

# Sistemas de Información y Telemedicina. \*

Marta Girones Sanguesa

Silvia Marset Gomis

Ignacio Amat Hernández

Sofía Gutiérrez Santamaría

January 17, 2020

## Contents

Sección	Página
<b>1 Resumen . . . . .</b>	<b>2</b>
<b>2 Introducción . . . . .</b>	<b>2</b>
<b>3 Materiales y Métodos . . . . .</b>	<b>3</b>
<b>4 Resultados . . . . .</b>	<b>5</b>
4.1 Análisis exploratorio . . . . .	5
4.1.1 Preparación . . . . .	5
4.1.2 Histogramas . . . . .	7
4.1.3 Kernel Density . . . . .	9
4.1.4 Boxplot . . . . .	11
4.1.5 QQplot . . . . .	13
4.1.6 Corrplot . . . . .	15
4.2 Extracción de características. . . . .	19
4.2.1 Filter Methods . . . . .	19
4.2.2 Wrapper Methods . . . . .	21
4.2.3 PCA . . . . .	24
4.2.4 Pareto . . . . .	24
4.2.5 Biplot . . . . .	26
<b>5 Modelos de Clasificación . . . . .</b>	<b>28</b>
5.1 Clasificación Lineal . . . . .	28

---

\*Grado en Ingeniería Biomédica, Escuela Técnica Superior de Ingenieros Industriales, Valencia, España.

5.2	Clasificación Cuadrática . . . . .	30
5.3	Clasificación KNN . . . . .	32
<b>6</b>	<b>Postámbulo . . . . .</b>	<b>34</b>
6.1	Comparación <i>LDA</i> , <i>QDA</i> , <i>KNN</i> R. . . . .	34
6.2	Puntuación <i>knn</i> vs. número de vecinos. . . . .	35
6.3	<i>Benchmarking</i> . . . . .	36
6.4	Curva ROC . . . . .	39

## List of Figures

1	Histogramas Python para datos con y sin anomalías. . . . .	7
2	Histogramas R para datos con anomalías. . . . .	8
3	Kernel Density para datos con y sin anomalías. . . . .	9
4	Gráficos de densidad R. . . . .	10
5	Boxplots Python para datos con y sin anomalías. . . . .	11
6	Boxplots R para datos con anomalías. . . . .	12
7	QQplots Python para datos con y sin anomalías. . . . .	13
8	QQplots R. . . . .	14
9	Corrplot Python para datos con anomalías. . . . .	15
10	Corrplot Python para datos sin anomalías. . . . .	16
11	Corrplot R para datos con anomalías. . . . .	17
12	Matriz de correlaciones en R. . . . .	18
13	Representación gráfica de la importancia de las variables seleccionadas por Boruta. . . . .	23
14	Diagrama de Pareto en Python y R. . . . .	25
15	Biplot Python. . . . .	26
16	Biplot R. . . . .	27
17	Comparación de mil evaluaciones de cada uno de los métodos de clasificación en R. . . . .	34
18	Rendimiento decreciente según aumenta el número de vecinos. . . . .	35
19	ROC R. . . . .	39

## Listings

1	Importaciones iniciales y preparacion de datos en Python. . . . .	5
2	Importaciones iniciales y preparacion de datos en R. . . . .	5
3	Importaciones iniciales y preparacion de datos en Matlab. . . . .	6
4	Código Python generador de los histogramas con datos anómalos. . . . .	7
5	Código R generador de los histogramas con datos anómalos. . . . .	8
6	Código Python generador de los kernel density plots con datos anómalos. . . . .	9

7	Código R generador de los density plots. . . . .	10
8	Código Python generador de los boxplots con datos anómalos. . . . .	11
9	Código R generador de los boxplots con datos anómalos. . . . .	12
10	Código Python generador de los QQplots con datos anómalos. . . . .	13
11	Código R generador de los QQplots. . . . .	14
12	Código Python generador de los corrplots con datos anómalos. . . . .	15
13	Código R generador de los corrplots. . . . .	17
14	Aplicación métodos <i>filter</i> de selección características. . . . .	19
15	Ranking de variables según los métodos filter. . . . .	19
16	Ranking de variables según distintos métodos en R. . . . .	20
17	Aplicación métodos <i>wrapper</i> de selección características. . . . .	21
18	Resultados Python del filtrado mediante wrappers. . . . .	21
19	Resultados R del filtrado mediante wrappers. . . . .	22
20	Método Boruta <i>wrapper</i> de Random Forest R. . . . .	22
21	<i>Principal Component Analysis</i> Python. . . . .	24
22	Varianza explicada por componente y suma acumulada Python. . . . .	24
23	<i>Principal Component Analysis</i> R. . . . .	24
24	Varianza explicada por componente y suma acumulada R. . . . .	24
25	Código generador del diagrama de Pareto en Python. . . . .	24
26	Código generador del diagrama de Pareto en R. . . . .	25
27	Código generador del Biplot en Python. . . . .	26
28	Código generador del Biplot en R. . . . .	27
29	Python validación del modelo lineal. . . . .	28
30	Python validación según distintos métodos de partición. . . . .	28
31	R análisis lineal discriminante. . . . .	29
32	R puntuación de mil evaluaciones. . . . .	29
33	Python validación del modelo cuadrático. . . . .	30
34	Python validación según distintos métodos de partición. . . . .	30
35	R análisis cuadrático discriminante. . . . .	31
36	R puntuación de mil evaluaciones. . . . .	31
37	Python validación del modelo KNN. . . . .	32
38	Python validación según distintos métodos de partición. . . . .	32
39	R <i>K nearest neighbours</i> . . . . .	33
40	R puntuación de mil evaluaciones. . . . .	33
41	Evolución de puntuación según número de vecinos. . . . .	35
42	Código R para evaluar el tiempo de ejecución. . . . .	36
43	Código Python para evaluar el tiempo de ejecución. . . . .	37

44	Tiempo de ejecución en R. . . . .	38
45	Tiempo de ejecución en Python. . . . .	38
46	Características de la máquina usada. . . . .	38
47	Código R para generar la curva ROC y la AUC. . . . .	39

# 1 Resumen

El principal objetivo de este trabajo es adentrarnos en otros lenguajes de programación como son *Python* y *R*, al mismo tiempo que profundizamos en las herramientas para el soporte a la decisión médica. Otro objetivo del trabajo es poder ayudar a otras personas que vayan a realizar un trabajo similar a elegir el lenguaje de programación, mediante una comparación de los tres mencionados anteriormente, que más se ajusta a sus necesidades.

Para lograr una buena comparación de lenguajes nos basaremos en ciertos aspectos como son la facilidad de aprendizaje del lenguaje, la facilidad de comprensión de la asignatura con cada lenguaje, las funciones integradas, incluso los distintos tipos de gráficos que nos ofrece cada uno.

**Palabras Clave:** Matlab, Python, R, machine learning.

# 2 Introducción

Debido al aumento de información que se genera y almacena hoy en día es necesario, más que nunca, una clasificación de datos. Los CDSSs basados en datos utilizan técnicas de aprendizaje automático que permiten al sistema aprender de las experiencias pasadas y/o encontrar patrones en los datos clínicos. Estos permiten minimizar el riesgo de fuga de datos, además de ser útil en la ayuda al diagnóstico médico.

Por ello, en el presente trabajo se lleva a cabo un análisis exploratorio de un conjunto de datos de cáncer de mama de Coimbra que incluye las características clínicas de sujetos sanos y enfermos, una selección y extracción de características del conjunto de datos, distintos modelos de clasificación y, por último, diferentes estrategias y métricas de evaluación.

En el análisis exploratorio se realiza un preprocesado de los datos donde se verifica la integridad de la base de datos, se eliminan las filas corruptas y se estudian los datos anómalos. Posteriormente se analiza la correlación entre variables y entre datos, la normalidad de estos datos y su distribución mediante métricas básicas como histograma, kernel density, qqplot y boxplot.

En el proceso de selección y extracción de características investigamos cuáles de las variables son estadísticamente relevantes. Ello se consigue gracias a métodos de selección –aquellos basados en Filters o Wrappers– y de extracción de características –como son Análisis de Componentes Principales y Análisis Discriminante Lineal. Estos métodos tienen como objetivo final la reducción de dimensionalidad.

En cuanto a los modelos de clasificación podemos distinguir los de aprendizaje supervisado, aplicados en este trabajo, y los basados en el aprendizaje no supervisado. Los modelos de clasificación supervisados están basados en el aprendizaje mediante pares dato-solución, como KNN, LDA y QDA. Los métodos no supervisados, en

cambio, son aquellos en los que los sistemas se adaptan mediante las características intrínsecas de los datos.

Por último, para estudiar las estrategias y métricas de evaluación emplearemos la matriz de confusión de datos, la curva ROC y el error cuadrático medio. Estas cuatro fases se realizan en tres lenguajes de programación distintos: Matlab, Python y R.

### 3 Materiales y Métodos

La base de datos utilizada en este trabajo es un conjunto de datos de cáncer de mama de Coimbra que incluye las características clínicas de 64 pacientes con cáncer de mama y 52 controles sanos. Está formada por 9 predictores –datos antropométricos y parámetros recopilados de análisis de sangre rutinarios– y 1 variable dependiente binaria que indica la presencia o no de cáncer de mama (1: controles saludables y 2: pacientes). Los 9 predictores son: Edad (años), IMC (kg / m<sup>2</sup>), Glucosa (mg / dL), Insulina ( $\mu$ U / mL), HOMA, Leptina (ng / mL), Adiponectina ( $\mu$ g / mL), Resistencia (ng / mL) y MCP-1 (pg / dL).

Los lenguajes de programación utilizados son Matlab, Python y R. Matlab es un lenguaje interpretado propiedad de MathWorks; requiere de licencia comercial, es ampliamente usado en contextos ingenieriles. Python es un proyecto de código abierto de Guido van Rossum, es un lenguaje de scripting de uso general, no especializado. R es el único lenguaje especializado en ciencia de datos, es el antecesor a S; también de código abierto. Una vez definidos los materiales, procedemos a describir la metodología a seguir; será desarrollada en Python y R. Haremos una comparación con el desarrollo de Matlab realizado a lo largo de la asignatura.

#### 1. Análisis exploratorio:

- a) Cargar datos.
- b) Solucionar existencia de casos perdidos.
- c) Obtener de cada variable numérica y separado por clases el histograma, kernel density, qqplot y boxplot.
- d) Realizar plot matriz de gráficos de dispersión y detección de variables correlacionadas.
- e) Detección y solución de la presencia de outliers.

#### 2. Extracción de características:

- a) Aplicar Filters (fscore y relief) y Wrappers para seleccionar las variables más significativas.
- b) Normalizar los datos mediante zscore.
- c) Aplicar el Análisis de Componentes Principales para obtener un nuevo conjunto de características relevantes (PCA).
- d) Representar la variabilidad de los datos mediante pareto y la influencia de cada una de las componentes originales para la generación de cada componente principal con biplot.

- e) Transformar los datos usando la matriz de variables originales y la matriz de coeficientes que ofrece PCA.
- f) Representar las proyecciones de las primeras componentes principales mediante el gráfico de dispersión scatter.
- g) Aplicar Análisis Lineal Discriminante (LDA) para obtener un nuevo conjunto de características relevantes.

3. Modelos de clasificación:

- a) Separar los datos en una muestra de entrenamiento y otra de validación del modelo a partir del método 'HoldOut'.
- b) Entrenar un modelo de clasificación lineal, cuadrático y basado en k-vecinos con distinto número de vecinos.

4. Estrategia y métricas de evaluación:

- a) Separar los datos en una muestra de entrenamiento y otra de validación del modelo a partir del método 'KFold'.
- b) Entrenar un modelo de clasificación basado en k-vecinos.
- c) Obtener el error cuadrático medio, la curva ROC y la matriz de confusión.

## 4 Resultados

### 4.1 Análisis exploratorio

#### 4.1.1 Preparación

```
1 import numpy as np
2 from scipy import stats
3
4 # names of variables
5 labels = ['age', 'leptin', 'bmi', 'adiponectin', 'glucose',
6           'resistin', 'insulin', 'MCP1', 'HOMA']
7
8 # loads data
9 data = np.loadtxt (open (r'../../data.csv', 'rb'), delimiter = ',', skiprows = 1)
10
11 # rewrites data as all the rows of data w/out nan cells
12 data = data [~np.isnan (data).any (axis=1)]
13
14 # separates parameters into matrix x
15 x = np.array ([list (data [x][:-1]) for x in range (len (data))])
16
17 # and class (1, 2) into vector y
18 y = np.array ([int (data [x][ -1]) for x in range (len (data))])
19
20 # removes outliers
21 data_no = data [(np.abs (stats.zscore (data)) < 3).all (axis = 1)]
22 # ↑ = No Outliers
23
24 x_no = np.array ([list (data_no [x][:-1]) for x in range (len (data_no))])
25 y_no = np.array ([int (data_no [x][ -1]) for x in range (len (data_no))])
```

Listing 1: Importaciones iniciales y preparacion de datos en Python.

```
1 # load data
2 datos <- read.table ('../../data.csv', sep = ',', header = T)
3 datos <- na.omit (datos)
4
5 # ignore rows w/ components above the 99th percentile
6 suppressPackageStartupMessages (library (dplyr))
7 datos <- datos %>% filter_all (all_vars (. <= quantile (., 0.99, na.rm = T)))
```

Listing 2: Importaciones iniciales y preparacion de datos en R.



```
1 load ('Data.mat')
2 % Eliminamos filas que contengan NaN:
3 dataR2mat = dataR2mat (~any (ismissing (dataR2), 2), :);
4 % Cuando queramos eliminar datos anomalos usaremos:
5 dataR2mat = dataR2mat (~any (isoutlier (dataR2mat (:,1:end-1)), 2), :);
```

Listing 3: Importaciones iniciales y preparacion de datos en Matlab.

