Instalacion de librerias

En primer lugar, nos aseguramos de tener instaladas las librerías necesarias (pandas, numpy, matplotlib, seaborn, scikit-learn). En caso de necesitar instalar alguna, durante la ejecución del notebook la podemos instalar ejecutando el bloque de código al inicio del archivo. Si no es necesario, se puede saltar y pasar al siguiente bloque.

Carga de librerías y del dataset

Importamos las librerías necesarias, cargamos el dataset y mostramos las primeras líneas del dataset para verificar si la carga fue correcta. En caso de haber un problema, aparecerá un mensaje diciendo que se debe verificar la ruta y el nombre del archivo (si descarga el proyecto, será necesario ajustar la variable "file_path".

Exploración Inicial de los Datos

Ahora describimos los datos y mostramos sus características principales, para así entender la estructura y el contenido del dataset.

Dimensiones del DataFrame: 1000 filas, 14 columnas

Información detallada del DataFrame:
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 1000 entries, 0 to 999
Data columns (total 14 columns):

#	Column	Non-Null Count	Dtype
0	patientid	1000 non-null	int64
1	age	1000 non-null	int64
2	gender	1000 non-null	int64
3	chestpain	1000 non-null	int64
4	restingBP	1000 non-null	int64
5	serumcholestrol	1000 non-null	int64
6	fastingbloodsugar	1000 non-null	int64
7	restingrelectro	1000 non-null	int64
8	maxheartrate	1000 non-null	int64
9	exerciseangia	1000 non-null	int64
10	oldpeak	1000 non-null	float64
11	slope	1000 non-null	int64
12	noofmajorvessels	1000 non-null	int64
13	target	1000 non-null	int64

dtypes: float64(1), int64(13)
memory usage: 109.5 KB

Podemos ver que el dataset cuenta con 1000 filas (registros de pacientes) y 14 columnas (características), que los tipos de datos de cada columna son int64 y float64 y que no hay valores nulos .

Descripción estadística de las columnas numéricas:

	patientid	age	gender	chestpain	restingBP
count	1.000000e+03	1000.00000	1000.000000	1000.000000	1000.000000
mean	5.048704e+06	49.24200	0.765000	0.980000	151.747000
std	2.895905e+06	17.86473	0.424211	0.953157	29.965228
min	1.033680e+05	20.00000	0.000000	0.000000	94.000000
25%	2.536440e+06	34.00000	1.000000	0.000000	129.000000
50%	4.952508e+06	49.00000	1.000000	1.000000	147.000000
75%	7.681877e+06	64.25000	1.000000	2.000000	181.000000
max	9.990855e+06	80.00000	1.000000	3.000000	200.000000

	serumcholestrol	fastingbloodsugar	restingrelectro	maxheartrate
count	1000.000000	1000.000000	1000.000000	1000.000000
mean	311.447000	0.296000	0.748000	145.477000
std	132.443801	0.456719	0.770123	34.190268
min	0.000000	0.000000	0.000000	71.000000
25%	235.750000	0.000000	0.000000	119.750000
50%	318.000000	0.000000	1.000000	146.000000
75%	404.250000	1.000000	1.000000	175.000000
max	602.000000	1.000000	2.000000	202.000000

	exerciseangia	oldpeak	slope	noofmajorvessels	target
count	1000.000000	1000.000000	1000.000000	1000.000000	1000.000000
mean	0.498000	2.707700	1.540000	1.222000	0.580000
std	0.500246	1.720753	1.003697	0.977585	0.493805
min	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
25%	0.000000	1.300000	1.000000	0.000000	0.000000
50%	0.000000	2.400000	2.000000	1.000000	1.000000
75%	1.000000	4.100000	2.000000	2.000000	1.000000
max	1.000000	6.200000	3.000000	3.000000	1.000000

También podemos ver un resumen estadístico de las columnas numéricas (conteo, media, desviación estándar, mínimos, máximos, cuartiles), útil para detectar anomalías o rangos inusuales, que a simple vista no se observa ninguna.

Conteo de valores únicos por columna:
- 'patientid': 1000 valores únicos
- 'age': 61 valores únicos

- 'gender': 2 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1]
- 'chestpain': 4 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1, 2, 3]
- 'restingBP': 95 valores únicos
- 'serumcholestrol': 344 valores únicos
- 'fastingbloodsugar': 2 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1]
- 'restingrelectro': 3 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1, 2]
- 'maxheartrate': 129 valores únicos
- 'exerciseangia': 2 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1]
- 'oldpeak': 63 valores únicos
- 'slope': 4 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1, 2, 3]
- 'noofmajorvessels': 4 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1, 2, 3]
- 'target': 2 valores únicos
  Valores únicos: [0, 1]

Como último paso, se intenta identificar de manera automática columnas categóricas y ver sus posibles valores. En este caso se puede observar que hay varias columnas categóricas y que las mismas ya se encuentran convertidas a valores numéricos.

Limpieza de datos

Procedemos a realizar la limpieza de los datos en caso de ser necesario, verificando valores faltantes, duplicados, outliers y, si se identifican, posibles inconsistencias en columnas categóricas.

- Valores faltantes

  Valores faltantes por columna antes de la limpieza:
  patientid 0
  age 0
  gender 0
  chestpain 0
  restingBP 0
  serumcholestrol 0
  fastingbloodsugar 0
  restingrelectro 0
  maxheartrate 0
  exerciseangia 0

oldpeak 0
slope 0
noofmajorvessels 0
target 0
dtype: int64

Se puede ver que no hay valores faltantes. En caso de haber valores faltantes, se evaluaría si se eliminan las filas afectadas (por cantidad baja o por ser datos de poca relevancia) o se procede a completar los mismos (por cantidad alta de datos faltantes o porque los datos a eliminar son importantes), pero al no haber valore faltantes, no se realizará ninguna acciona al respecto.

