

Sistemas de Información y Telemedicina. *

Marta Girones Sanguesa

Silvia Marset Gomis

Ignacio Amat Hernández

Sofía Gutiérrez Santamaría

January 3, 2020

Contents

Sección	Página
1 Preámbulo	4
2 Histogramas	5
3 Kernel Density	7
4 Boxplot	9
5 QQplot	11
6 Corrplot	13
7 Filter Methods	17
8 Wrapper Methods	19
9 PCA	22
9.1 Pareto	22
9.2 Biplot	24
10 Modelos de Clasificación	26
10.1 Clasificación Lineal	26
10.2 Clasificación Cuadrática	28
10.3 Clasificación KNN	30
11 Postámbulo	32

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

11.1 Comparación <i>LDA</i> , <i>QDA</i> , <i>KNN</i> R.	32
11.2 Puntuación <i>knn</i> vs. número de vecinos.	33
11.3 <i>Benchmarking</i>	34

List of Figures

1 Histogramas Python para datos con y sin anomalías.	5
2 Histogramas R para datos con anomalías.	6
3 Kernel Density para datos con y sin anomalías.	7
4 Gráficos de densidad R.	8
5 Boxplots Python para datos con y sin anomalías.	9
6 Boxplots R para datos con anomalías.	10
7 QQplots Python para datos con y sin anomalías.	11
8 QQplots R.	12
9 Corrplot Python para datos con anomalías.	13
10 Corrplot Python para datos sin anomalías.	14
11 Corrplot R para datos con anomalías.	15
12 Matriz de correlaciones en R.	16
13 Representación gráfica de la importancia de las variables seleccionadas por Boruta.	21
14 Diagrama de Pareto en Python y R.	23
15 Biplot Python.	24
16 Biplot R.	25
17 Comparación de mil evaluaciones de cada uno de los métodos de clasificación en R.	32
18 Rendimiento decreciente según aumenta el número de vecinos.	33

Listings

1 Importaciones iniciales y preparacion de datos en Python.	4
2 Importaciones iniciales y preparacion de datos en R.	4
3 Código Python generador de los histogramas con datos anómalos.	5
4 Código R generador de los histogramas con datos anómalos.	6
5 Código Python generador de los kernel density plots con datos anómalos.	7
6 Código R generador de los density plots.	8
7 Código Python generador de los boxplots con datos anómalos.	9
8 Código R generador de los boxplots con datos anómalos.	10
9 Código Python generador de los QQplots con datos anómalos.	11
10 Código R generador de los QQplots.	12
11 Código Python generador de los corrplots con datos anómalos.	13

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

1 Preámbulo

```
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.

2 Histogramas

En este apartado dibujamos los histogramas comparativos.

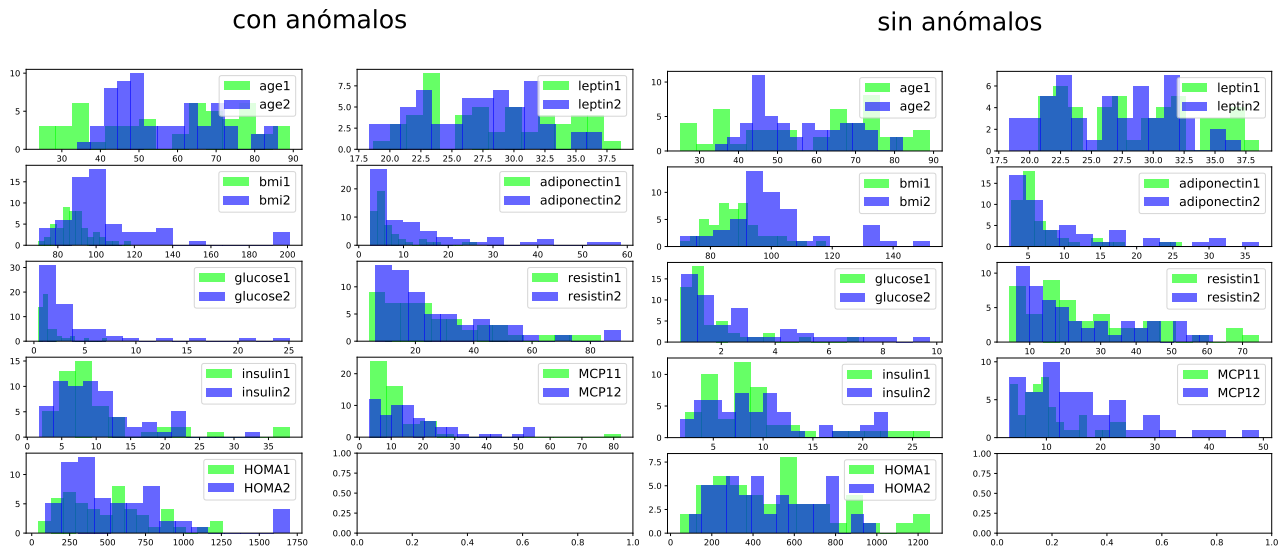


Fig. 1: Histogramas Python para datos con y sin anomalías.

