```
In [1]: import pandas as pd
        import pylab as pl
        import numpy as np
        import scipy.optimize as opt
        from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
        from sklearn.model_selection import train_test_split
        from sklearn import metrics
        import matplotlib.pyplot as plt
        import warnings
        from sklearn.metrics import confusion_matrix
        from sklearn.metrics import classification_report
        from sklearn import tree
        import graphviz
        import pydotplus
        from PIL import Image
        # Adicion de colores al arbol de decision
        from six import StringIO
        from IPython.display import Image
        from sklearn.tree import export_graphviz
        warnings.filterwarnings('ignore')
        import os
        os.chdir('/Users/Lenovo/Desktop/EBAC')
In [3]: data = pd.read_csv('drugs1.csv')
Out[3]:
             Age
                 Sex
                           BP Cholesterol Na_to_K Drug
              23
                          HIGH
                                     HIGH
                                            25.355 drugY
              47
                          LOW
                                     HIGH
                                            13.093 drugC
                                            10.114 drugC
          2
              47
                          LOW
                                     HIGH
                   M
          3
              28
                    F
                      NORMAL
                                     HIGH
                                             7.798 drugX
          4
              61
                    F
                          LOW
                                     HIGH
                                            18.043 drugY
                    F
                          IOW
        195
              56
                                     HIGH
                                            11.567 drugC
        196
              16
                          LOW
                                     HIGH
                                            12.006 drugC
                      NORMAL
                                     HIGH
                                             9.894 drugX
              52
        198
              23
                      NORMAL
                                  NORMAL
                                            14.020 drugX
              40
                                  NORMAL
                                            11.349 drugX
        199
                          LOW
        200 rows × 6 columns
In [5]: features cols = ['Age', 'Sex', 'BP', 'Cholesterol', 'Na to K']
        X = data[features_cols].values
        y = data.Drug
In [7]: from sklearn import preprocessing
        Cod_Sex = preprocessing.LabelEncoder()
        Cod Sex.fit(['F', 'M'])
        X[:,1] = Cod_Sex.transform(X[:,1])
        Cod_BP = preprocessing.LabelEncoder()
        Cod_BP.fit(['HIGH', 'LOW', 'NORMAL'])
        X[:,2] = Cod_BP.transform(X[:,2])
        Cod_Cholesterol = preprocessing.LabelEncoder()
        Cod_Cholesterol.fit(['HIGH', 'LOW', 'NORMAL'])
        X[:,3] = Cod Cholesterol.transform(X[:,3])
In [9]: # Creacion de grupos de entrenamiento y prueba
        X train, X test, y train, y test = train test split(X, y, test size = 0.3, random state = 1)
```

Gini, Produndidad = 5

```
In [28]: # Crear Objeto de clasificacion del arbol de decision
    clf = DecisionTreeClassifier(criterion = 'gini', max_depth = 5)

# Apliacion del algoritmo de arboles de decision a los grupos de entrenamiento
    clf = clf.fit(X_train, y_train)

# Prediccion de la respuesta para el grupo de prueba
```

```
y pred = clf.predict(X test)
In [30]: # Matrix de confusion
         from sklearn.metrics import confusion matrix
         cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)
In [32]: # estadisticas de desempe;o
         from sklearn.metrics import classification_report
         print(classification_report(y_test, y_pred))
                      precision recall f1-score
                                      1.00
                                                0.80
               drugA
               drugB
                           1.00
                                     0.67
                                                0.80
                                                              6
               drugC
                           1.00
                                     1.00
                                                1.00
                                                              4
               drugX
                                                1.00
                           1.00
                                      1.00
                                                             19
               drugY
                           1.00
                                      1.00
                                                1.00
                                                             27
                                                0.97
                                                             60
            accuracy
                           0.93
                                      0.93
                                                0.92
                                                             60
           macro avg
        weighted avg
                           0.98
                                      0.97
                                                0.97
                                                             60
In [34]: # Creacion de informacion para el arbol (reglas de decision)
         dot data = tree.export graphviz(clf, out file = None, feature names = features cols, class names = ['DrugA', 'D
         # Creacion de la grafica del arbol
         graph = pydotplus.graph_from_dot data(dot data)
In [36]: from PIL import Image
         # Creacion del rbol en formato PDF
         graph.write_pdf("medicinas.pdf")
         # Creacion del rbol en formato PNG
         graph.write_png('medicinas.png')
         image = Image.open('medicinas.png')
         image.show()
         Para el criterio de Gini con una profundidad de 5, vemos una acertividad del 97% que es muy buena para predecir los resultados.
```

Gini, Produndidad = 3

```
In [39]: # Crear Objeto de clasificacion del arbol de decision
         clf = DecisionTreeClassifier(criterion = 'gini', max_depth = 3)
         # Apliacion del algoritmo de arboles de decision a los grupos de entrenamiento
         clf = clf.fit(X train, y train)
         # Prediccion de la respuesta para el grupo de prueba
         y_pred = clf.predict(X_test)
         cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)
         print(classification_report(y_test, y_pred))
                      precision
                                 recall f1-score
                                                      support
               drugA
                           0.67
                                     1.00
                                               0.80
               drugB
                           1.00
                                     0.67
                                               0.80
                                                             6
               drugC
                           0.00
                                     0.00
                                               0.00
                                                             4
               drugX
                           0.83
                                     1.00
                                               0.90
                                                            19
               drugY
                           1.00
                                     1.00
                                               1.00
                                                            27
                                                            60
                                               0.90
            accuracy
                           0.70
                                     0.73
                                               0.70
           macro avg
                                                            60
        weighted avg
                           0.86
                                     0.90
                                               0.87
```

```
In [41]: # Creacion de informacion para el arbol (reglas de decision)
dot_data = tree.export_graphviz(clf, out_file = None, feature_names = features_cols, class_names = ['DrugA', 'D

# Creacion de la grafica del arbol
graph = pydotplus.graph_from_dot_data(dot_data)

from PIL import Image
# Creacion del rbol en formato PDF
graph.write_pdf("medicinas.pdf")

# Creacion del rbol en formato PNG
graph.write_png('medicinas.png')
```

```
image = Image.open('medicinas.png')
image.show()
```