- Filas duplicadas

  Número de filas duplicadas antes de la limpieza: 0 No se encontraron filas duplicadas.

Se puede ver que el dataset no tiene registros duplicados. En caso de haberlos tenido, se habrían eliminado automáticamente y se podría ver la cantidad en pantalla.

- Eliminación de columnas innecesarias

  Columna 'patientid' eliminada.

Esta columna es un identificador y no debe usarse como característica para el modelo, por lo que la eliminamos.

- Codificación de variables categóricas

Como ya pudimos observar en la exploración inicial de datos, todas la s variables categóricas ya estan codificadas:

Conteo de valores únicos por columna:
'gender': 2 valores únicos [0, 1]
'chestpain': 4 valores únicos [0, 1, 2, 3]
'fastingbloodsugar': 2 valores únicos [0, 1]
'restingrelectro': 3 valores únicos [0, 1, 2]
'exerciseangia': 2 valores únicos [0, 1]
'slope': 4 valores únicos [0, 1, 2, 3]
'noofmajorvessels': 4 valores únicos [0, 1, 2, 3]
'target': 2 valores únicos [0, 1]

por lo que no es necesario codificarlas.

- Verificación de que la variable "target" esté balanceada
- Conteo de registros por clase en la columna 'target' después de la limpieza target 1 580 0 420 Name: count, dtype: int64
  -> La clase objetivo está balanceada.

Se puede ver que la clase objetivo está balanceada. Esto es importante ya que un desequilibrio puede sesgar el modelo, y se necesitarían técnicas especiales (como SMOTE o clase_weight en los modelos) para manejarlo.

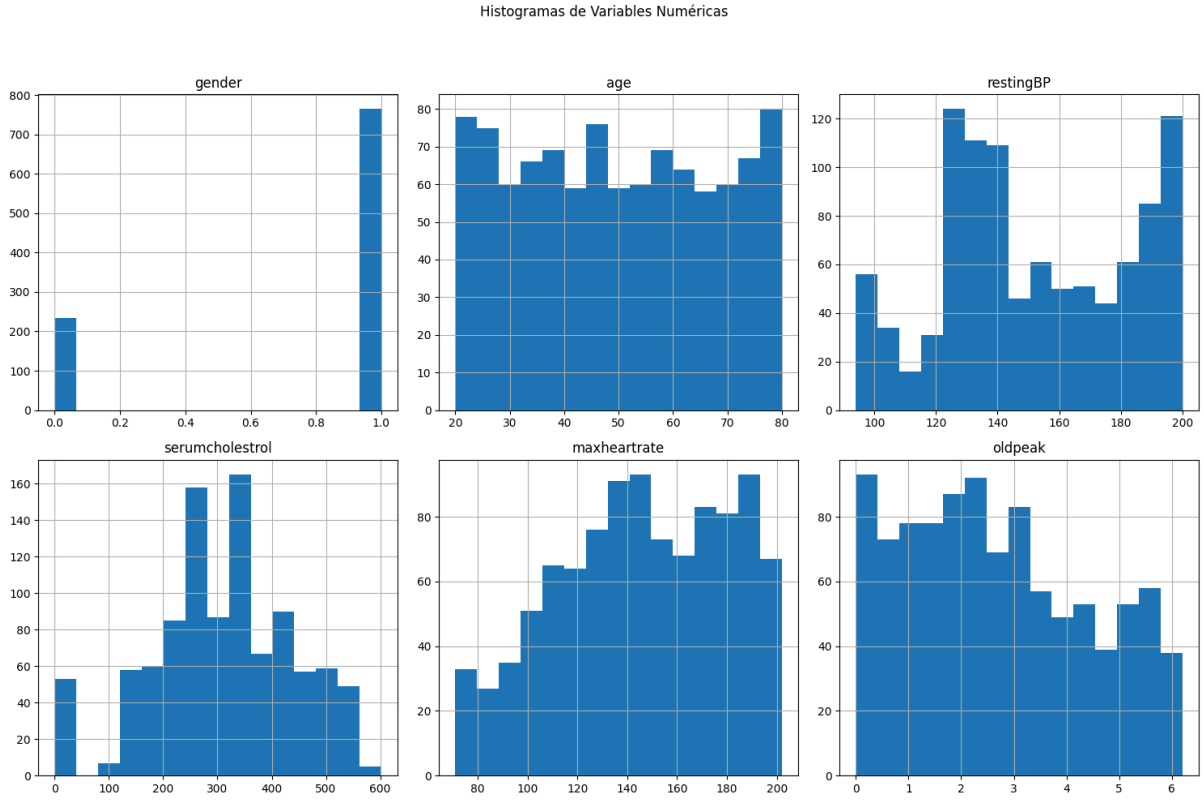
Guardado del dataset

Guardamos el dataset en su ubicación correspondiente. Al igual que al cargar el archivo, verificar la ruta (si descarga el proyecto, será necesario ajustar la variable "file_path" al inicio del archivo).

Dataset 'cardiovascular_disease_dataset.csv' guardado exitosamente.