### 4.1.2 Histogramas

En este apartado dibujamos los histogramas comparativos.

con anomalías

sin anomalías

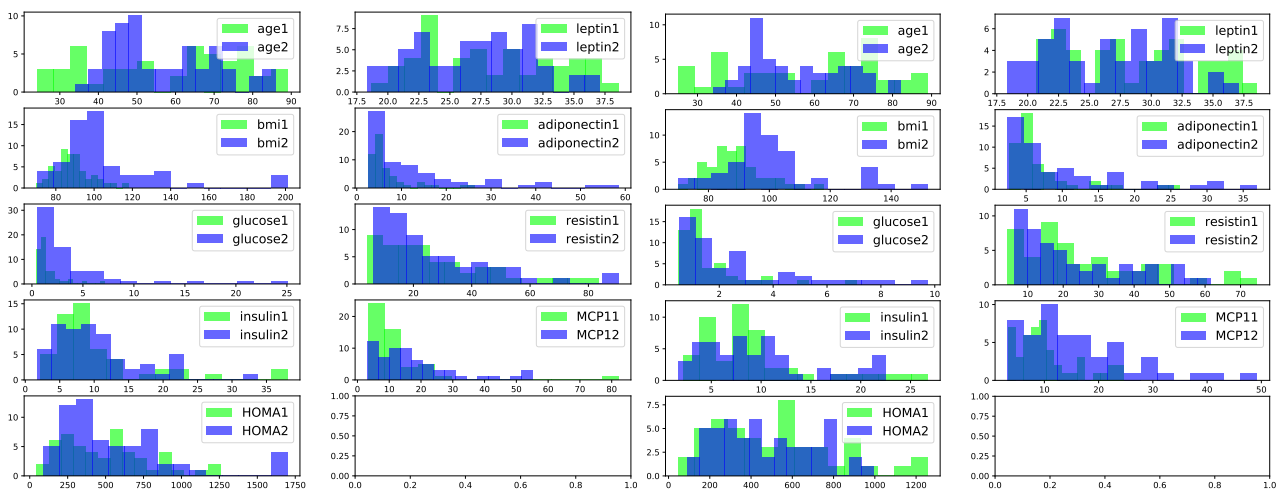


Fig. 1: Histogramas Python para datos con y sin anomalías.

```

1 import matplotlib as mpl
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 # load preprocessed data, x and y are raw, x_no and y_no contain no outliers
5 from preprocessing import x, y, x_no, y_no, labels
6
7 # colours for the histograms
8 fc = [(0, 1, 0, 0.6), (0, 0, 1, 0.6)]
9 # (R, G, B,  $\alpha$ ) ← transparency
10
11 fig, ax = plt.subplots (nrows = 5, ncols = 2, figsize = (13, 10))
12 ax = ax.flatten ()
13
14 # draws each of the histograms, two for each variable
15 for i in range (0, 9):
16     for j in [1, 2]:
17         ax[i].hist (x [y == j, i], bins = 15, fc = fc [j], label = labels [i] + str
18                     (j))
19         ax[i].legend (loc = 1, prop={'size': 15})
20
21 fig.suptitle ('con anomalías', fontsize = 30)
22 fig.savefig ('../images/hist.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)

```

Listing 4: Código Python generador de los histogramas con datos anómalos.

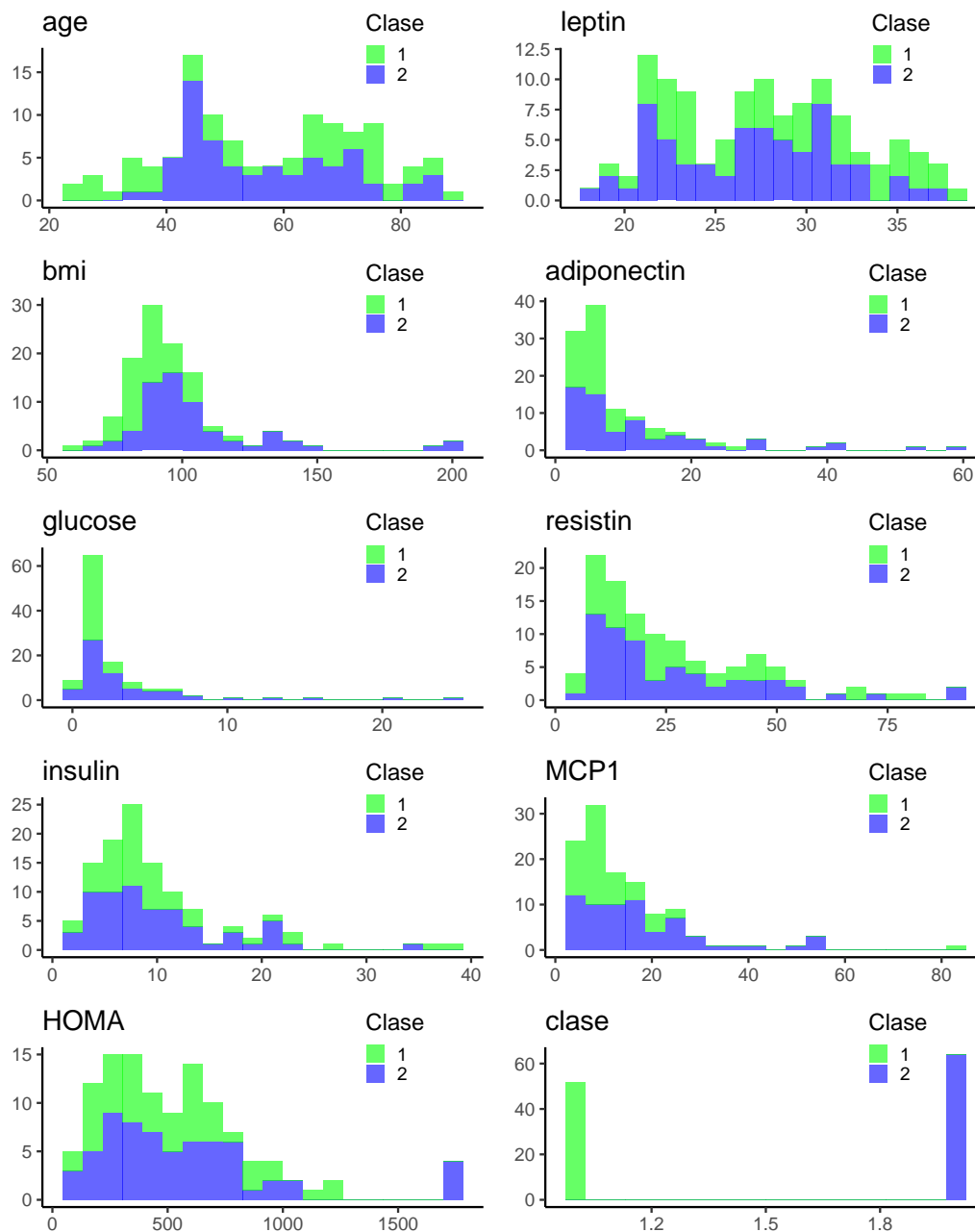


Fig. 2: Histogramas R para datos con anomalías.

```

1 for (i in 1:10){
2   pdf (file = paste ('../images/hist', i, '.pdf', sep = ''), width = 6, height = 3)
3   print (ggplot (datos, aes (x = datos[,i], fill = as.factor (clase))) +
4         labs (x = NULL, y = NULL, title = names (datos)[i], fill = 'Clase') +
5         geom_histogram (bins = 20, alpha = 0.6) +
6         theme_classic (base_size = 20) +
7         scale_fill_manual(values = c ('green', 'blue')) +
8         theme (legend.position = c (0.8, 1)))
9   dev.off ()
10 }

```

Listing 5: Código R generador de los histogramas con datos anómalos.

### 4.1.3 Kernel Density

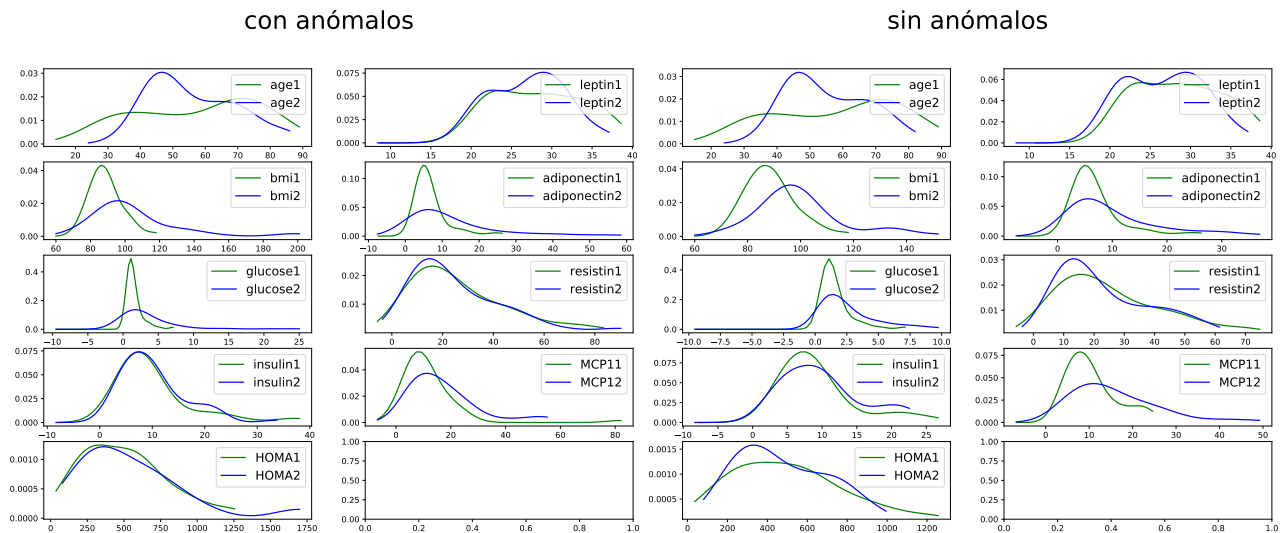


Fig. 3: Kernel Density para datos con y sin anomalias.

```

1  import matplotlib as mpl
2  import matplotlib.pyplot as plt
3  import numpy as np
4  from scipy.stats import gaussian_kde
5
6  # load preprocessed data, x and y are raw, x_no and y_no contain no outliers
7  from preprocessing import x, y, x_no, y_no, labels
8
9  # colours
10 fc = ['', 'green', 'blue']
11
12 fig, ax = plt.subplots (nrows = 5, ncols = 2, figsize = (13, 10))
13 ax = ax.flatten ()
14
15 # same loop in principle as before
16 for i in range (0, 9):
17     for j in [1, 2]:
18         kde = gaussian_kde (x_ := x [y == j, i])
19         xs = np.linspace(np.min (x_) - 10, np.max (x_), num=len (x_))
20         ax[i].plot (xs, kde(xs), c = fc[j], label = labels [i] + str (j))
21         ax[i].legend (loc = 1, prop={'size': 15})
22
23 fig.suptitle ('con anomalos', fontsize = 30)
24 fig.savefig ('../images/kden.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)

```

Listing 6: Código Python generador de los kernel density plots con datos anómalos.

