F1-Score de SVM según método de selección de características F1-Score de RF según método de selección de características F1-Score de kNN según método de selección de características y número de genes usados en el modelo y número de genes usados en el modelo v número de genes usados en el modelo F1-Score medio en los 5 fold (desviación típica) F1-Score medio en los 5 fold (desviación típica) F1-Score medio en los 5 fold (desviación típica) 80.22 (3.4) 76.48 (6.1) 27.60 (37.8) 79.97 (2.7) 61.67 (34.9) 73.71 (4.7) 0.00 (0.0) 10 64.74 (36.6) 55.20 (31.0) 79.94 (3.8) 78.42 (4.8) 0.00 (0.0) 83.38 (5.4) 81.87 (7.3) 55.17 (31.0) 60.81 (34.4) 73.96 (5.9) 0.00 (0.0) 80.39 (3.1) 77.07 (4.6) 0.00 (0.0) 82.93 (5.1) 80.57 (6.0) 52.93 (29.7) 75.41 (4.8) 75.44 (6.4) modelo 2 80.28 (3.3) 78.51 (3.8) 0.00 (0.0) 80.90 (3.1) 81.49 (5.1) 53.73 (30.2) 74.18 (4.0) 74.05 (7.2) 0.00 (0.0) F1-Score F1-Score F1-Score 80.29 (3.1) 77.04 (4.8) 0.00 (0.0) 81.62 (3.3) 81.30 (5.1) 41.06 (37.6) 76.04 (2.9) 77.55 (4.5) 0.00 (0.0) 60 60 60 40 40 de genes 77.92 (4.5) 75.29 (1.4) 0.00 (0.0) 81.30 (2.1) 81.86 (6.0) 51.21 (28.9) 60.00 (33.7) 80.43 (3.5) 0.00 (0.0) 20 20 20 78.72 (3.7) 79.51 (3.6) 0.00 (0.0) 80.71 (2.3) 81.05 (4.7) 40.55 (37.1) 77.78 (5.8) 80.78 (3.0) 0.00 (0.0) 61.15 (34.4) 81.61 (4.2) 80.96 (1.5) 80.70 (5.2) 36.47 (33.7) 75.00 (3.7) 82.46 (4.2) 0.00 (0.0) 0.00 (0.0) 72.46 (3.3) 0.00 (0.0) 70.64 (2.1) 71.98 (3.5) 77.44 (3.8) 72.34 (5.5) 73.93 (3.6) 40.67 (37.2) 0.00 (0.0) 0.00 (0.0) 69.35 (2.9) 56.89 (32.4) 0.00 (0.0) 0.00 (0.0) 66.05 (3.7) 50.35 (7.4) MRMR RF DA MRMR RF DA MRMR RF DA Método de selección de características Método de selección de características Método de selección de características