Análisis Estadístico de los datos

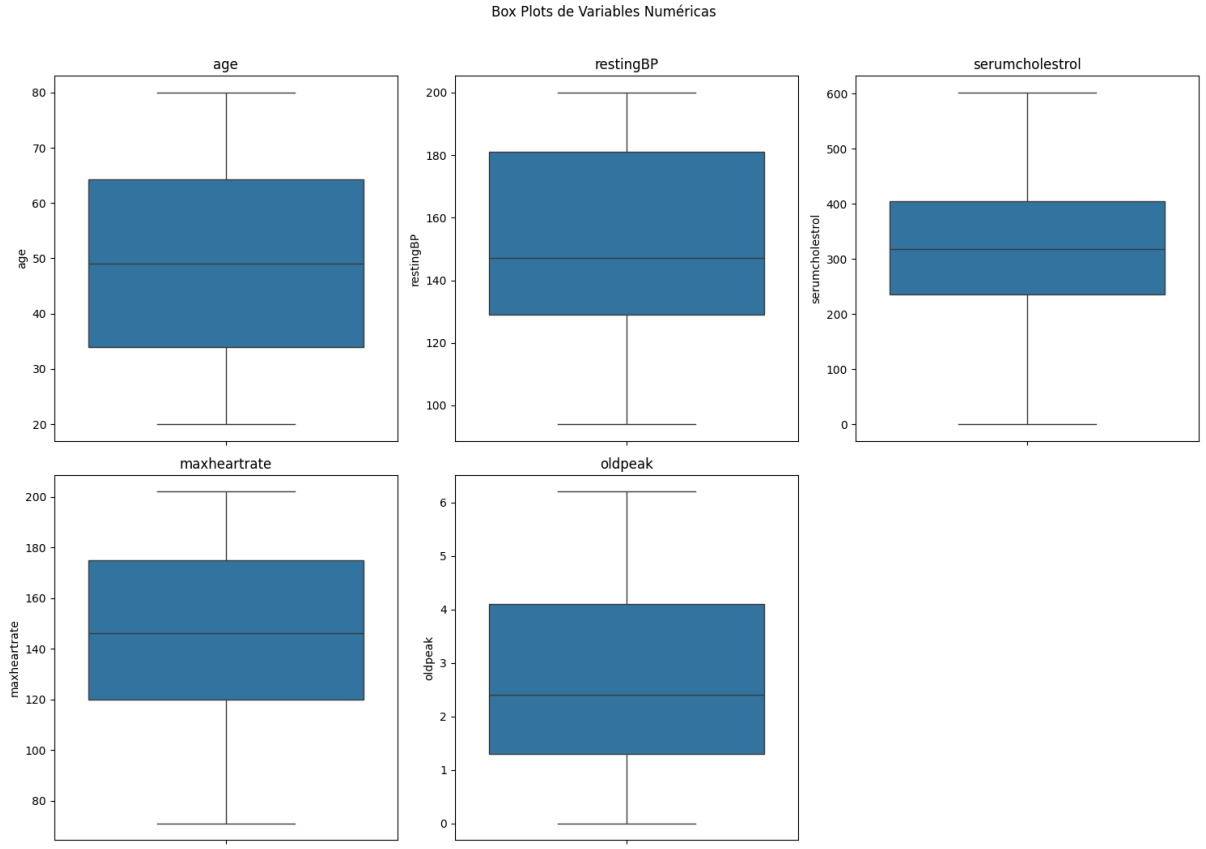
Distribución de variables numéricas (Histogramas)



En estos gráficos podemos observar la distribución de las variables numéricas del dataset y el género.