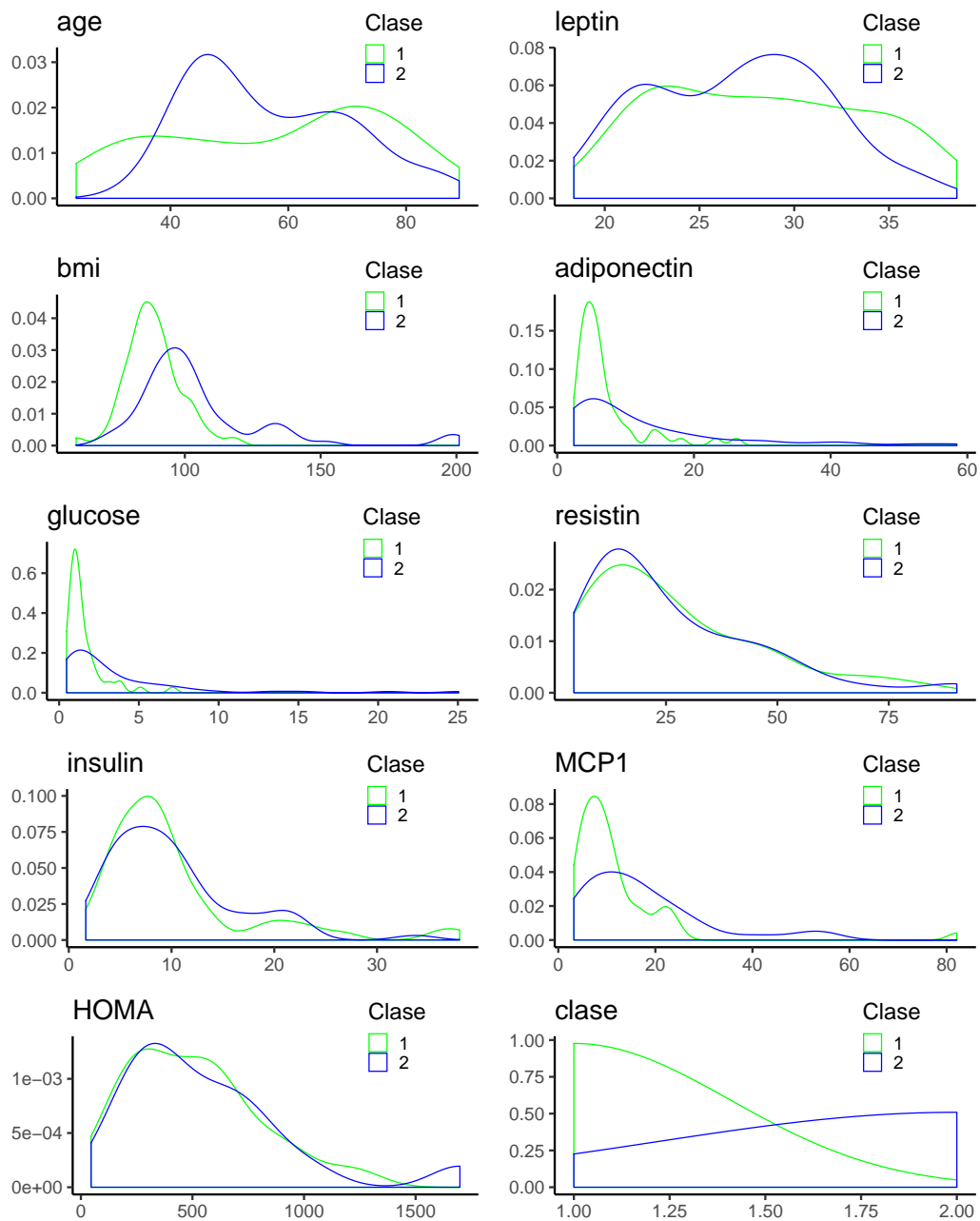


Fig. 4: Gráficos de densidad R.

```

1 for (i in 1:10){
2 pdf (file = paste ('../images/dens', i, '.pdf', sep = ''), width = 6, height = 3)
3 print (ggplot (datos, aes (x = datos[,i], colour = as.factor (clase))) +
4       labs (x = NULL, y = NULL,
5             title = names (datos)[i], colour = 'Clase') +
6       geom_density () + theme_classic (base_size = 20) +
7       scale_colour_manual (values = c ('green', 'blue')) +
8       theme (legend.position = c (0.8, 1)))
9 dev.off ()
10 }

```

Listing 7: Código R generador de los density plots.

#### 4.1.4 Boxplot

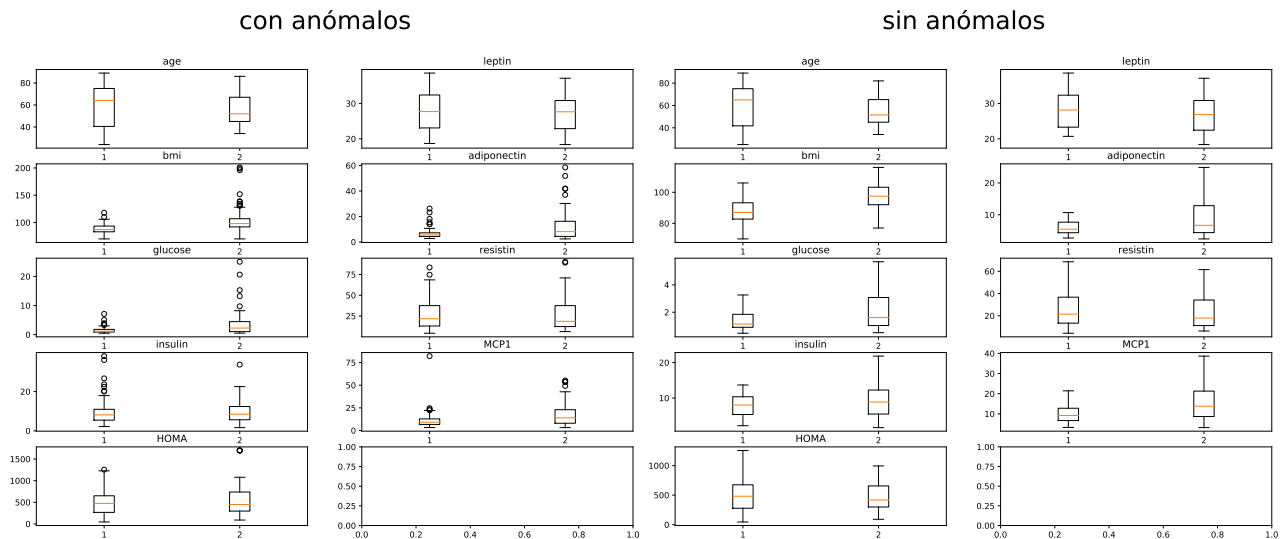


Fig. 5: Boxplots Python para datos con y sin anomalias.

```

1 import matplotlib as mpl
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 # load preprocessed data, x and y are raw, x_no and y_no contain no outliers
5 from preprocessing import x, y, x_no, y_no, labels
6
7 fig, ax = plt.subplots (nrows = 5, ncols = 2, figsize = (13, 10))
8 ax = ax.flatten ()
9
10 for i in range (0, 9):
11     ax[i].boxplot ([x [y == 1, i], x [y == 2, i]])
12     ax[i].title.set_text (labels [i])
13
14 fig.suptitle ('con anomalos', fontsize = 30)
15 fig.savefig ('../images/boxp.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)

```

Listing 8: Código Python generador de los boxplots con datos anómalos.

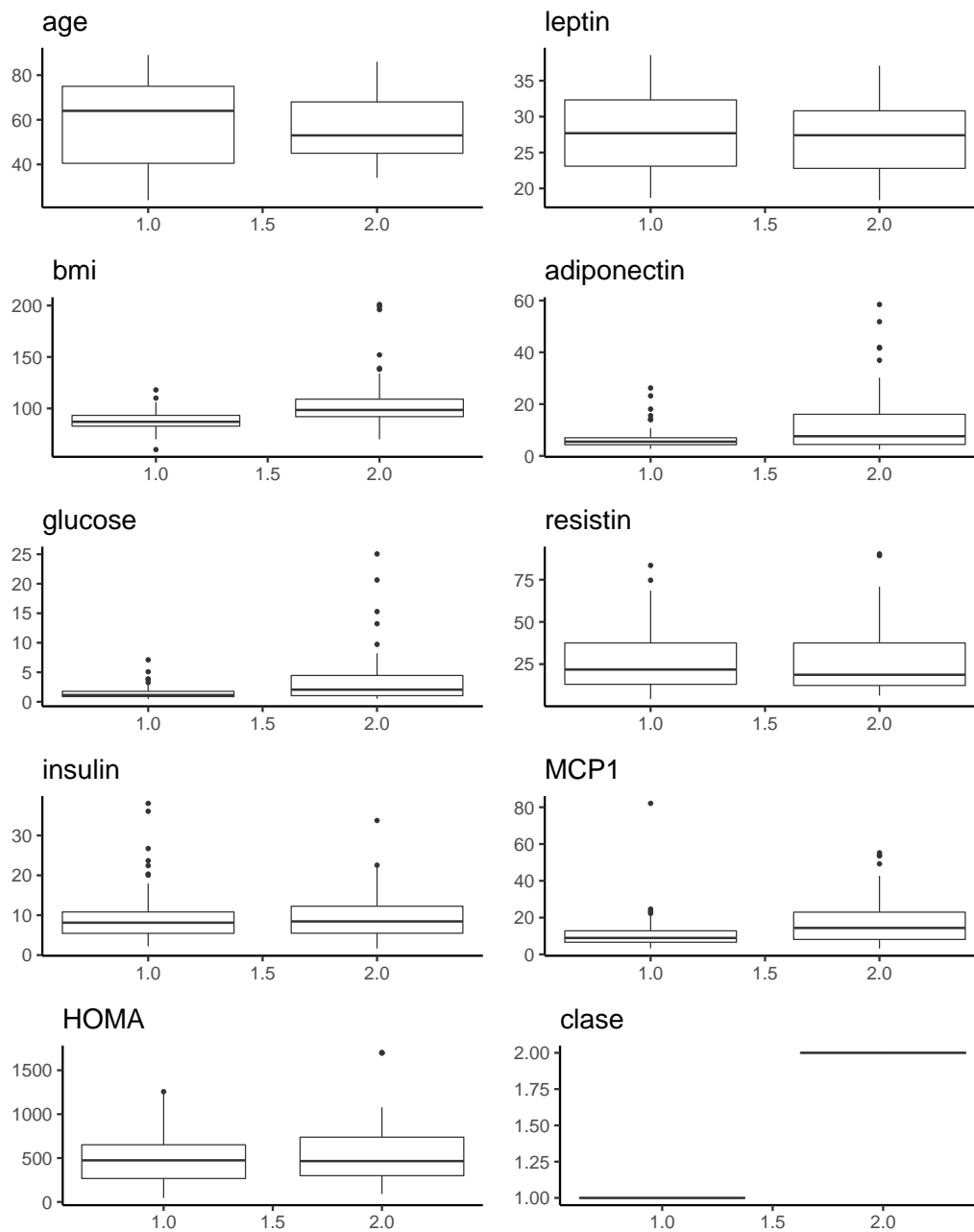


Fig. 6: Boxplots R para datos con anomalías.

```

1 for (i in 1:10){
2 pdf (file = paste ('../images/box', i, '.pdf', sep = ''), width = 6, height = 3)
3 print (ggplot (datos, aes (x = clase,
4                             y = datos[,i],
5                             group = clase)) +
6         labs (x = NULL, y = NULL, title = names (datos)[i]) +
7         geom_boxplot () +
8         theme_classic (base_size = 20))
9 dev.off ()
10 }

```

Listing 9: Código R generador de los boxplots con datos anómalos.

#### 4.1.5 QQplot

con anomalías

sin anomalías

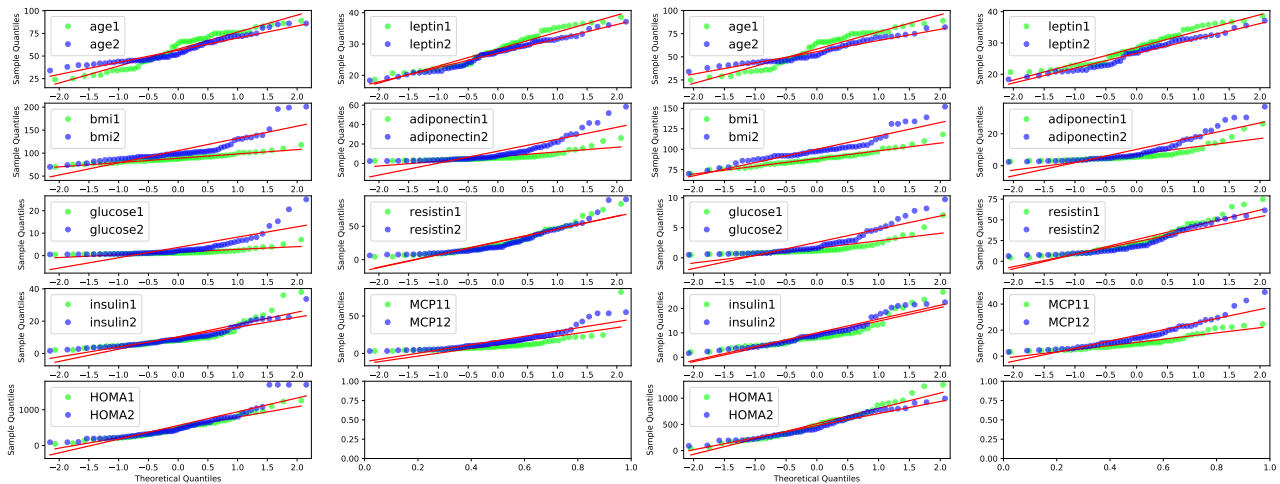


Fig. 7: QQplots Python para datos con y sin anomalías.

```

1 import matplotlib as mpl
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 # load preprocessed data, x and y are raw, x_no and y_no contain no outliers
5 from preprocessing import x, y, x_no, y_no, labels
6 import statsmodels.api as sm
7
8 fc = [(0, 1, 0, 0.6), (0, 0, 1, 0.6)]
9
10 fig, ax = plt.subplots (nrows = 5, ncols = 2, figsize = (13, 10))
11 ax = ax.flatten ()
12
13 for i in range (0, 9):
14     for j in [1, 2]:
15         sm.qqplot (x [y == j, i], ax = ax[i], c = fc[j],
16                     line = 's', label = labels [i] + str (j))
17         ax[i].legend (loc = 2, prop={'size': 15})
18
19 fig.suptitle ('con anomalías', fontsize = 30)
20 fig.savefig ('../images/qqp.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)

```

Listing 10: Código Python generador de los QQplots con datos anómalos.