```

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,  α )← 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 3: Código Python generador de los histogramas con datos anómalos.

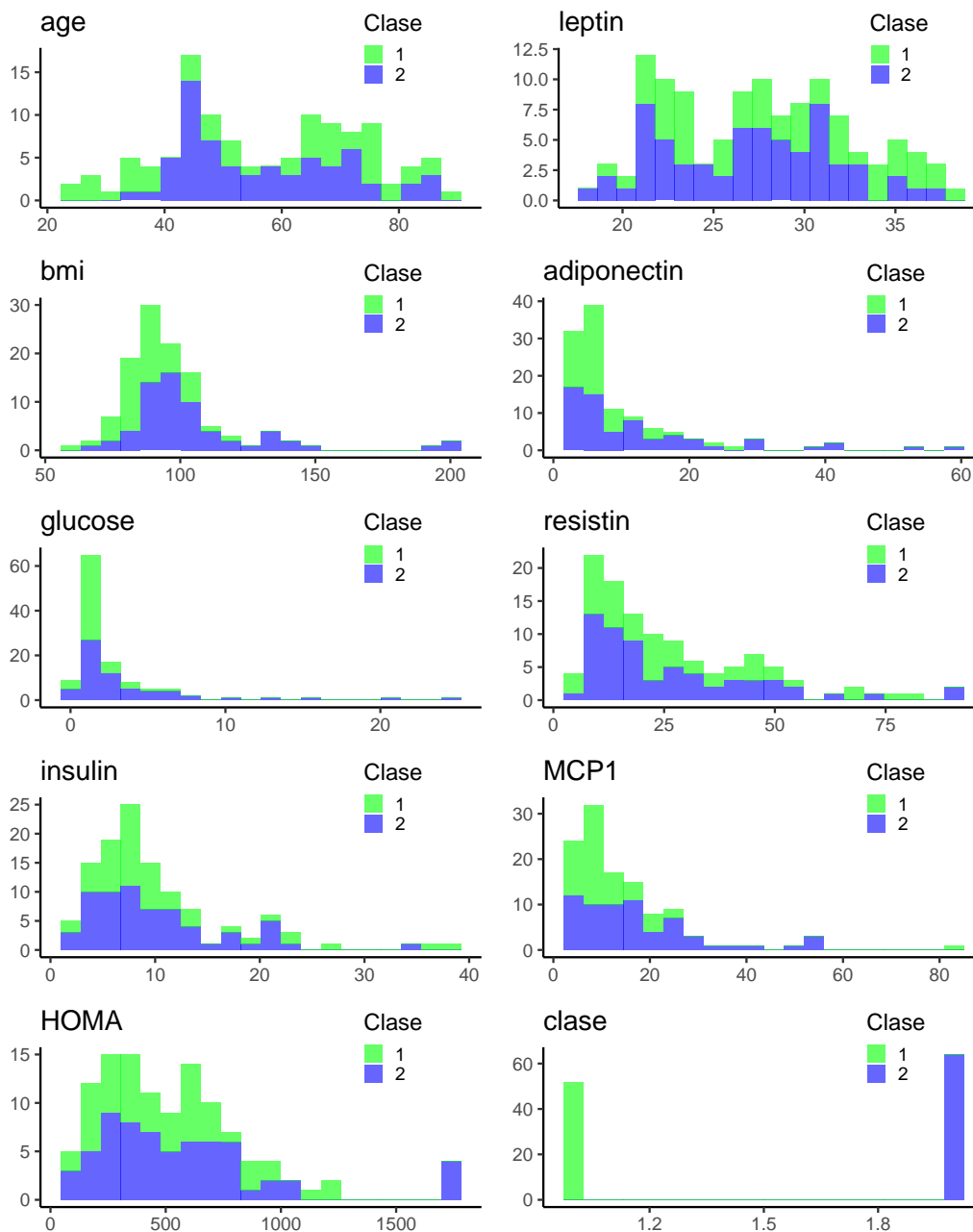


Fig. 2: Histogramas R para datos con anomalías.

```

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 4: Código R generador de los histogramas con datos anómalos.

3 Kernel Density

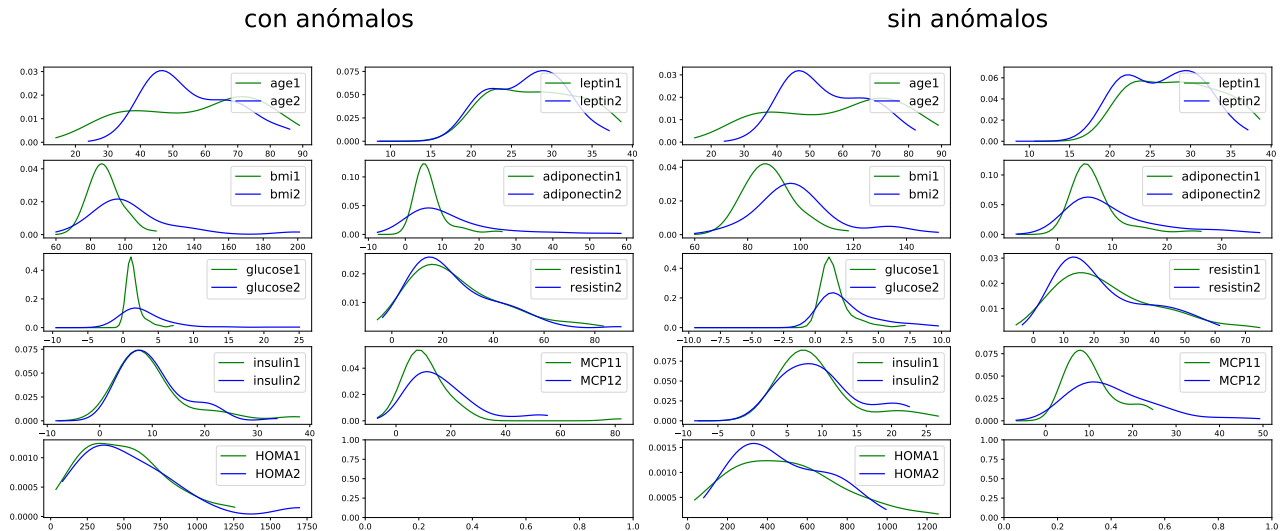


Fig. 3: Kernel Density para datos con y sin anomalias.