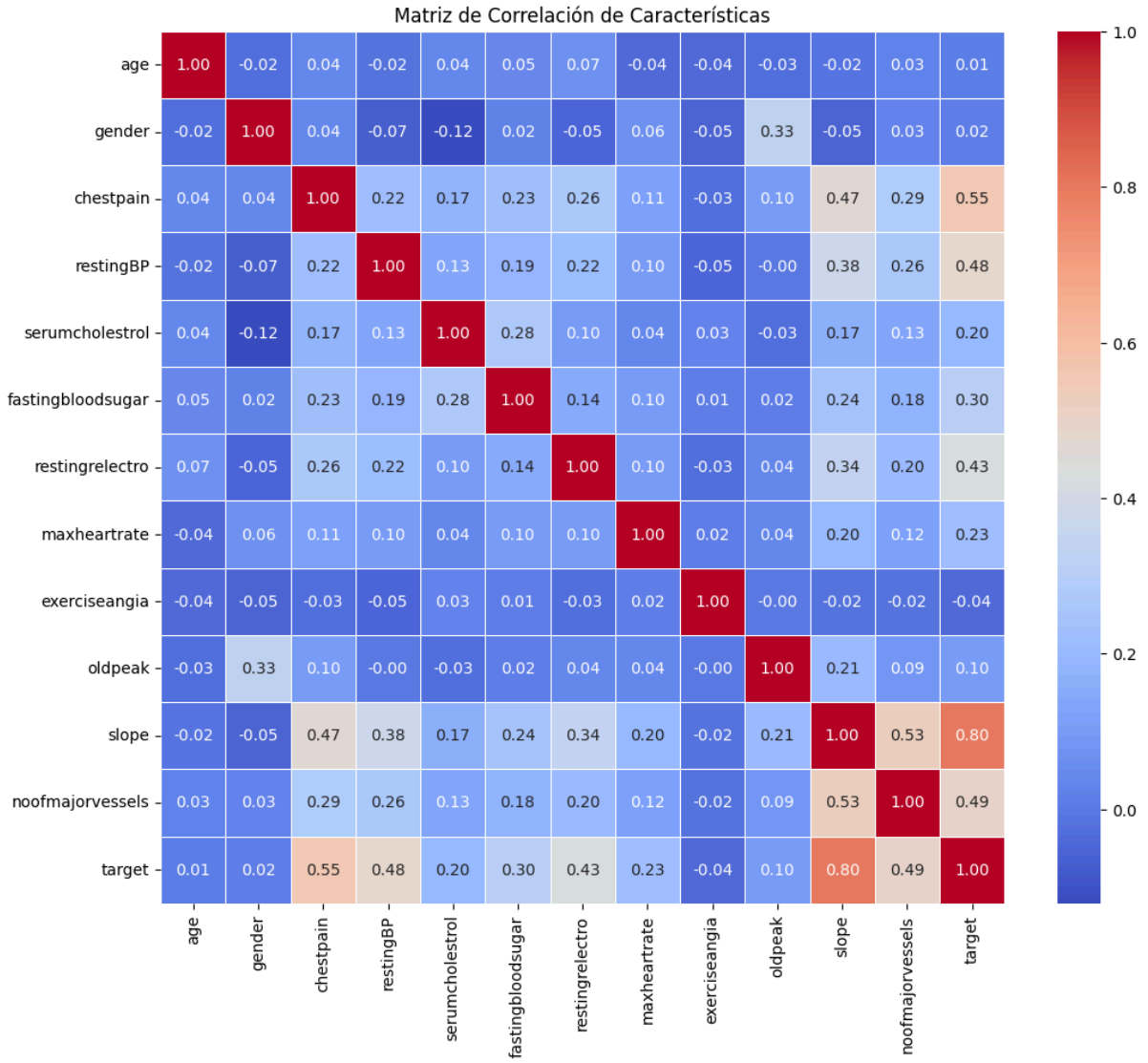
- Podemos ver que en el dataset predominan los datos de pacientes masculinos sobre los femeninos.
- La distribución de las edades de los pacientes es bastante pareja, con lo que podríamos decir que el dataset cuenta con una buena cantidad de ejemplos de todo el rango de edades.
- Podemos apreciar también que el colesterol en sangre tiene una distribución del tipo normal, lo que indica que la mayoría de los pacientes del estudio presentan una media cercana a los 300mg/dL, mayor a lo aconsejable (idealmente menores a 200mg/dL).
- También vemos que la frecuencia cardíaca máxima tiene una tendencia a los valores más altos en las pruebas de esfuerzo, lo que generalmente es debido a factores como el ejercicio, el estrés, o incluso ciertas condiciones médicas.
- La depresión del segmento ST tiende a los valores más bajos. Esto es esperado ya que un valor de depresión superior a 2 mm se considera un indicador que requiere mayor investigación. Esto puede indicar varias condiciones, siendo la más común la isquemia miocárdica (flujo sanguíneo insuficiente al corazón), pero también puede ser causada por otros factores.

Box Plots para detección de Outliers



Aquí podemos ver que los datos numéricos del dataset no presentan valores atípicos (outliers).

Matriz de Correlación (Heatmap)

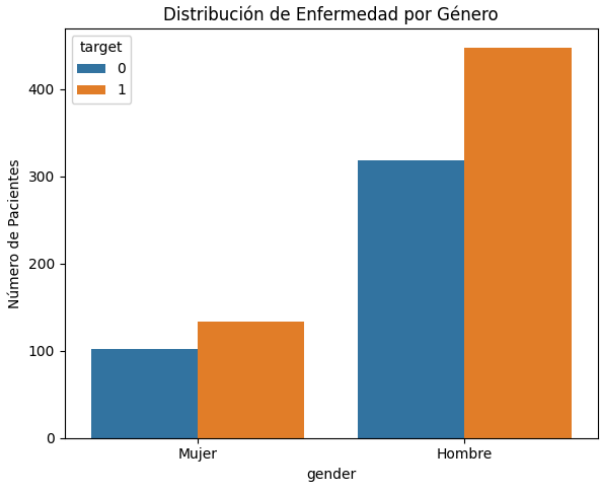


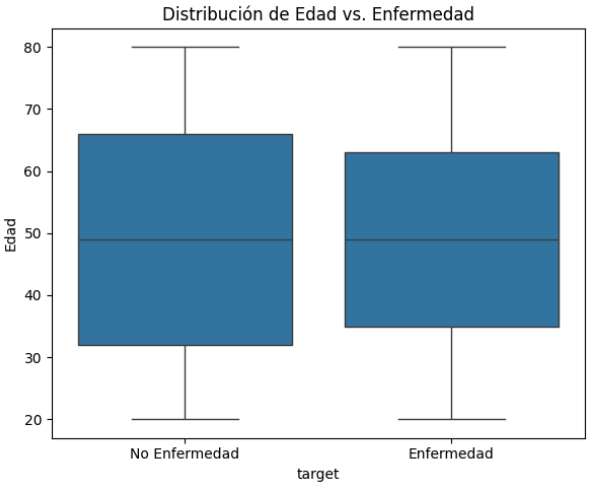
Correlación de las características con la variable 'target':