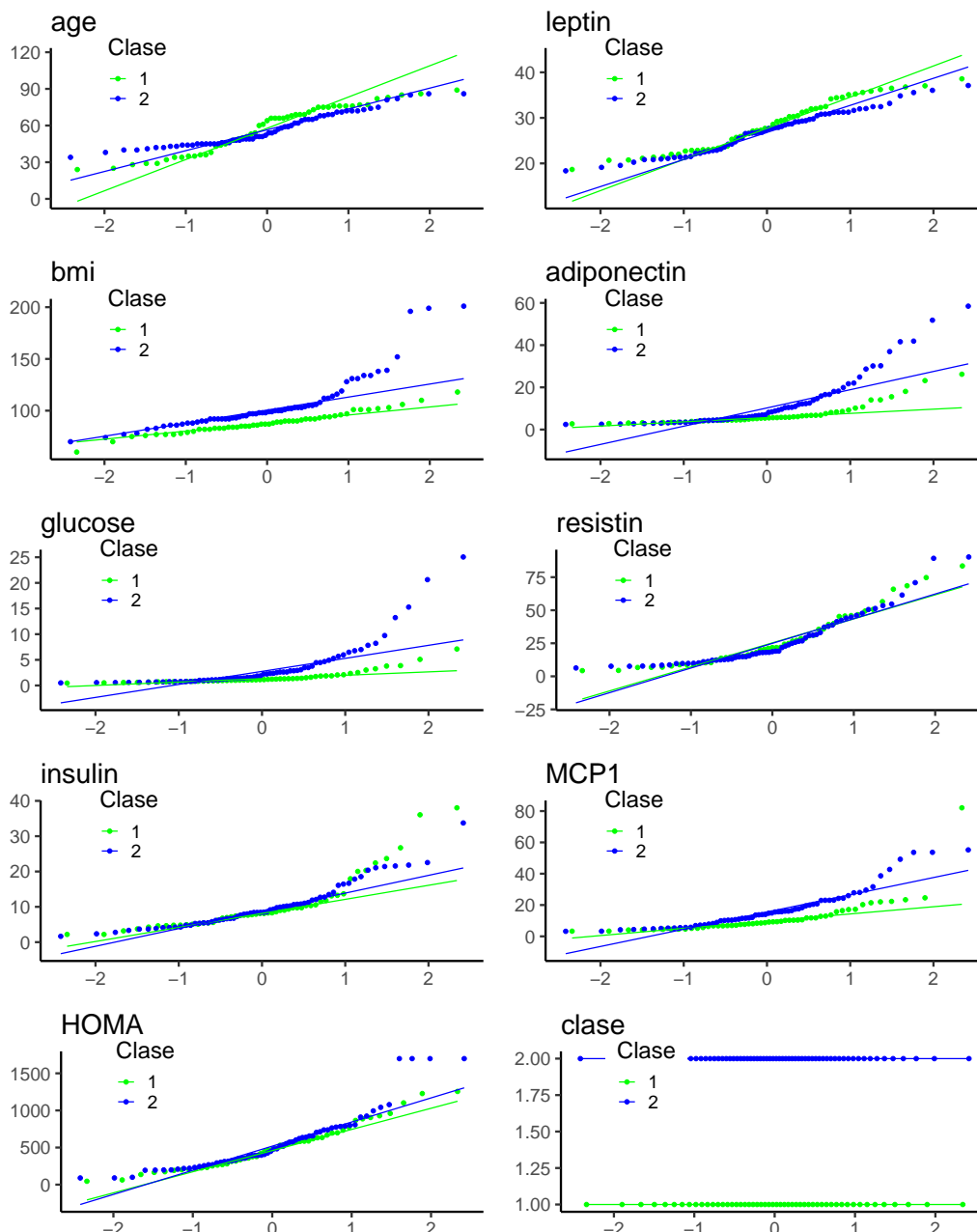


Fig. 8: QQplots R.

```

1 for (i in 1:10){
2 pdf (file = paste ('../images/qq', i, '.pdf', sep = ''), width = 6, height = 3)
3 print (ggplot (datos, aes (sample = datos[,i], colour = as.factor (clase))) +
4       labs (x = NULL, y = NULL,
5            title = names (datos)[i], colour = 'Clase') +
6       geom_qq () + geom_qq_line () + theme_classic (base_size = 20) +
7       scale_colour_manual (values = c ('green', 'blue')) +
8       theme (legend.position = c (0.2, 0.85)))
9 dev.off ()
10 }

```

Listing 11: Código R generador de los QQplots.

#### 4.1.6 Corrplot

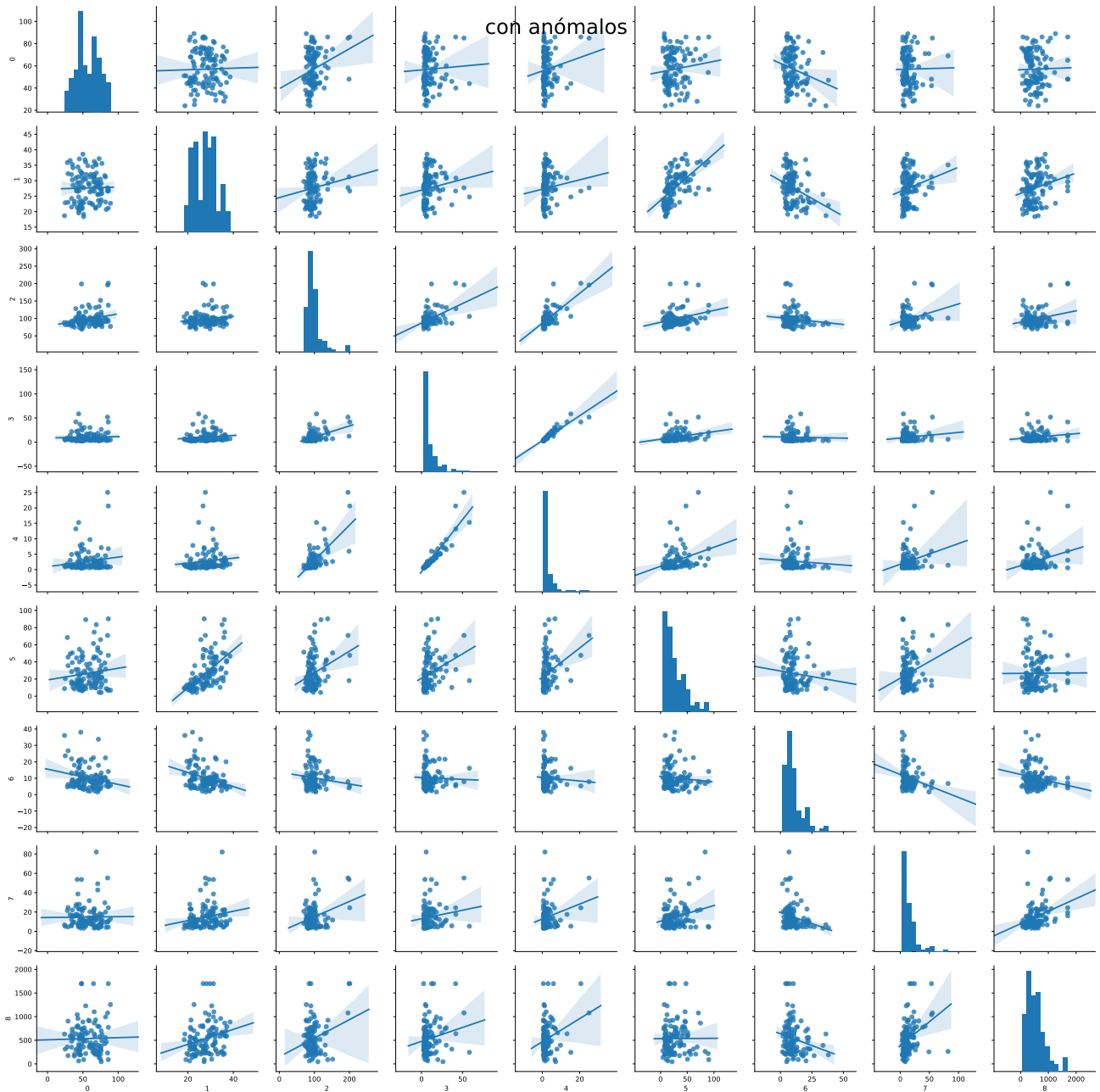


Fig. 9: Corrplot Python para datos con anomalías.

```
1 import pandas as pd
2 import seaborn as sns
3 dataframe = pd.DataFrame.from_records(x)
4 sns.pairplot (dataframe, kind = 'reg')
5 plt.suptitle ('con anomalías', fontsize = 30)
6 plt.savefig ('../images/corrp.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)
```

Listing 12: Código Python generador de los corrplots con datos anómalos.

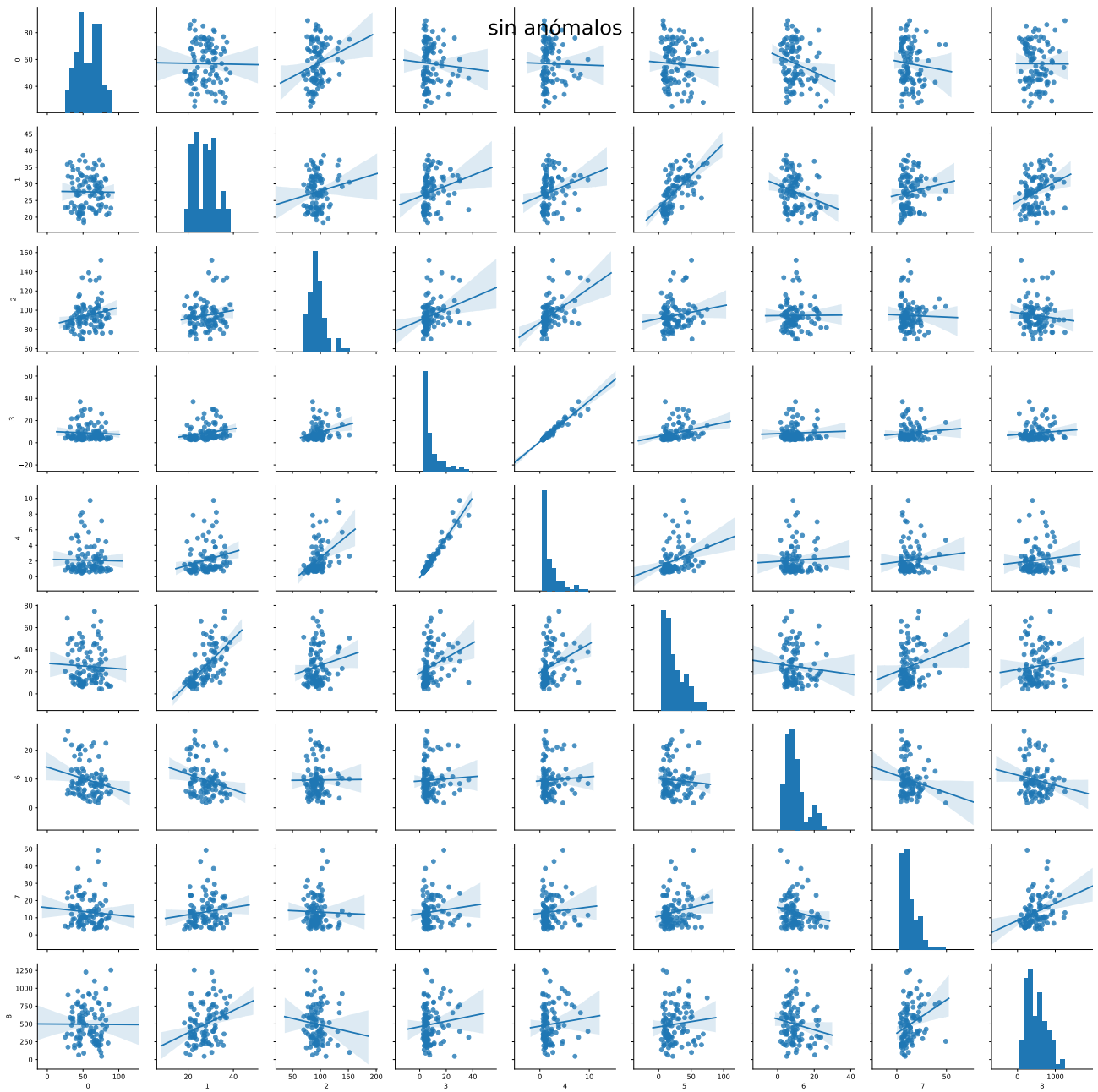


Fig. 10: Corrplot Python para datos sin anomalías.