```

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

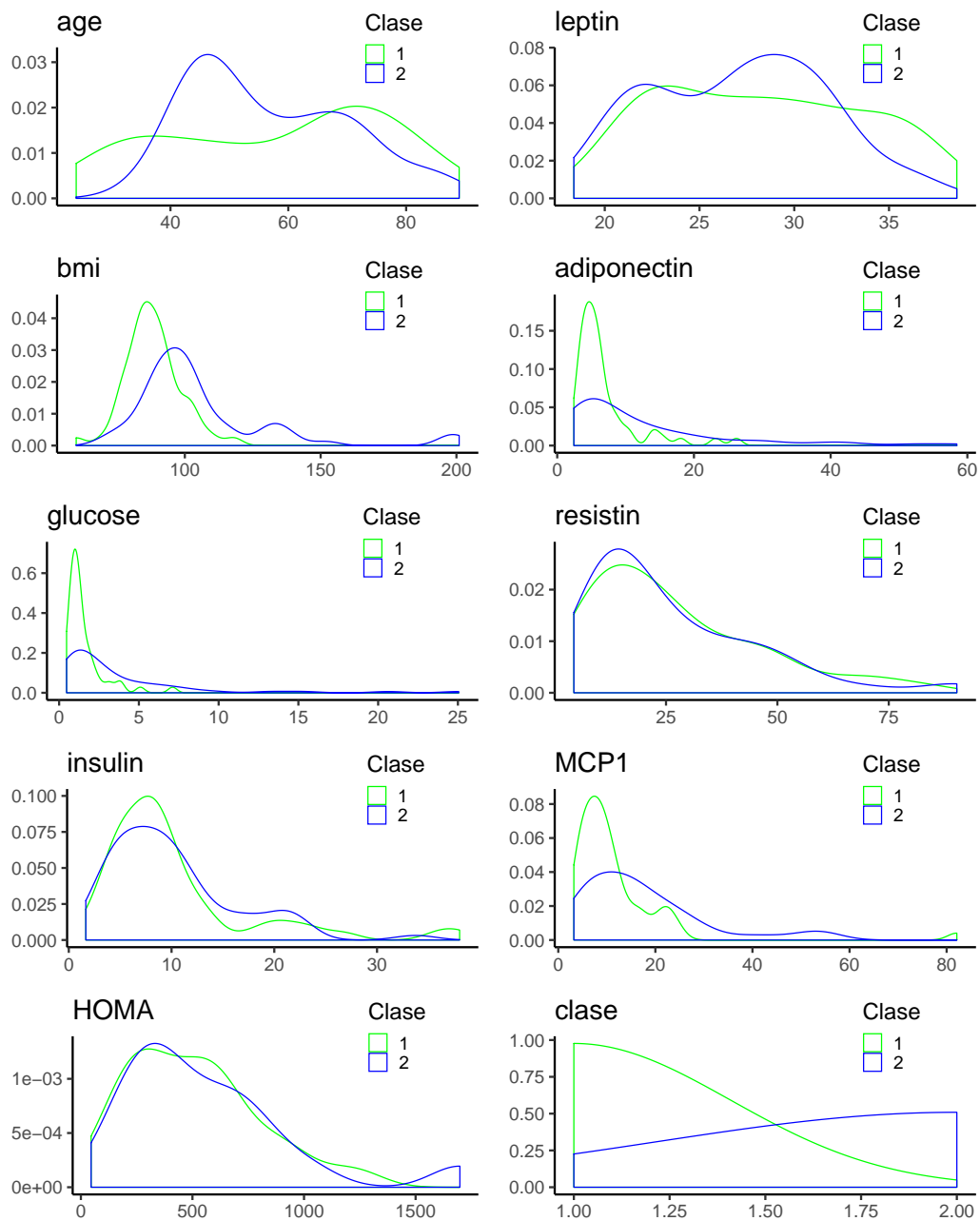


Fig. 4: Gráficos de densidad R.

```

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 6: Código R generador de los density plots.

4 Boxplot

