revelo la importancia de considerar variables adicionales que, en un primer análisis, podrían haber sido subestimadas.

Ejercicio 7: Análisis del impacto de los valores faltantes

En este ejercicio, exploraremos cómo la introducción de valores faltantes (NA) en diferentes proporciones afecta el rendimiento de un modelo de árbol de decisión optimizado. Para ello, se crearán tres conjuntos de datos con 20%, 50% y 75% de valores faltantes, respectivamente, y se analizará el impacto de estos valores en la performance del modelo.

En este primer bloque de código, definimos una función add_na_to_df que nos permite agregar valores faltantes (NA) a un conjunto de datos en una proporción específica.

Simular la pérdida de datos en diferentes grados nos permite evaluar la robustez del modelo frente a escenarios donde la información está incompleta.

```
add_na_to_df <- function(df, na_fraction) {
    # Seleccionar las columnas predictoras
    predictors <- df %>%
        select(-class)

    num_rows <- nrow(predictors)
    num_na <- round(num_rows * na_fraction)

    df_na <- df

    # Agregar NA a cada columna individualmente
    for (col in names(predictors)) {
        na_indices <- sample(1:num_rows, num_na, replace = FALSE)
        df_na[na_indices, col] <- NA
    }

    return(df_na)
}
```

Se crean tres nuevos conjuntos de datos para entrenamiento, validación y testeo con diferentes niveles de valores faltantes (20%, 50%, 75%). Esto permite evaluar cómo se comporta el modelo bajo diferentes niveles de datos incompletos.

```
veinte_train <- add_na_to_df(train_set, 0.2)
cincuenta_train <- add_na_to_df(train_set, 0.5)
setentaicinco_train <- add_na_to_df(train_set, 0.75)

veinte_valid <- add_na_to_df(valid_set, 0.2)
cincuenta_valid <- add_na_to_df(valid_set, 0.5)
setentaicinco_valid <- add_na_to_df(valid_set, 0.75)

veinte_test <- add_na_to_df(test_set, 0.2)
cincuenta_test <- add_na_to_df(test_set, 0.5)
setentaicinco_test <- add_na_to_df(test_set, 0.75)
```

Sobre cada dataset nuevo de los datos de training, verificamos que haya la cantidad esperada de NAs:

Antes de seguir con la optimización, verificamos que los conjuntos de datos generados contengan el número esperado de valores faltantes.

```
total <- nrow(train_set)
num_20 <- ceiling(total * 0.2)
num_50 <- floor(total * 0.5)
num_75 <- ceiling(total * 0.75)
print(paste("Con 20% NAs debería haber ", num_20, "datos faltantes"))
#> [1] "Con 20% NAs debería haber  6450 datos faltantes"
print(paste("Con 50% NAs debería haber ", num_50, "datos faltantes"))
#> [1] "Con 50% NAs debería haber  16124 datos faltantes"
print(paste("Con 75% NAs debería haber ", num_75, "datos faltantes"))
#> [1] "Con 75% NAs debería haber  24186 datos faltantes"
```

Revisamos que efectivamente incorporamos estos datos correctamente:

```
# Verificar los resultados con algunas columnas samples
summary(veinte_train$cap.diameter)["NA's"]
#> NA's
#> 6450
summary(cincuenta_train$gill.attachment)["NA's"]
#>  NA's
#> 16124
summary(setentaicinco_train$veil.type)["NA's"]
#>  NA's
#> 24186
```

Ahora, optimizamos el modelo de árbol de decisión para cada uno de los conjuntos de datos generados con NA, utilizando la misma función de optimización de hiperparámetros utilizada en ejercicio 5.

```
results_veinte <- opt_hiperparams(veinte_train, veinte_valid, maxdepth_options, minsplit_options,
    minbucket_options)
results_cincuenta <- opt_hiperparams(cincuenta_train, cincuenta_valid, maxdepth_options,
    minsplit_options, minbucket_options)
results_setentaicinco <- opt_hiperparams(setentaicinco_train, setentaicinco_valid,
    maxdepth_options, minsplit_options, minbucket_options)
```