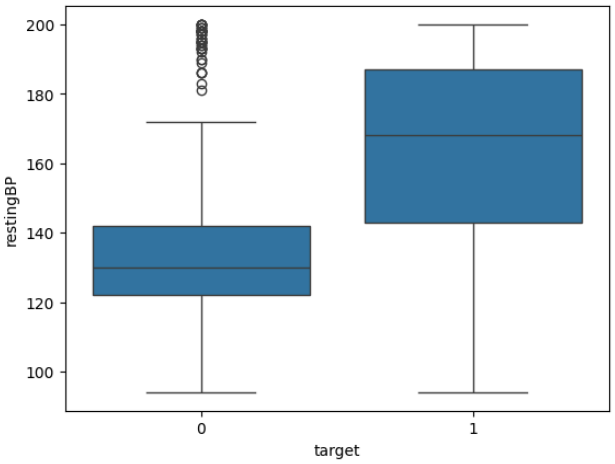
target	1.000000
slope	0.797358
chestpain	0.554228
noofmajorvessels	0.489866
restingBP	0.482387
restingrelectro	0.426837
fastingbloodsugar	0.303233
maxheartrate	0.228343
serumcholestrol	0.195340
oldpeak	0.098053
gender	0.015769

```
age              0.008356
exerciseangia   -0.039874
Name: target, dtype: float64
```

Aquí podemos observar que hay varias características que se correlacionan entre sí, principalmente target con slope (la pendiente del segmento ST en el ejercicio máximo) y con chespain (dolor en el pecho).







Aquí estamos explorando la relación entre algunas de las características y la variable objetivo (target). Por ejemplo, cómo la distribución de género varía entre pacientes con y sin enfermedad. También vemos como los pacientes con o sin ECV tienen una distribución normal respecto a la edad, pero respecto a la presión sanguínea (restingBP), si bien hay pacientes sanos con presión alta, los pacientes con ECV en su mayoría tienen valores de presión sanguínea altos.

Determinación de Modelos de Clasificación de Aprendizaje Automático

En base a las características del dataset y queriendo realizar una clasificación binaria, se decidió utilizar los siguientes modelos:

- Regresión Logística
- Árboles de Decisión
- K-Nearest Neighbors (KNN)
- Support Vector Machine (SVM)
- Random Forest

Implementación de Modelos de Clasificación

División del dataset

Consideraremos la división del dataset (80/20) para entrenamiento y pruebas y el escalado de los datos.

Dimensiones de X_train: (800, 12)
Dimensiones de X_test: (200, 12)
Dimensiones de y_train: (800,)
Dimensiones de y_test: (200,)

Escalado de los datos

Ahora aplicamos StandardScaler a las características numéricas. Es necesario para algoritmos basados en distancia como KNN y SVM, y para la Regresión Logística, pero no es estrictamente necesario para Árboles de Decisión, Random Forest, aunque no les perjudica y es una buena práctica general.

Datos escalados. Ejemplo de las primeras filas de X_train_scaled:

	age	gender	chestpain	restingBP	serumcholestrol	\
289	0.154414	1	-1.021562	-0.126198	1.757440	
821	-0.180208	1	-1.021562	-0.962225	-0.465192	

```
66   1.660211       1   2.137908   1.612738        -0.343404
190  1.269819       1   1.084752   0.943916         1.810723
256  1.660211       1   1.084752   0.709829        -2.352908

     fastingbloodsugar  restingrelectro  maxheartrate  exerciseangia  \
289                  0         0.327621     -0.301112              1
821                  1        -0.976343     -1.488201              0
66                   1         1.631586      0.618881              0
190                  1        -0.976343     -0.004340              0
256                  0        -0.976343     -0.657239              0

      oldpeak     slope  noofmajorvessels
289 -1.046235  0.456386          0.790183
821 -1.568590 -1.527901         -1.255598
66  -0.930156  1.448530          0.790183
190  1.449464  0.456386         -0.232708
256  1.855741  0.456386          0.790183
```

Implementación de los modelos

Para optimizar el notebook y no repetir el código, se generó un bucle para el entrenamiento de los modelos.

```
Entrenando y evaluando: Regresión Logística
Entrenando y evaluando: Árbol de Decisión
Entrenando y evaluando: K-Nearest Neighbors (KNN)
Entrenando y evaluando: Support Vector Machine (SVM)
Entrenando y evaluando: Random Forest
```

Efectividad de cada modelo y comparación entre ellos

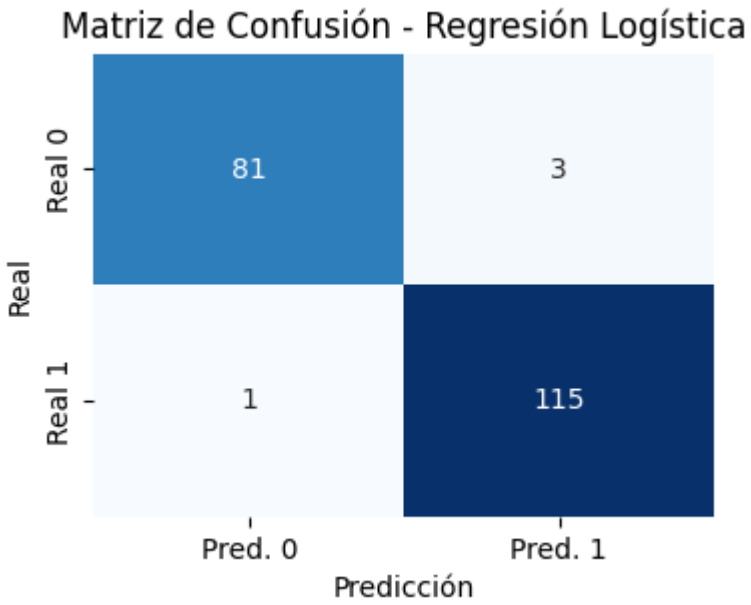
A continuación evaluamos el rendimiento de cada modelo utilizando distintas métricas y las comparamos para determinar cuál es el más efectivo.

```
Métricas para Regresión Logística
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.99      0.96      0.98        84
           1       0.97      0.99      0.98       116

    accuracy                           0.98       200
   macro avg       0.98      0.98      0.98       200
weighted avg       0.98      0.98      0.98       200
```