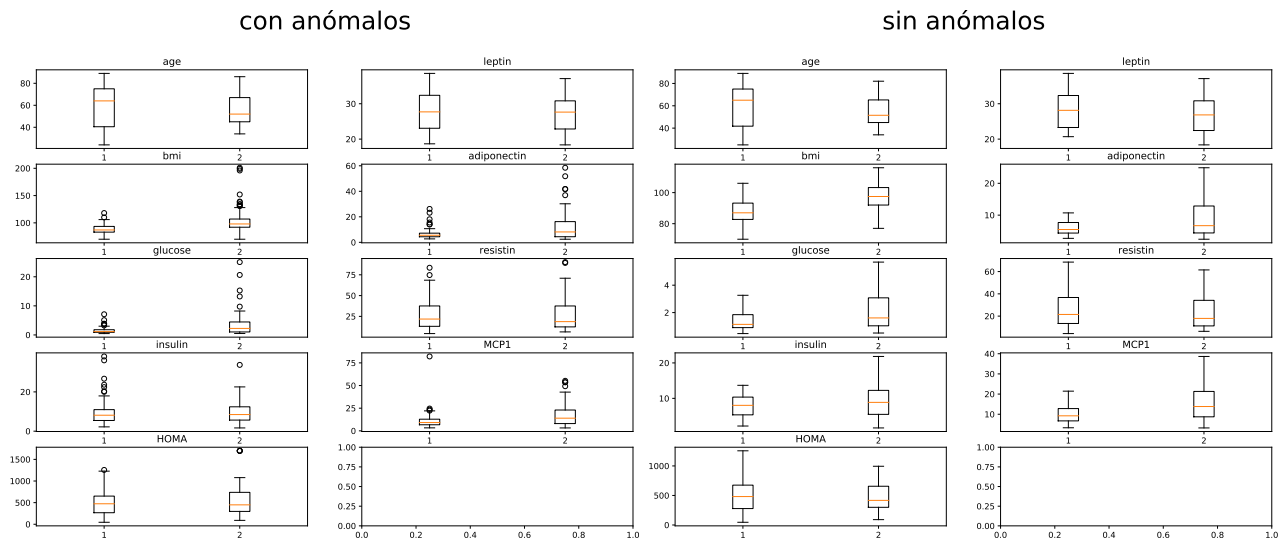


Fig. 5: Boxplots Python para datos con y sin anomalías.

```

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  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 7: Código Python generador de los boxplots con datos anómalos.