Para el criterio de Gini con una profundidad de 3, vemos una acertividad del 90% que, aunque se pudiera decir que es alta, tiene un decremento en comparacion con la profundidad de 5, por lo que se recomienda usar mejor produndidad de 5.

Entropy, Profundidad = 5

```
In [44]: # Crear Objeto de clasificacion del arbol de decision
    clf = DecisionTreeClassifier(criterion = 'entropy', max_depth = 5)

# Apliacion del algoritmo de arboles de decision a los grupos de entrenamiento
    clf = clf.fit(X_train, y_train)

# Prediccion de la respuesta para el grupo de prueba
    y_pred = clf.predict(X_test)

cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)
    print(classification_report(y_test, y_pred))
```

```
precision
                           recall f1-score
       drugA
                   0.67
                              1.00
                                        0.80
                                                     4
                   1.00
                             0.67
                                        0.80
                                                     6
       drugB
       drugC
                   1.00
                             1.00
                                        1.00
                                                     4
                                        1.00
                                                    19
                   1.00
                             1.00
       druaX
       drugY
                   1.00
                             1.00
                                        1.00
                                                    27
   accuracy
                                        0.97
                                                    60
   macro avo
                   0.93
                              0.93
                                        0.92
                                                    60
weighted avg
                   0.98
                              0.97
                                        0.97
                                                    60
```

```
In [46]: # Creacion de informacion para el arbol (reglas de decision)
    dot_data = tree.export_graphviz(clf, out_file = None, feature_names = features_cols, class_names = ['DrugA', 'D

# Creacion de la grafica del arbol
    graph = pydotplus.graph_from_dot_data(dot_data)

from PIL import Image
    # Creacion del rbol en formato PDF
    graph.write_pdf("medicinas.pdf")

# Creacion del rbol en formato PNG
    graph.write_png('medicinas.png')

image = Image.open('medicinas.png')

image.show()
```

Para el criterio de Entropy con una profundidad de 5, vemos una acertividad del 97% que es muy buena para predecir los resultados.

Entropy, Profundidad = 3

```
In [55]: # Crear Objeto de clasificacion del arbol de decision
    clf = DecisionTreeClassifier(criterion = 'entropy', max_depth = 3)

# Apliacion del algoritmo de arboles de decision a los grupos de entrenamiento
    clf = clf.fit(X_train, y_train)

# Prediccion de la respuesta para el grupo de prueba
    y_pred = clf.predict(X_test)

cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)

print(classification_report(y_test, y_pred))
```

```
precision recall f1-score support
                 0.67 1.00
1.00 0.67
      drugA
                                   0.80
      drugB
                                   0.80
                                                6
      drugC
                0.00
                         0.00
                                   0.00
               0.83 1.00
1.00 1.00
      drugX
                                   0.90
                                               19
                        1.00
      drugY
                 1.00
                                   1.00
                                               27
                                    0.90
   accuracy
                 0.70
                          0.73
  macro avg
                                    0.70
                                               60
weighted avg
                 0.86
                          0.90
                                    0.87
```

```
In [57]: # Creacion de informacion para el arbol (reglas de decision)
    dot_data = tree.export_graphviz(clf, out_file = None, feature_names = features_cols, class_names = ['DrugA', 'D
    # Creacion de la grafica del arbol
    graph = pydotplus.graph_from_dot_data(dot_data)

from PIL import Image
    # Creacion del rbol en formato PDF
    graph.write_pdf("medicinas.pdf")

# Creacion del rbol en formato PNG
    graph.write_png('medicinas.png')

image = Image.open('medicinas.png')

image.show()
```

Para el criterio de Entropy con una profundidad de 3, vemos una acertividad del 90% que, aunque se pudiera decir que es alta, tiene un decremento en comparacion con la profundidad de 5, por lo que se recomienda usar mejor produndidad de 5.

Que medicamento recomendaria utilizar para un paciente con los siguientes datos?

```
In [82]: X1_test = np.array([[50,0,0,2,15.302]])
In [84]: # Crear Objeto de clasificacion del arbol de decision
    clf = DecisionTreeClassifier(criterion = 'gini', max_depth = 5)

# Apliacion del algoritmo de arboles de decision a los grupos de entrenamiento
    clf = clf.fit(X_train, y_train)

# Prediccion de la respuesta para el grupo de prueba
    y_pred = clf.predict(X1_test)

In [92]: y_pred

Out[92]: array(['drugY'], dtype=object)
```

Para los parametros anteriormente mencionados, necesitaria utilizar el medicamento "DrugY"

In []:
Loading [MathJax]/jax/output/CommonHTML/fonts/TeX/fontdata.js