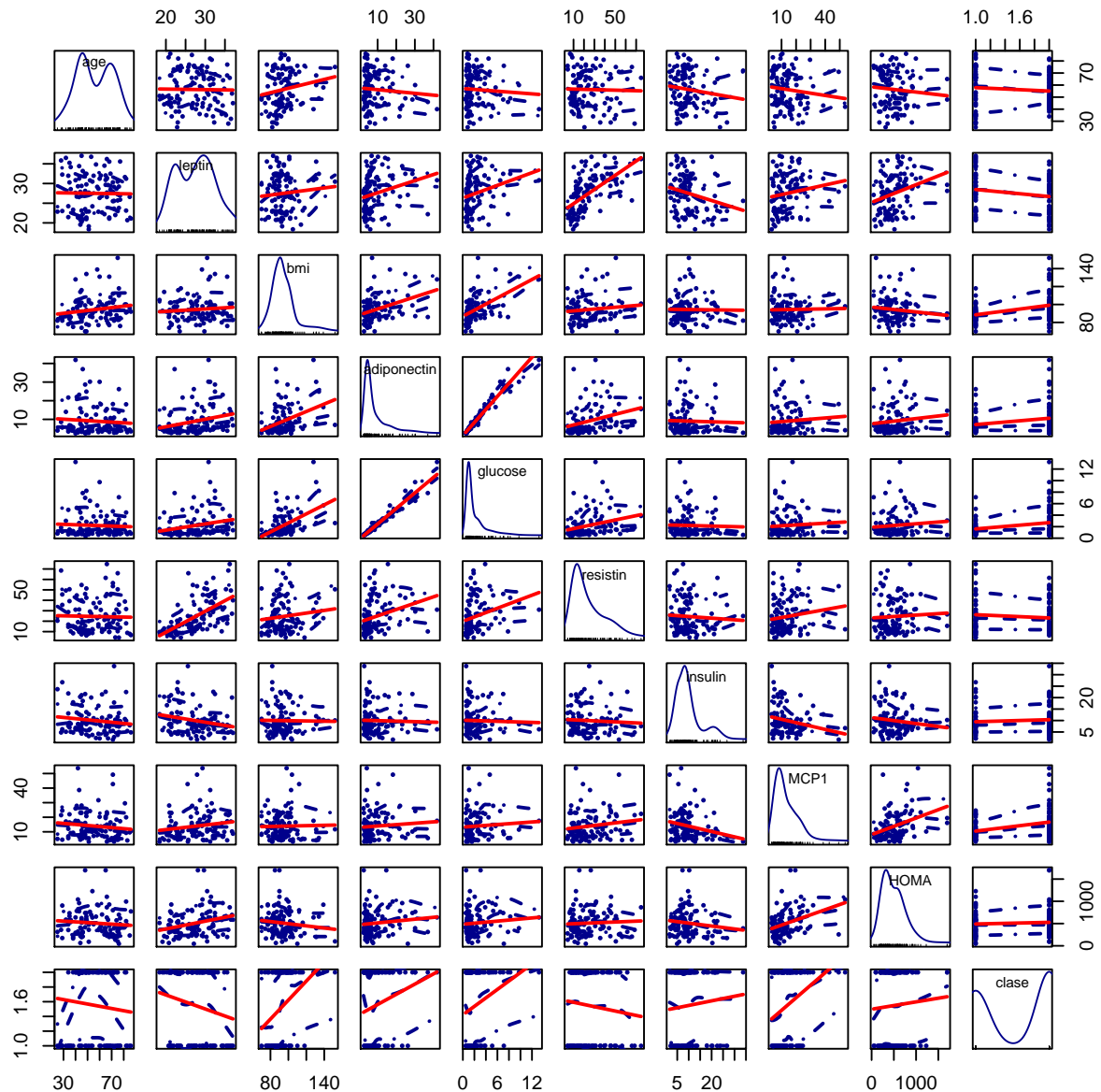


Fig. 11: Corrplot R para datos con anomalías.

```

1 library (car)
2 pdf ("../images/corrplot.pdf")
3 scatterplotMatrix (datos, regLine=list (col='red'), pch=20, cex=0.5, col='blue4')
4 dev.off ()
5
6 library (corrplot)
7 pdf ("../images/corrplot1.pdf")
8 M <- cor (na.omit (datos))
9 corrplot (M, method = 'number')
10 dev.off ()

```

Listing 13: Código R generador de los corrplots.

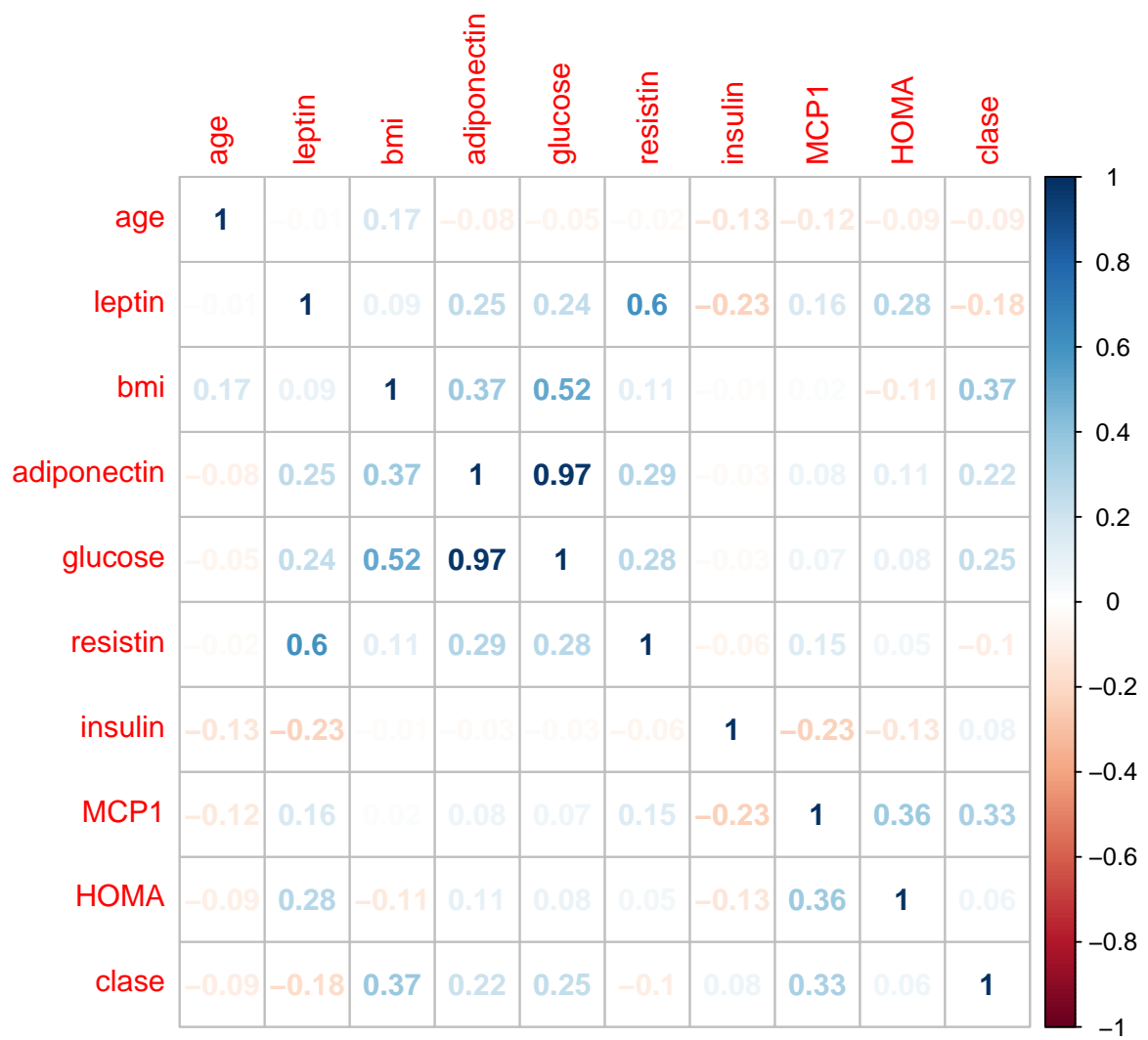


Fig. 12: Matriz de correlaciones en R.

## 4.2 Extracción de características.

### 4.2.1 Filter Methods

```
1 # Filter Methods
2 import sklearn.feature_selection as sk
3
4 Fscore, pval = sk.f_classif (x_no, y_no)
5 r1 = Fscore.argsort().argsort() # fscore rank
6 print (r1+1)
7
8 import ReliefF as rl
9
10 r2 = rl.ReliefF (n_neighbors = 1) # relieff rank
11 r2.fit(x_no, y_no)
12 r2 = r2.top_features
13 print (r2+1)
14
15 diferencias = abs (r1-r2)
16 media = np.mean (diferencias)
```

Listing 14: Aplicación métodos *filter* de selección características.

```
1 [4 5 9 6 7 3 1 8 2] -> fscore
2 [1 9 8 7 6 5 4 2 3] -> relieff
3 [3 4 1 1 1 2 3 6 1] -> diferencias
4 2.4444444444444446 -> media
```

Listing 15: Ranking de variables según los métodos filter.

```

1 # Fscore
2 library (PredPsych)
3 rank (fscore (datos, 10, 1:9))
4 # age leptin bmi adiponectin glucose resistin insulin MCP1 HOMA
5 # 3 5 9 7 8 2 1 6 4
6
7 # Relieff
8 brary (CORElearn)
9 rank (attrEval (as.factor (clase)~., datos, 'Relief'))
10 # age leptin bmi adiponectin glucose resistin insulin MCP1 HOMA
11 # 9 7 8 2 4 5 1 6 3
12
13 # Algunos de los posibles metodos
14 for (i in infoCore (what = "attrEval")){
15     cat (i, '\r\t\t', unname (rank (attrEval (as.factor (clase)~., datos, i))),'\n')
16 }
17 # ReliefFequalK 9 3 8 4 6 5 2 7 1
18 # ReliefFexpRank 8 5 9 3 6 4 1 7 2
19 # ReliefFbestK 9 7 8 3 4 5 1 6 2
20 # Relief 9 7 8 2 4 5 1 6 3
21 # InfGain 7 4 9 5 8 2 1 6 3
22 # GainRatio 9 2 8 7 6 4.5 1 3 4.5
23 # MDL 7 4 9 5 8 3 1 6 2
24 # Gini 7 4 9 5 8 3 1 6 2
25 # MyopicReliefF 6 4 9 5 7 3 1 8 2
26 # Accuracy 6 4 9 5 7 3 1.5 8 1.5
27 # ReliefFmerit 8 3 9 5 6 4 1 7 2
28 # ReliefFdistance 8 4 9 5 6 3 1 7 2
29 # ReliefFsqrDistan 8 4 9 5 6 3 1 7 2
30 # DKM 7 3 9 6 8 2 1 5 4
31 # ReliefFexpC 8 5 9 3 6 4 1 7 2
32 # ReliefFavgC 8 5 9 3 6 4 1 7 2
33 # ReliefFpe 8 5 9 3 6 4 1 7 2
34 # ReliefFpa 8 5 9 3 6 4 1 7 2
35 # ReliefFsmp 8 5 9 3 6 4 1 7 2
36 # GainRatioCost 9 2 8 7 6 4.5 1 3 4.5
37 # DKMcost 7 4 9 5 8 3 2 6 1
38 #

```

Listing 16: Ranking de variables según distintos métodos en R.