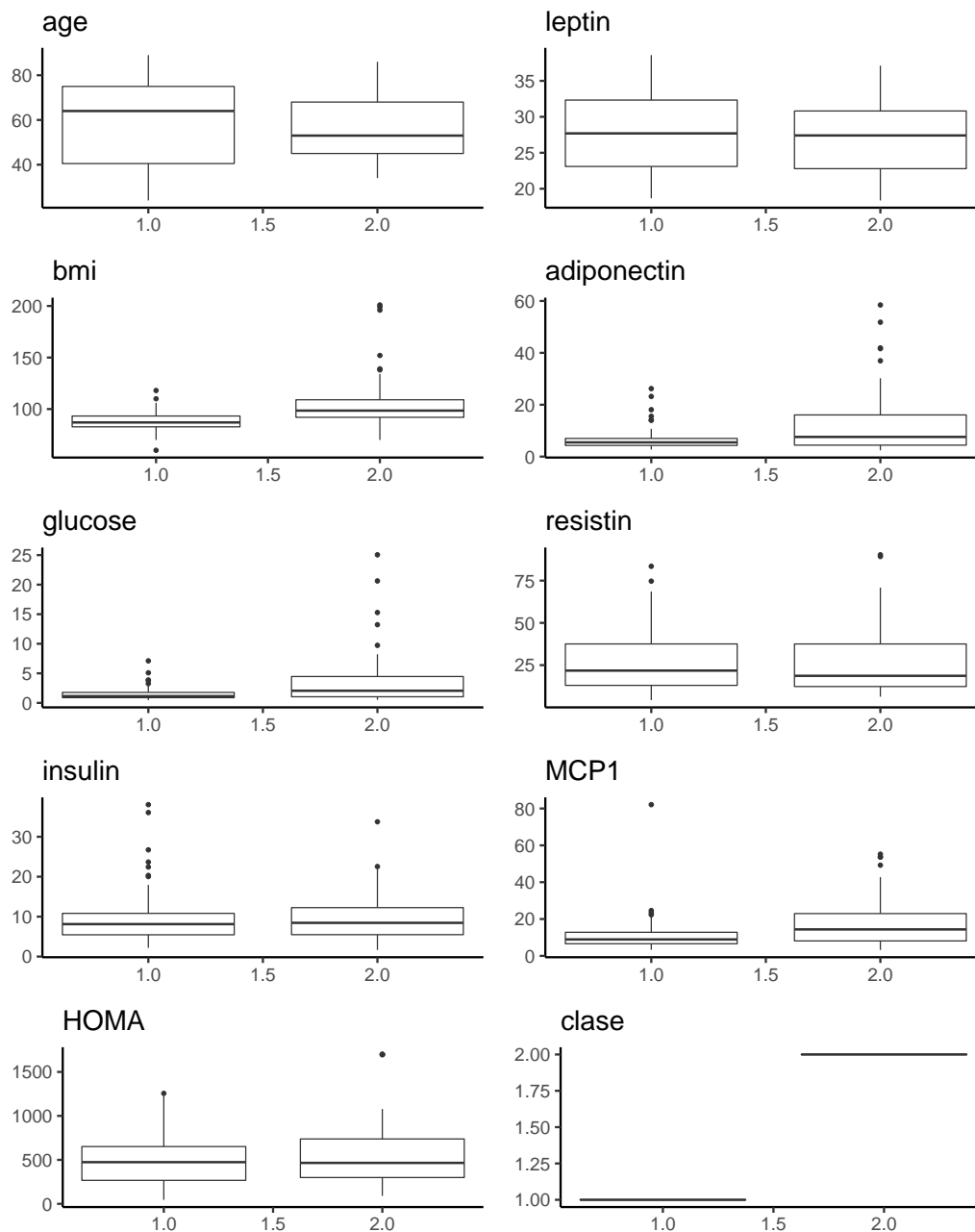


Fig. 6: Boxplots R para datos con anomalías.

```

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 8: Código R generador de los boxplots con datos anómalos.

5 QQplot

con anómalos

sin anómalos

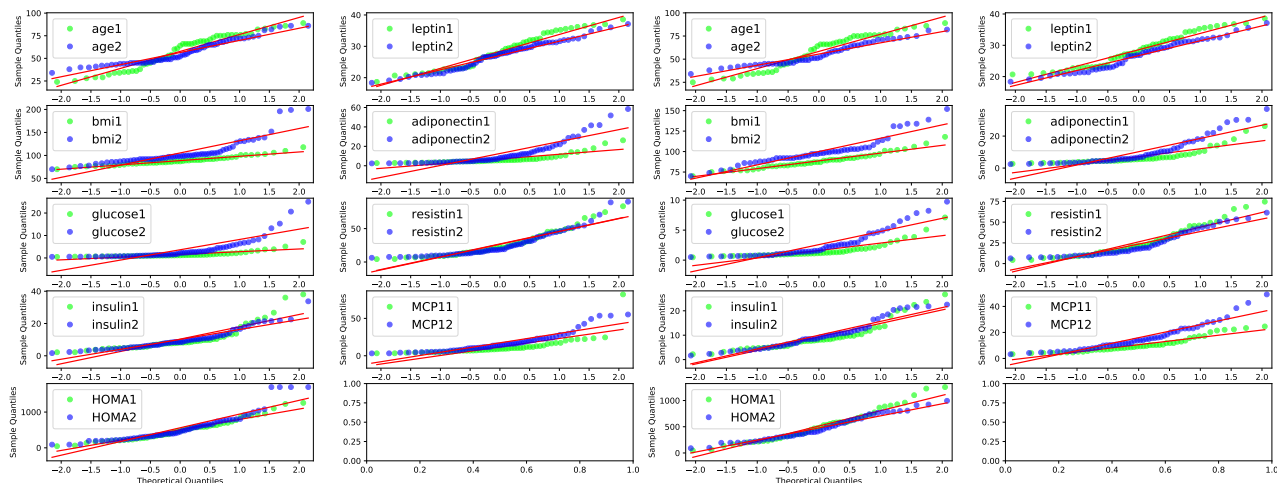


Fig. 7: QQplots Python para datos con y sin anomalías.

```