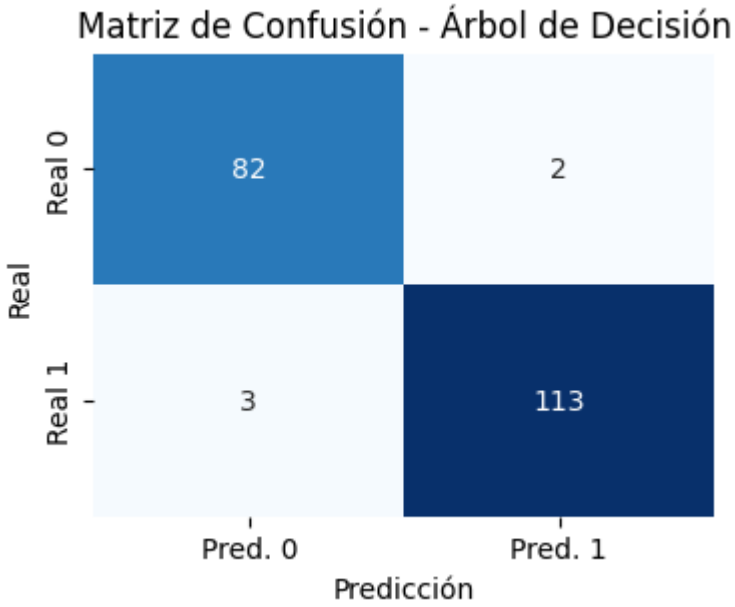
Matriz de Confusión:
[[81 3]
 [1 115]]



Métricas para Árbol de Decisión

	precision	recall	f1-score	support
0	0.96	0.98	0.97	84
1	0.98	0.97	0.98	116
accuracy			0.97	200
macro avg	0.97	0.98	0.97	200
weighted avg	0.98	0.97	0.98	200

Matriz de Confusión:
[[82 2]
 [3 113]]

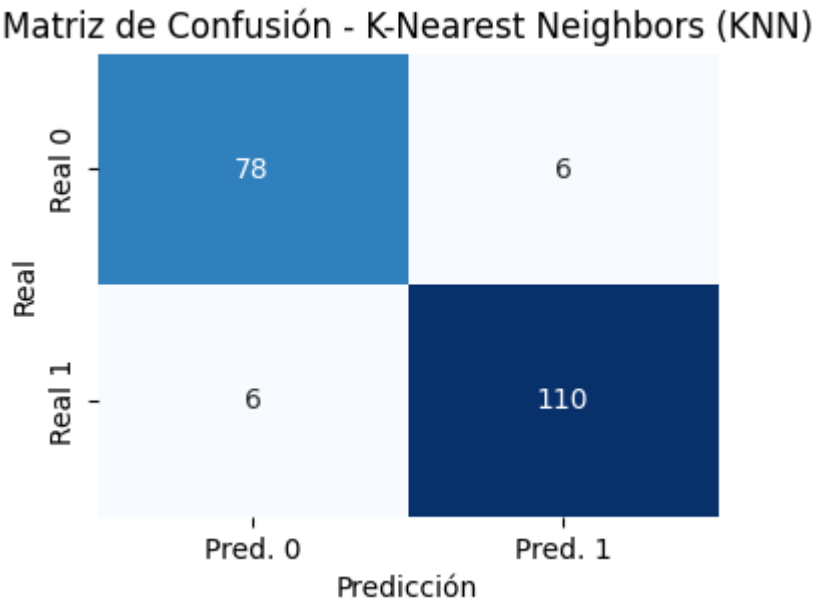


Métricas para K-Nearest Neighbors (KNN)

	precision	recall	f1-score	support
0	0.93	0.93	0.93	84
1	0.95	0.95	0.95	116
accuracy			0.94	200
macro avg	0.94	0.94	0.94	200
weighted avg	0.94	0.94	0.94	200

Matriz de Confusión:

```
[[ 78   6]
 [  6 110]]
```

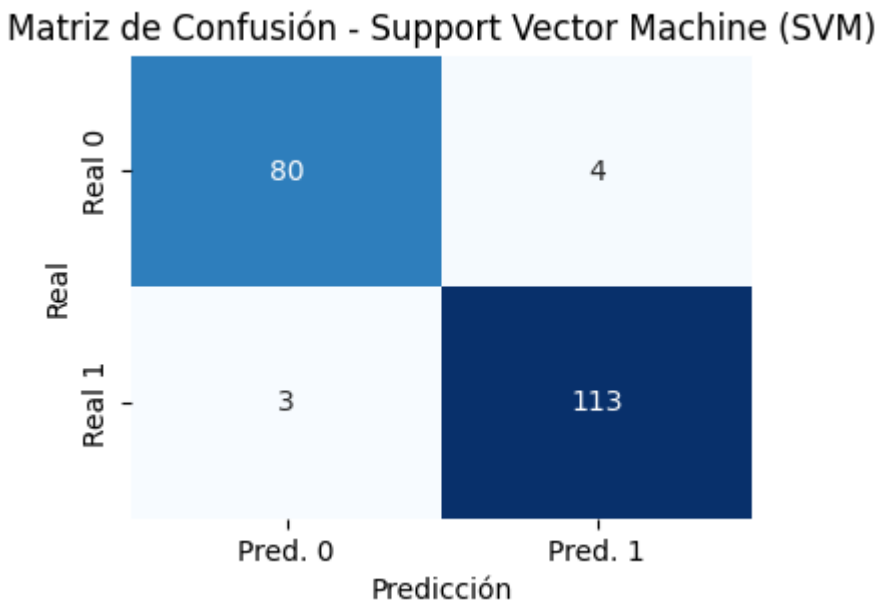


Métricas para Support Vector Machine (SVM)