### 4.2.2 Wrapper Methods

```
1 from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
2 from mlxtend.feature_selection import SequentialFeatureSelector
3
4 knn = KNeighborsClassifier (n_neighbors = 50)
5
6 sfs = SequentialFeatureSelector (knn,
7                                 k_features = 4,
8                                 forward = True,
9                                 scoring = 'accuracy',
10                                cv = 10)
11
12 sfs.fit (x_no, y_no, custom_feature_names = labels)
13 print (sfs.k_score_)
14 print ('Sequential Forward Selection', sfs.k_feature_names_, end = '\n\n')
15
16 sfs.forward = False
17
18 sfs.fit (x_no, y_no, custom_feature_names = labels)
19 print (sfs.k_score_)
20 print ('Sequential Backward Selection', sfs.k_feature_names_, end = '\n\n')
```

Listing 17: Aplicación métodos *wrapper* de selección características.

```
1 0.7054545454545454
2 Sequential Forward Selection ('leptin', 'bmi', 'glucose', 'MCP1')
3
4 0.7094949494949495
5 Sequential Backward Selection ('leptin', 'bmi', 'glucose', 'insulin')
```

Listing 18: Resultados Python del filtrado mediante wrappers.



```

1 # Sequential Feature Selector
2 library (mlr)
3 # Forward
4 sfs <- selectFeatures (
5     learner      = makeLearner      ('classif.knn', k = 9, l = 3),
6     task         = makeClassifTask  (data = datos, target = 'clase'),
7     resampling   = makeResampleDesc ("CV", iter = 50),
8     control      = makeFeatSelControlSequential (method = "sfs", maxit = 100L))
9 # FeatSel result:
10 # Features (4): age, leptin , bmi, MCP1
11 # mmce.test.mean=0.1833333
12
13 # Backward
14 sbs <- selectFeatures (
15     learner      = makeLearner      ('classif.knn', k = 9, l = 3),
16     task         = makeClassifTask  (data = datos, target = 'clase'),
17     resampling   = makeResampleDesc ("CV", iter = 50),
18     control      = makeFeatSelControlSequential (method = "sbs", maxit = 100L))
19 # FeatSel result:
20 # Features (4): age, leptin , bmi, MCP1
21 # mmce.test.mean=0.1800000

```

Listing 19: Resultados R del filtrado mediante wrappers.

```

1 # esto es extra
2 library (Boruta)
3 Boruta (as.factor (clase)~., datos, maxRuns = 101) -> borutaout
4
5 # Boruta performed 100 iterations in 4.317041 secs.
6 # 5 attributes confirmed important: age, bmi, glucose , leptin , MCP1;
7 # 3 attributes confirmed unimportant: HOMA, insulin , resistin;
8 # 1 tentative attributes left: adiponectin;
9
10 pdf ("../images/boruta.pdf")
11 plot (borutaout, las = 2, xlab = '', main = 'Boruta Variable Importance')
12 dev.off ()

```

Listing 20: Método Boruta *wrapper* de Random Forest R.

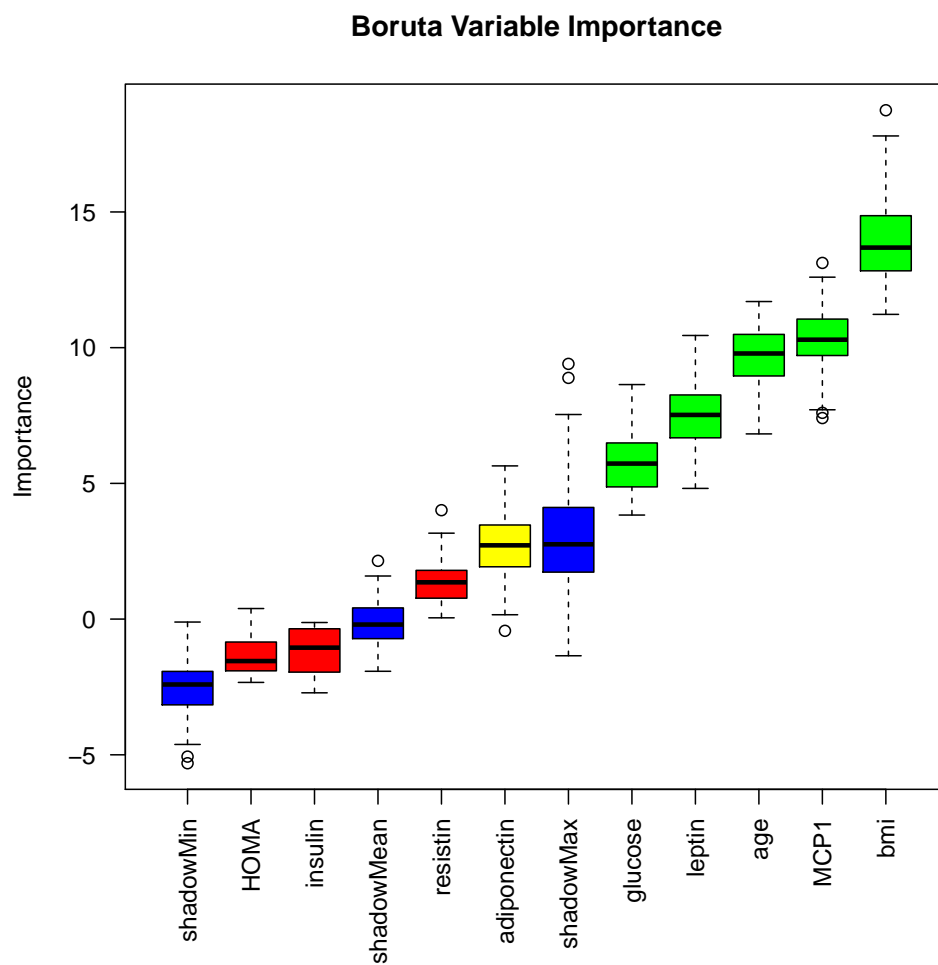


Fig. 13: Representación gráfica de la importancia de las variables seleccionadas por Boruta.

### 4.2.3 PCA

```
1 from sklearn.preprocessing import StandardScaler
2 x_no = StandardScaler().fit_transform(x_no) # typify
3 from sklearn.decomposition import PCA
4 pca = PCA(n_components = 9)
5 principalComponents = pca.fit_transform(x_no)
6 evr = pca.explained_variance_ratio_
```

Listing 21: *Principal Component Analysis* Python.

```
1 [0.29146865 0.18490568 0.14125105 0.11727276 0.08486126 0.07999359
2  0.06636991 0.03254865 0.00132847]
3 [0.29146865 0.47637432 0.61762537 0.73489813 0.81975939 0.89975298
4  0.96612289 0.99867153 1.          ]
```

Listing 22: Varianza explicada por componente y suma acumulada Python.

```
1 pca <- prcomp (datos[,1:9], center = T, scale. = T, rank. = 9)
2 summary (pca)
```

Listing 23: *Principal Component Analysis* R.

```
1 Importance of components:
2          PC1    PC2    PC3    PC4    PC5    PC6    PC7    PC8    PC9
3 Std deviation  1.7475 1.2393 1.082 1.048 0.8528 0.8144 0.66261 0.53101 0.17555
4 Propor. of Var. 0.3393 0.1707 0.130 0.122 0.0808 0.0737 0.04878 0.03133 0.00342
5 Cum. Var.      0.3393 0.5100 0.640 0.762 0.8428 0.9165 0.96525 0.99658 1.00000
```

Listing 24: Varianza explicada por componente y suma acumulada R.

### 4.2.4 Pareto

```
1 ax.bar (range (len (evr)), evr)
2 ax.set_ylim (top=1)
3 ax1 = ax.twinx ()
4 ax1.set_ylim (top=100)
5 ax1.plot (range (len (evr)), np.cumsum (evr)*100, marker = '.', color = 'red')
6 fig.suptitle ('Pareto Python', fontsize = 16)
7 fig.savefig ('../images/pareto.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)
```

Listing 25: Código generador del diagrama de Pareto en Python.

```

1 pdf ("../images/pareto.pdf", width = 7, height = 5.5)
2 x <- pca[['sdev']]^2
3 cx <- cumsum (x)
4 par (mar = c(3,3,4,3))
5 pc <- barplot (x, names.arg = dimnames (pca[['rotation']])[[2]],
6               border = NA, axes = F, main = 'Pareto R',
7               ylim = c(0, 1.05*max(cx, na.rm = T)), col = 'blue4'
8 )
9 lines (pc, cx, type = 'b', pch = 19, col="red")
10 box (col      = 'black')
11 axis (side    = 2,
12       at      = c (0, round (x[c (1,2,4,6,8,9)], 1)),
13       las     = 2, cex.axis = 0.8,
14 )
15 axis (side    = 4,
16       at      = c(0, cx[1:8]),
17       labels   = paste (c (0, round (cx[1:8]/max (cx) * 100)) , "%", sep=""),
18       las     = 2, cex.axis = 0.8
19 )
20 dev.off ()

```

Listing 26: Código generador del diagrama de Pareto en R.

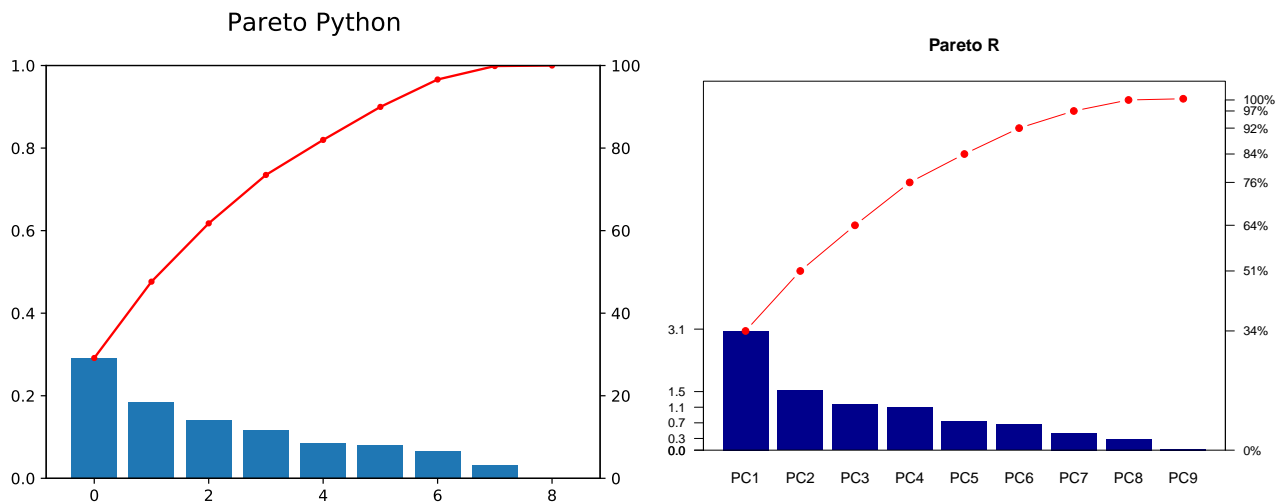


Fig. 14: Diagrama de Pareto en Python y R.

#### 4.2.5 Biplot

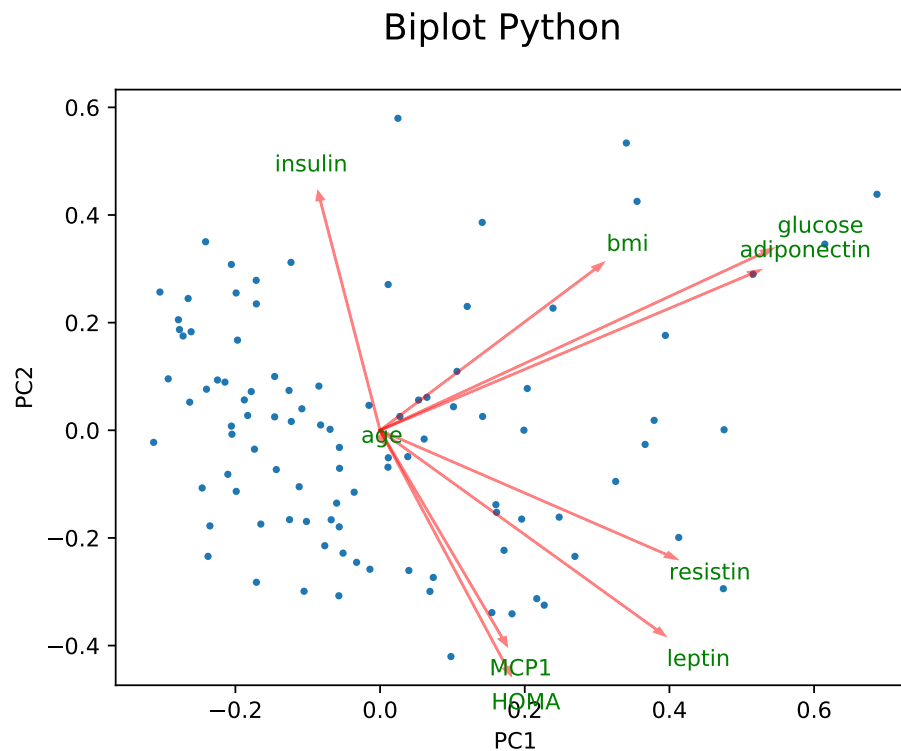


Fig. 15: Biplot Python.

```

1 def biplot (score,coeff,labels=None):
2     """from https://ostwalprasad.github.io/machine-learning/PCA-using-python.html"""
3     xs = score[:,0]; ys = score[:,1]
4     n = coeff.shape[0]
5     scalex = 1.0/(xs.max() - xs.min())
6     scaley = 1.0/(ys.max() - ys.min())
7     plt.scatter(xs * scalex,ys * scaley,s=5)
8     plt.suptitle ('Biplot Python', fontsize = 16)
9     for i in range(n):
10         plt.arrow(0, 0, coeff[i,0], coeff[i,1],color='r',alpha=0.5, head_width=0.01)
11         if labels is None:
12             plt.text(coeff[i,0]* 1.15, coeff[i,1] * 1.15, "Var"+str(i+1), color = 'green', ha = 'center', va = 'center')
13         else:
14             plt.text(coeff[i,0]* 1.15, coeff[i,1] * 1.15, labels[i], color = 'g', ha = 'center', va = 'center')
15     plt.xlabel("PC{}".format(1)), plt.ylabel("PC{}".format(2))
16     plt.savefig ('../images/biplotpca.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)
17 biplot (principalComponents[:,0:2], np.transpose(pca.components_[0:2, :]), labels)

```

Listing 27: Código generador del Biplot en Python.