Seleccionamos los mejores valores de hiperparámetros para cada conjunto de datos con NA, basándonos en el AUC obtenido en validación.

```
find_best_params <- function(results) {
    best_model_params <- results[which.max(results$auc), ]
    best_maxdepth <- as.integer(as.character(best_model_params$maxdepth))
    best_minsplit <- as.integer(as.character(best_model_params$minsplit))
    best_minbucket <- as.integer(as.character(best_model_params$minbucket))

    return(list(maxdepth = best_maxdepth, minsplit = best_minsplit, minbucket = best_minbucket))
}

best_params_veinte <- find_best_params(results_veinte)
best_params_cincuenta <- find_best_params(results_cincuenta)
best_params_setentaicinco <- find_best_params(results_setentaicinco)
```

```
print(paste("Veinte Train - Max depth:", best_params_veinte$maxdepth, "Min split:",
    best_params_veinte$minsplit, "Min bucket:", best_params_veinte$minbucket))
#> [1] "Veinte Train - Max depth: 11 Min split: 1000 Min bucket: 50"
print(paste("Cincuenta Train - Max depth:", best_params_cincuenta$maxdepth, "Min split:",
    best_params_cincuenta$minsplit, "Min bucket:", best_params_cincuenta$minbucket))
#> [1] "Cincuenta Train - Max depth: 11 Min split: 1000 Min bucket: 50"
print(paste("Setentaicinco Train - Max depth:", best_params_setentaicinco$maxdepth,
    "Min split:", best_params_setentaicinco$minsplit, "Min bucket:", best_params_setentaicinco$minbucke
#> [1] "Setentaicinco Train - Max depth: 11 Min split: 1000 Min bucket: 50"
```

Una vez identificados los mejores hiperparámetros, entrenamos un nuevo modelo y evaluamos su rendimiento en el conjunto de testeo.

```
train_and_evaluate <- function(train_set, test_set, best_params) {
    new_model <- rpart(class ~ ., data = train_set, method = "class", minsplit = best_params$minsplit,
        minbucket = best_params$minbucket, maxdepth = best_params$maxdepth, cp = 0,
        xval = 0)
```

```
    # Make predictions
    test_predictions <- predict(new_model, newdata = test_set, type = "prob")[, 2]
    # Calculate AUC
    roc_curve <- roc(test_set$class, test_predictions)
    auc_value <- auc(roc_curve)

    return(auc_value)
}

# Evaluate each model
auc_veinte <- train_and_evaluate(veinte_train, veinte_test, best_params_veinte)
#> Setting levels: control = edible, case = poisonous
#> Setting direction: controls < cases
auc_cincuenta <- train_and_evaluate(cincuenta_train, cincuenta_test, best_params_cincuenta)
#> Setting levels: control = edible, case = poisonous
#> Setting direction: controls < cases
auc_setentaicinco <- train_and_evaluate(setentaicinco_train, setentaicinco_test,
    best_params_setentaicinco)
#> Setting levels: control = edible, case = poisonous
#> Setting direction: controls < cases
```

Por lo cual, entrenamos un nuevo modelo con los mejores hiperparámetros obtenidos para cada nivel de NA y calculamos su AUC-ROC en el conjunto de testeo. Esto nos permite medir cómo el rendimiento del modelo se ve afectado cuando se enfrenta a datos incompletos.

```
print(paste("Veinte Train AUC:", auc_veinte))
#> [1] "Veinte Train AUC: 0.816215834228965"
print(paste("Cincuenta Train AUC:", auc_cincuenta))
#> [1] "Cincuenta Train AUC: 0.71802839991852"
print(paste("Setentaicinco Train AUC:", auc_setentaicinco))
#> [1] "Setentaicinco Train AUC: 0.632216276198291"
```

El árbol con mejor performance en testeo es el de menor cantidad de NAs (20%), lo cual tiene sentido porque una mayor cantidad de datos evita la distorsión de datos. Los hiperparámetros que lo optimizan son los mismos que los que optimizaban al árbol del punto 5, pero la performance es 0.07 puntos menor.

Los valores muestran cómo el AUC del modelo disminuye a medida que aumenta la proporción de valores faltantes. Esto demuestra claramente que los modelos entrenados con datos más completos (menos NA) tienden a tener un mejor rendimiento, ya que tienen más información disponible para hacer predicciones.

Los resultados obtenidos indican que la presencia de valores faltantes tiene un impacto negativo en el rendimiento del modelo. Con un 20% de NA, el modelo todavía mantiene una buena capacidad predictiva, pero a medida que aumentamos el porcentaje de NA a 50% y 75%, el rendimiento disminuye significativamente, lo que subraya la importancia de manejar adecuadamente los datos incompletos en la práctica.

Ejercicio 8: Conclusiones y discusión