	precision	recall	f1-score	support
0	0.96	0.95	0.96	84
1	0.97	0.97	0.97	116
accuracy			0.96	200
macro avg	0.96	0.96	0.96	200
weighted avg	0.96	0.96	0.96	200

Matriz de Confusión:

```
[[ 80   4]
 [  3 113]]
```

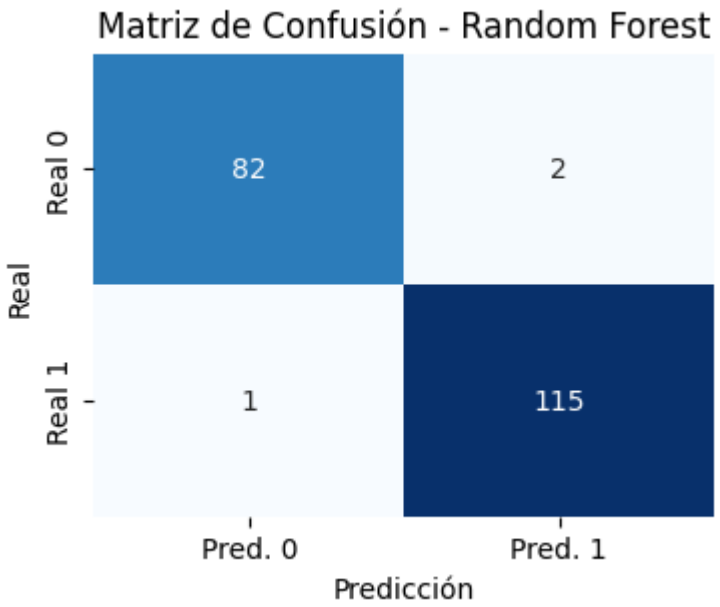


Métricas para Random Forest

	precision	recall	f1-score	support
0	0.99	0.98	0.98	84
1	0.98	0.99	0.99	116
accuracy			0.98	200
macro avg	0.99	0.98	0.98	200
weighted avg	0.99	0.98	0.98	200

Matriz de Confusión:

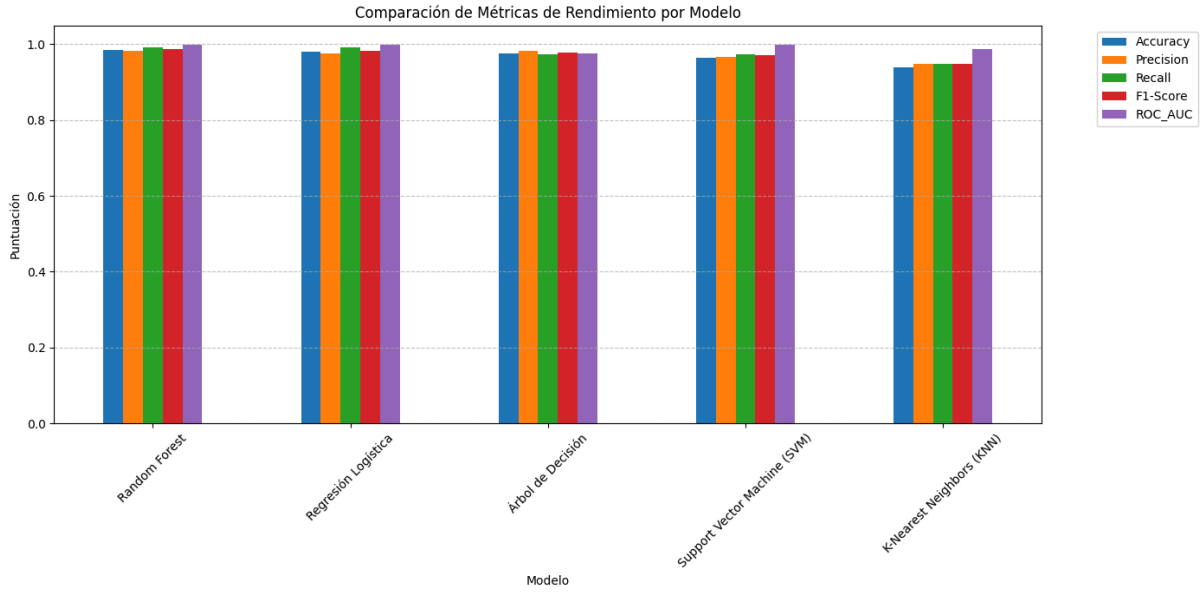
```
[[ 82   2]
 [  1 115]]
```



Comparación de Métricas de Rendimiento de los Modelos

Modelo	Accuracy	Precision	Recall	F1-Score
Random Forest	0.985	0.982906	0.991379	0.987124
Regresión Logística	0.980	0.974576	0.991379	0.982906
Árbol de Decisión	0.975	0.982609	0.974138	0.978355
Support Vector Machine (SVM)	0.965	0.965812	0.974138	0.969957
K-Nearest Neighbors (KNN)	0.940	0.948276	0.948276	0.948276