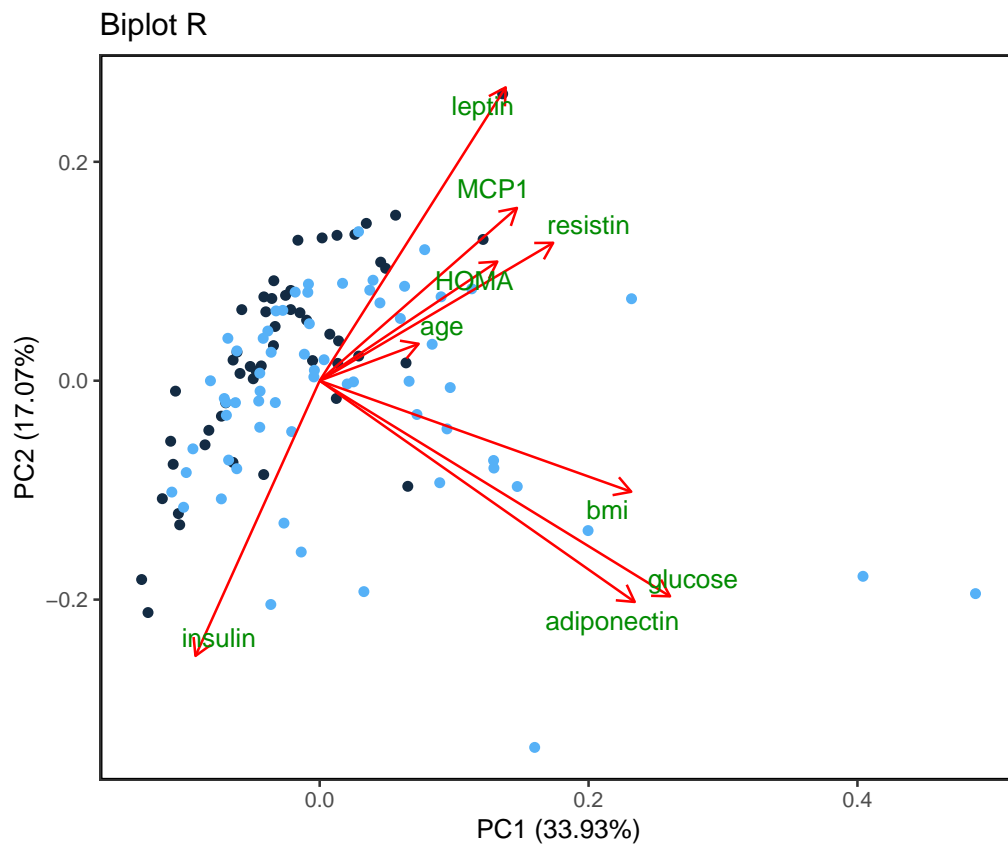


Fig. 16: Biplot R.

```

1 library (ggfortify)
2 pdf ("../images/biplot.pdf", width = 6, height = 5)
3 autoplot (pca, data = datos, colour = 'clase',
4           loadings = T,
5           main = 'Biplot R',
6           loadings.label = T,
7           loadings.label.repel = T,
8           loadings.label.colour = 'green4',
9 ) +
10 theme_bw () +
11 theme (panel.grid.major = element_blank(),
12       panel.grid.minor = element_blank(),
13       panel.background = element_rect(colour = "black", size = 1),
14       legend.position = 'none'
15 )

```

Listing 28: Código generador del Biplot en R.

## 5 Modelos de Clasificación

### 5.1 Clasificación Lineal

```
1 from sklearn.discriminant_analysis import LinearDiscriminantAnalysis as LDA
2
3 lda = LDA ()
4 score = cross_val_score (lda, x, y, cv = 10)
5 print ('Linear puntuación CV media: %.2f std: %.2f'
6       %(np.mean (score), np.std (score)))
7
8 score = cross_val_score (lda, x, y, cv = KFold (n_splits = 10, shuffle = True))
9 print ('Linear puntuación KF media: %.2f std: %.2f'
10      %(np.mean (score), np.std (score)))
11
12 score = cross_val_score (lda, x, y, cv = ShuffleSplit (n_splits = 10))
13 print ('Linear puntuación SS media: %.2f std: %.2f'
14      %(np.mean (score), np.std (score)))
15
16 score = cross_val_score (lda, x, y, cv = LeaveOneOut ())
17 print ('Linear puntuación LO media: %.2f std: %.2f'
18      %(np.mean (score), np.std (score)))
```

Listing 29: Python validación del modelo lineal.

```
1 Linear puntuacion CV media: 0.75 std: 0.13
2 Linear puntuacion KF media: 0.75 std: 0.10
3 Linear puntuacion SS media: 0.71 std: 0.14
4 Linear puntuacion LO media: 0.76 std: 0.43
```

Listing 30: Python validación según distintos métodos de partición.

```

1 # Linear Discriminant Analysis
2 it <- 1000
3 ldascores <- rep (NA, times = it)
4 p <- 0.7 # partition
5 cat ('LDA\n')
6 pb <- txtProgressBar (min = 0, max = it, initial = 0, char = '|', style = 3)
7 for (i in 1:it){
8   train.samples <- createDataPartition (datos$clase, p = p, list = F)
9
10  train.data      <- datos[ train.samples,]
11  test.data       <- datos[-train.samples,]
12
13  preproc.param <- preProcess (train.data, method = c ("center", "scale"))
14
15  train.trans    <- predict (preproc.param, train.data)
16  test.trans     <- predict (preproc.param, test.data)
17
18  mdl <- lda (clase~., data = train.trans)
19
20  prd <- predict (mdl, test.trans)
21
22  ldascores[i]   <- mean (prd$class == test.trans$clase)
23  setTxtProgressBar (pb, i)
24 }

```

Listing 31: R análisis lineal discriminante.

	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
ldascores	1	1000	0.72	0.08	0.73	0.72	0.10	0.47	0.97	0.50	-0.09

Listing 32: R puntuación de mil evaluaciones.



## 5.2 Clasificación Cuadrática

```
1 from sklearn.discriminant_analysis import QuadraticDiscriminantAnalysis as QDA
2
3 qda = QDA ()
4 score = cross_val_score (qda, x, y, cv = 10)
5 print ('Quadratic puntuación CV media: %.2f std: %.2f'
6       %(np.mean (score), np.std (score)))
7
8 score = cross_val_score (qda, x, y, cv = KFold (n_splits = 10, shuffle = True))
9 print ('Quadratic puntuación KF media: %.2f std: %.2f'
10      %(np.mean (score), np.std (score)))
11
12 score = cross_val_score (qda, x, y, cv = ShuffleSplit (n_splits = 10))
13 print ('Quadratic puntuación SS media: %.2f std: %.2f'
14      %(np.mean (score), np.std (score)))
15
16 score = cross_val_score (qda, x, y, cv = LeaveOneOut ())
17 print ('Quadratic puntuación LO media: %.2f std: %.2f'
18      %(np.mean (score), np.std (score)))
```

Listing 33: Python validación del modelo cuadrático.

```
1 Quadratic puntuacion CV media: 0.66 std: 0.19
2 Quadratic puntuacion KF media: 0.76 std: 0.09
3 Quadratic puntuacion SS media: 0.76 std: 0.14
4 Quadratic puntuacion LO media: 0.73 std: 0.44
```

Listing 34: Python validación según distintos métodos de partición.

```

1 qdascores <- rep (NA, times = it)
2 cat ('\nQDA\n')
3 pb <- txtProgressBar (min = 0, max = it, initial = 0, char = '|', style = 3)
4 for (i in 1:it){
5   train.samples <- createDataPartition (datos$clase, p = p, list = F)
6
7   train.data      <- datos[ train.samples,]
8   test.data       <- datos[-train.samples,]
9
10  preproc.param <- preProcess (train.data, method = c ("center", "scale"))
11
12  train.trans    <- predict (preproc.param, train.data)
13  test.trans     <- predict (preproc.param, test.data)
14
15  mdl <- qda (clase~., data = train.trans)
16
17  prd <- predict (mdl, test.trans)
18
19  qdascores[i]   <- mean (prd$class == test.trans$clase)
20
21  setTxtProgressBar (pb, i)
22 }

```

Listing 35: R análisis cuadrático discriminante.

	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew	
1	qdascores	2	1000	0.69	0.07	0.70	0.69	0.10	0.43	0.87	0.43	-0.17

Listing 36: R puntuación de mil evaluaciones.

### 5.3 Clasificación KNN

```
1 from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
2
3 knn = KNeighborsClassifier (n_neighbors = 9)
4 score = cross_val_score (knn, x, y, cv = 10)
5 print ('KNN puntuación CV media: %.2f std: %.2f'
6        %(np.mean (score), np.std (score)))
7
8 score = cross_val_score (knn, x, y, cv = KFold (n_splits = 10, shuffle = True))
9 print ('KNN puntuación KF media: %.2f std: %.2f'
10        %(np.mean (score), np.std (score)))
11
12 score = cross_val_score (knn, x, y, cv = ShuffleSplit (n_splits = 10))
13 print ('KNN puntuación SS media: %.2f std: %.2f'
14        %(np.mean (score), np.std (score)))
15
16 score = cross_val_score (knn, x, y, cv = LeaveOneOut ())
17 print ('KNN puntuación LO media: %.2f std: %.2f'
18        %(np.mean (score), np.std (score)))
```

Listing 37: Python validación del modelo KNN.

```
1 KNN puntuacion CV media: 0.47 std: 0.12
2 KNN puntuacion KF media: 0.47 std: 0.15
3 KNN puntuacion SS media: 0.47 std: 0.13
4 KNN puntuacion LO media: 0.43 std: 0.50
```

Listing 38: Python validación según distintos métodos de partición.

```

1 knnscores <- rep (NA, times = it)
2 library (class)
3 cat ('\nKNN\n')
4 pb <- txtProgressBar (min = 0, max = it, initial = 0, char = '|', style = 3)
5 for (i in 1:it){
6   train.samples <- createDataPartition (datos$clase, p = p, list = F)
7
8   train.data <- datos[ train.samples,]
9   test.data <- datos[-train.samples,]
10
11   preproc.param <- preProcess (train.data, method = c ("center", "scale"))
12
13   train.trans <- predict (preproc.param, train.data)
14   test.trans <- predict (preproc.param, test.data)
15
16   prd <- knn (train = train.trans[1:9],
17             cl = train.trans$clase,
18             test = test.trans[1:9],
19             k = 1)
20
21   knnscores[i] <- mean (prd == test.trans$clase)
22
23   setTxtProgressBar (pb, i)
24 }

```

Listing 39: R *K nearest neighbours*.

	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
1	knnscores	3	1000	0.66	0.07	0.67	0.66	0.05	0.43	0.90	0.47 -0.07

Listing 40: R puntuación de mil evaluaciones.