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, (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 anómalos', fontsize = 30)
20 fig.savefig ('../images/qqp.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)

```

Listing 9: Código Python generador de los QQplots con datos anómalos.

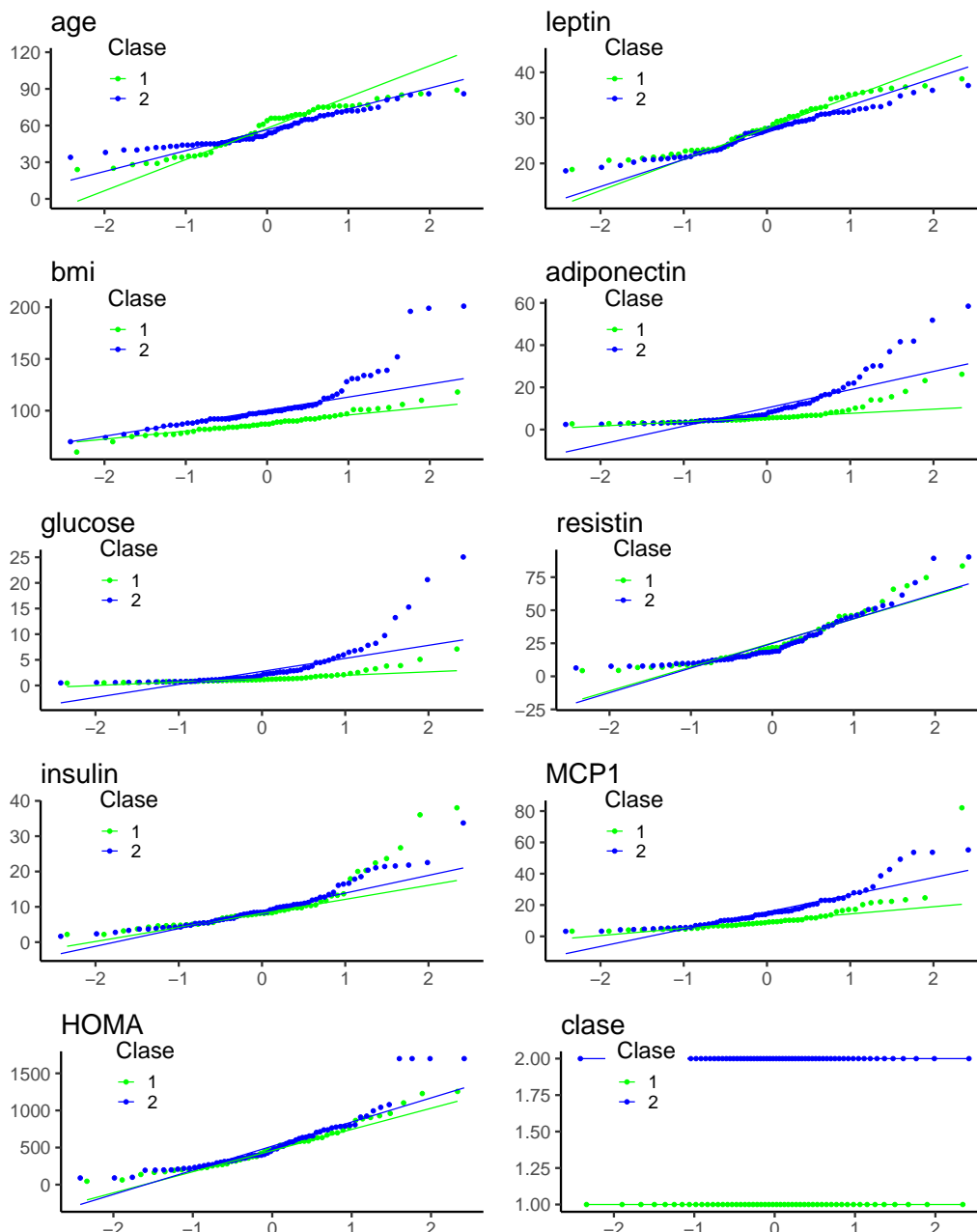


Fig. 8: QQplots R.