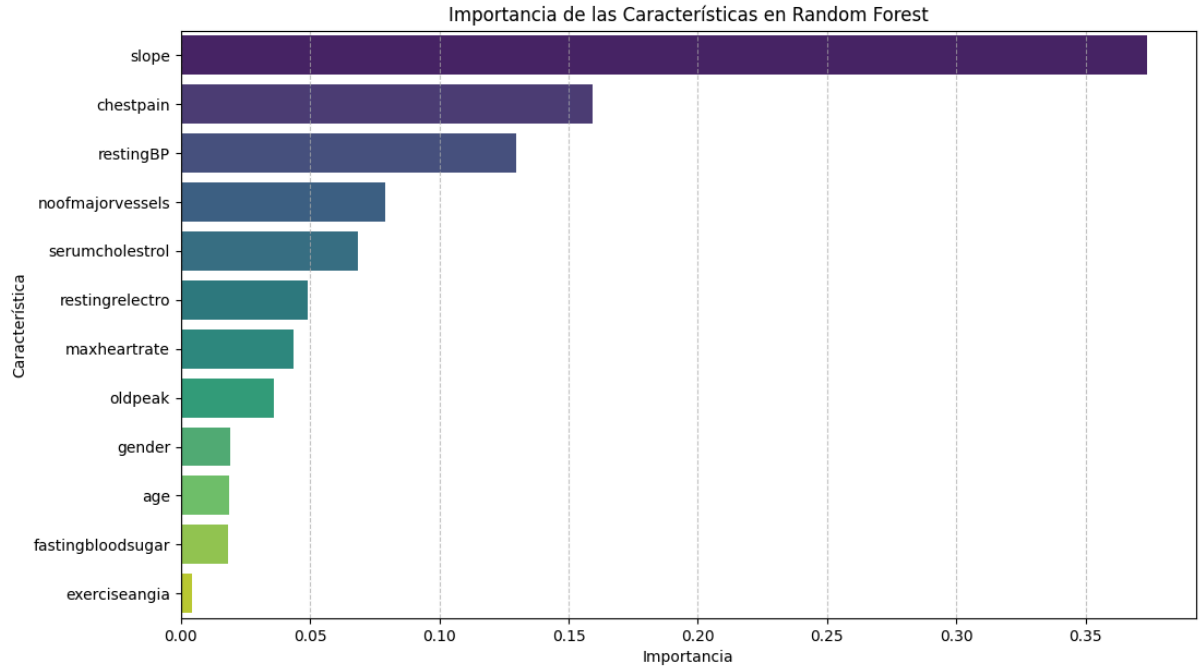
Modelo	ROC_AUC
Random Forest	0.999282
Regresión Logística	0.998255
Árbol de Decisión	0.975164
Support Vector Machine (SVM)	0.997434
K-Nearest Neighbors (KNN)	0.986864



Basándonos en las métricas, el modelo más efectivo es Random Forest.

Su F1-Score es de 0.9871 y su ROC AUC es de 0.9993.

Ahora que ya sabemos cual es el modelo elegido, vamos a ver cuales son las características que más influyeron en él y en qué porcentaje influye cada una.



Importancia de las características (ordenadas):

slope	0.373979
chestpain	0.159437
restingBP	0.129842

```
noofmajorvessels     0.079116
serumcholestrol      0.068396
restingrelectro      0.049270
maxheartrate         0.043535
oldpeak              0.036150
gender               0.019059
age                  0.018745
fastingbloodsugar    0.018277
exerciseangia        0.004193
dtype: float64
```

Conclusiones y Justificación del modelo más efectivo

Basándonos en las métricas, el modelo más efectivo es Random Forest. Su F1-Score es de 0.9871 y su ROC AUC es de 0.9994.

La elección del "mejor" modelo es un proceso de optimización multiobjetivo. No es sólo la precisión, sino el equilibrio entre rendimiento, interpretabilidad, velocidad, y recursos, alineado con los requisitos y limitaciones del problema de negocio o clínico.

Si bien Random Forest es marginalmente mejor en métricas clave, quizás otro modelo (como Regresión Logística o un Árbol de Decisión simple) podría ofrecer ventajas significativas en velocidad, interpretabilidad o recursos computacionales, que podrían ser críticas para su implementación, y entonces sí, podría ser mejor elegir otro modelo. También es importante considerar la complejidad del modelo. Un modelo de árbol de decisión podría ser preferible si la interpretabilidad es una prioridad clave, incluso si su rendimiento es ligeramente inferior a un Random Forest.

Para elegir el mejor modelo, usamos F1-score y ROC-AUC. El F1-score mide el equilibrio entre precisión y exhaustividad, mientras que ROC-AUC evalúa la capacidad de discriminación del modelo en todos los umbrales. Ambos brindan una visión completa. Para problemas de salud, un buen F1-Score y un alto ROC AUC suelen ser deseables, ya que tanto diagnosticar a un sano como enfermo (falso positivo) como no diagnosticar a un enfermo (falso negativo) pueden tener consecuencias.Por ello es que en este caso, se ha utilizado el F1-Score (y ROC AUC como métrica complementaria) para determinar el mejor modelo.

El modelo Random Forest mostró el mejor balance entre estas métricas, indicando una capacidad superior para clasificar correctamente ambos tipos de pacientes (con y sin enfermedad cardiovascular) en comparación con los otros modelos evaluados.