## 6 Postámbulo

### 6.1 Comparación *LDA*, *QDA*, *KNN* R.

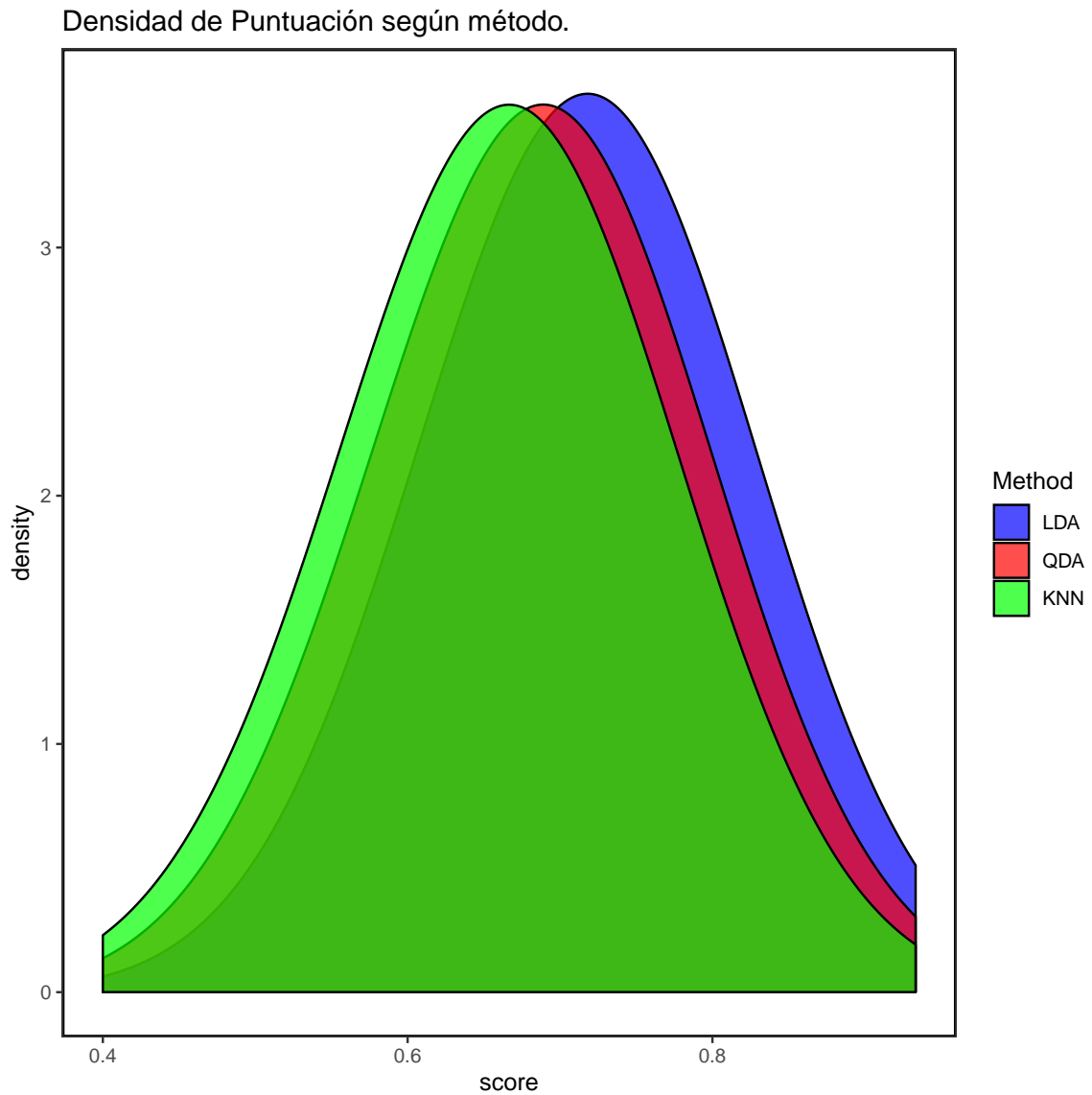


Fig. 17: Comparación de mil evaluaciones de cada uno de los métodos de clasificación en R.

## 6.2 Puntuación *knn* vs. número de vecinos.

Puntuación vs. Vecinos

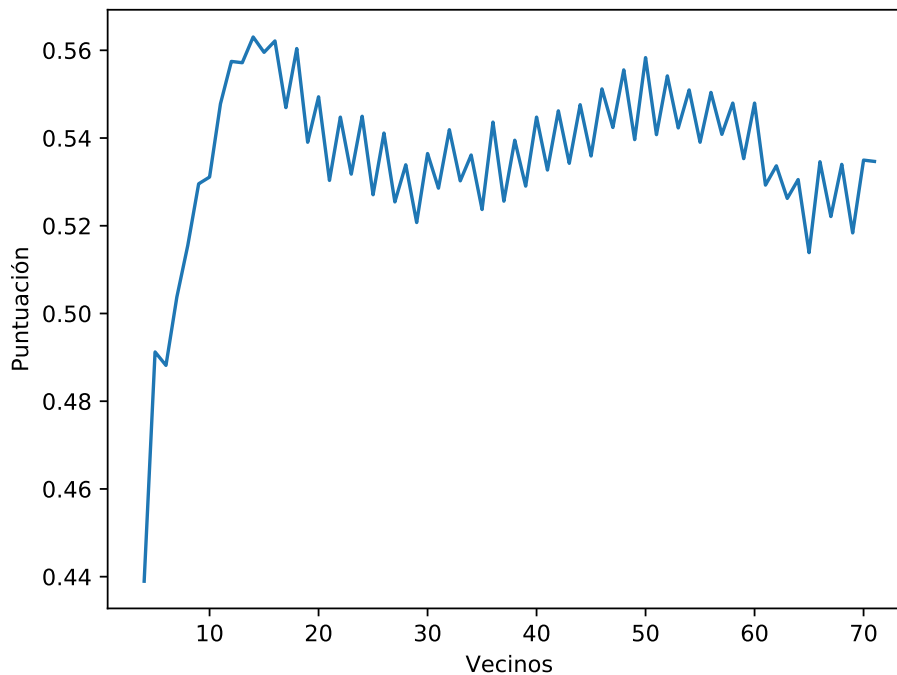


Fig. 18: Rendimiento decreciente según aumenta el número de vecinos.

```
1 score = [None]*(vecinos)
2 for i in range (2,vecinos):
3     print ('n_neighbors = %i'% (i), end = '\r')
4     iteraciones = 1000
5     error = [None]*iteraciones
6     for j in range (0, iteraciones):
7         X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split (x, y, test_size = 0.3)
8         knn = KNeighborsClassifier (n_neighbors = i, n_jobs = -1)
9         knn.fit (X_train, y_train)
10        error[j] = np.sum (abs (knn.predict (X_test) - y_test))/ len (y_test)
11    score[i] = np.mean (error)
12
13 plt.plot (range (2, vecinos+2), score)
14
15 plt.suptitle ('Puntuación vs. Vecinos', fontsize = 10)
16 plt.suptitle ('puntuación vs. vecinos', fontsize = 10)
17 plt.xlabel ('vecinos')
18 plt.ylabel ('puntuación')
19 plt.show ()
```

Listing 41: Evolución de puntuación según número de vecinos.

## 6.3 Benchmarking

```
1 benchmark (
2   '1 load' = {
3     datos <- read.table ('../data.csv', sep = ',', header = T)
4     datos <- na.omit (datos)
5     datos <- filter_all (datos, all_vars (. <= quantile (., 0.99, na.rm = T)))
6     p <- 0.7
7   },
8   '2 part' = {
9     train.samples <- createDataPartition (datos$clase, p = p, list = F)
10    train.data      <- datos[ train.samples,]
11    test.data       <- datos[-train.samples,]
12    preproc.param <- preProcess (train.data, method = c ("center", "scale"))
13    train.trans    <- predict (preproc.param, train.data)
14    test.trans     <- predict (preproc.param, test.data)
15  },
16  '3 lda' = {
17    mdl <- lda (clase~., data = train.trans)
18    prd <- predict (mdl, test.trans)
19    mean (prd$class == test.trans$clase)
20  },
21  '4 qda' = {
22    mdl <- qda (clase~., data = train.trans)
23    prd <- predict (mdl, test.trans)
24    mean (prd$class == test.trans$clase)
25  },
26  '5 knn' = {
27    prd <- knn (train = train.trans[1:9],
28               cl      = train.trans$clase,
29               test    = test.trans[1:9],
30               k        = 1
31    )
32    mean (prd == test.trans$clase)
33  },
34  replications = 1000,
35  columns = c ("test", "replications", "elapsed",
36              "relative", "user.self", "sys.self")
37 )
```

Listing 42: Código R para evaluar el tiempo de ejecución.

```

1  import pytest
2
3  # Absolute times
4  @measure
5  def loa ():
6      global x_no, y_no
7      from preprocessing import x_no, y_no
8
9  @measure
10 def par ():
11     global X_train, X_test, y_train, y_test
12     X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split (x_no, y_no)
13
14 @measure
15 def lda ():
16     lda = LDA ()
17     lda.fit (X_train, y_train)
18     error = np.sum (abs (lda.predict (X_test) - y_test)) / len (y_test)
19
20 @measure
21 def qda ():
22     qda = QDA ()
23     qda.fit (X_train, y_train)
24     error = np.sum (abs (qda.predict (X_test) - y_test)) / len (y_test)
25
26 @measure
27 def knn ():
28     knn = KNeighborsClassifier (n_neighbors = 1)
29     knn.fit (X_train, y_train)
30     error = np.sum (abs (knn.predict (X_test) - y_test)) / len (y_test)
31
32 loa (), par (), lda (), qda (), knn ()
33 compare (lda, qda, 1000)
34 compare (qda, knn, 1000)
35 compare (lda, knn, 1000)

```

Listing 43: Código Python para evaluar el tiempo de ejecución.



	test	replications	elapsed	relative	user.self	sys.self
1	1	load	1000	4.803	8.486	4.712
2	2	part	1000	13.267	23.440	13.201
3	3	lda	1000	3.359	5.935	3.346
4	4	qda	1000	3.480	6.148	3.455
5	5	knn	1000	0.566	1.000	0.562

Listing 44: Tiempo de ejecución en R.

```

1 'loa' ((), {}) 0.00376701354980468750 sec
2 'par' ((), {}) 0.00057792663574218750 sec
3 'lda' ((), {}) 0.00213122367858886719 sec
4 'qda' ((), {}) 0.00131011009216308594 sec
5 'lda' ((), {}) 0.00145196914672851562 sec
6 Result: qda is 1.516303298299778 times faster than lda
7 Result: qda is 2.87883278273268 times faster than knn
8 Result: lda is 1.918905609112522 times faster than knn

```

Listing 45: Tiempo de ejecución en Python.

```

1 OS: macOS Sierra 10.12.6 16G1618 x86_64
2 Host: iMac12,2
3 Kernel: 16.7.0
4 Uptime: 4d 23h
5 Packages: 292 (port), 233 (brew)
6 Shell: zsh 5.2
7 Resolution: 2560x1440
8 DE: Aqua
9 WM: Kwm
10 Terminal: kitty
11 CPU: Intel i5-2500S (4) @ 2.70GHz
12 GPU: AMD Radeon HD 6770M
13 Memory: 7027MiB / 12288MiB
14 Disk (/): 806G / 931G (87%)

```

Listing 46: Características de la máquina usada.

## 6.4 Curva ROC

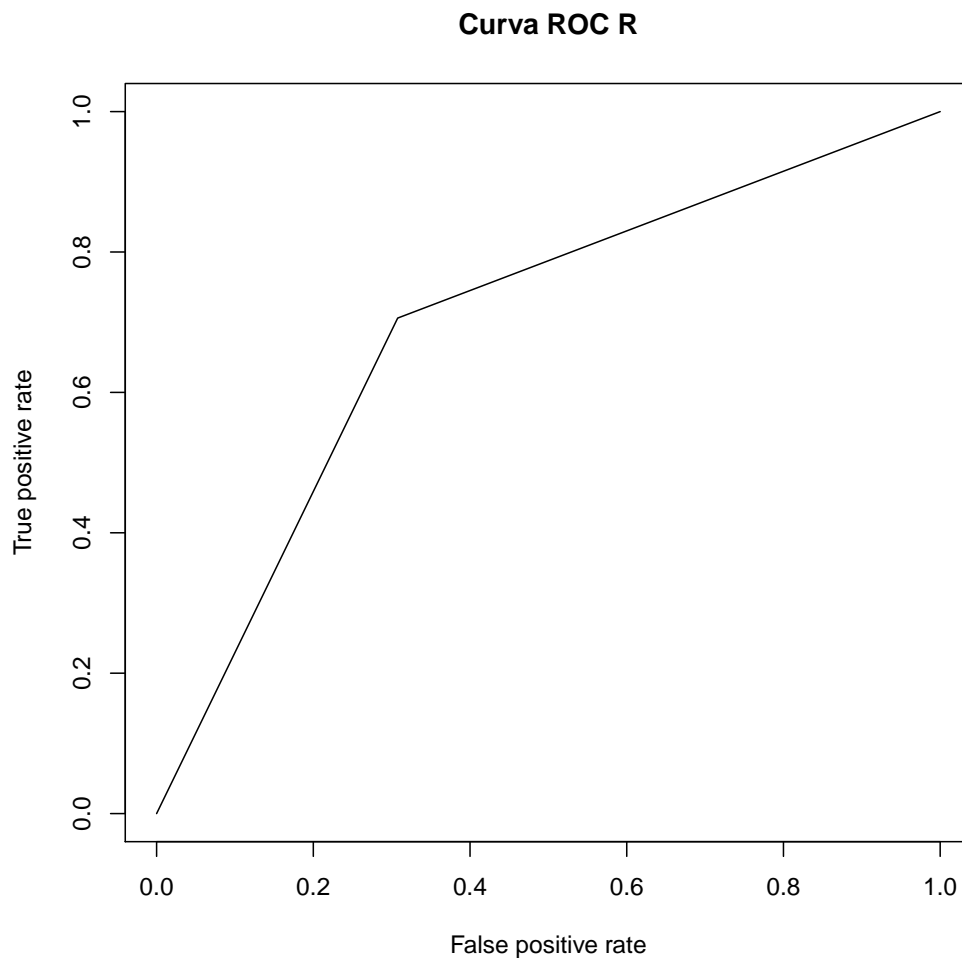


Fig. 19: ROC R.

```
1 suppressPackageStartupMessages (library (ROCR))
2 pred <- prediction (as.numeric (prd$class), as.numeric (test.trans$class))
3 rocs <- performance (pred, "tpr", "fpr")
4
5 pdf ("../images/roc.pdf")
6 plot(rocs)
7 title ('Curva ROC R')
8 dev.off ()
9
10 auc_ROCR <- performance(pred, measure = "auc")
11 auc_ROCR@y.values[[1]]
```

Listing 47: Código R para generar la curva ROC y la AUC.