```

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 10: Código R generador de los QQplots.

6 Corrplot

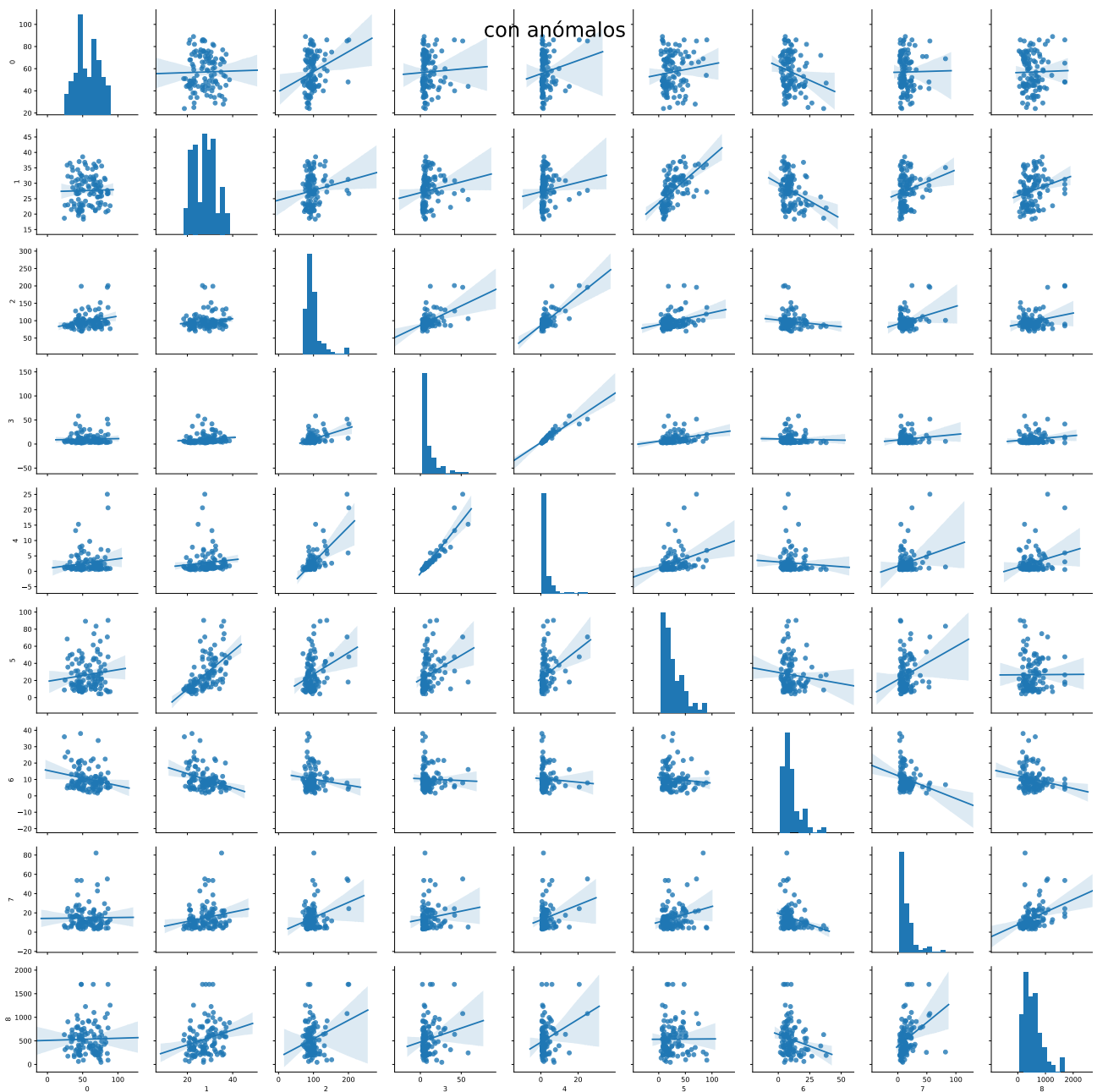


Fig. 9: Corrplot Python para datos con anomalías.

```

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 anómalos', fontsize = 30)
6 plt.savefig ('../images/corrp.pdf', bbox_inches = 'tight', pad_inches = 0)

```

Listing 11: Código Python generador de los corrplots con datos anómalos.

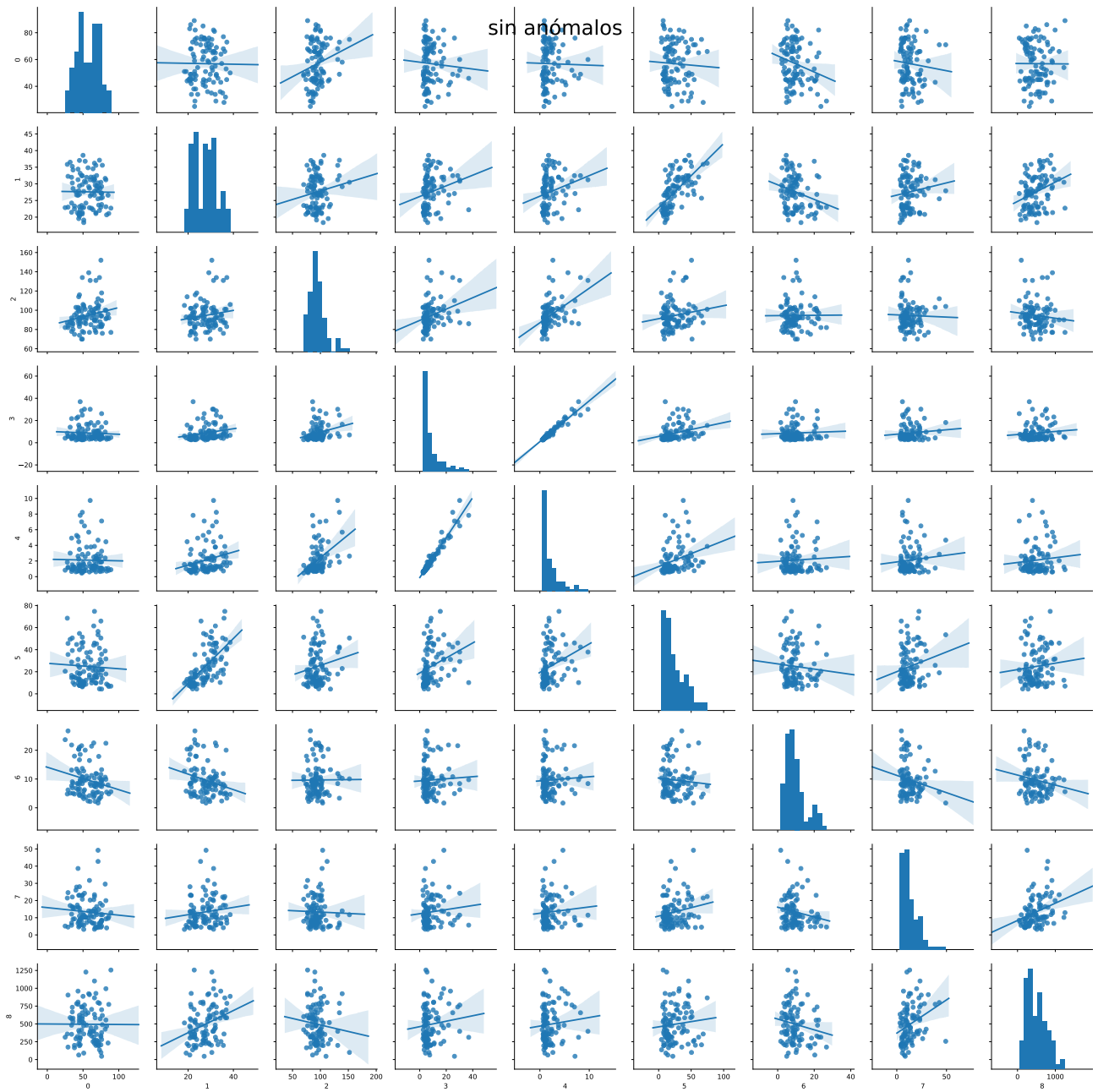


Fig. 10: Corrplot Python para datos sin anomalías.

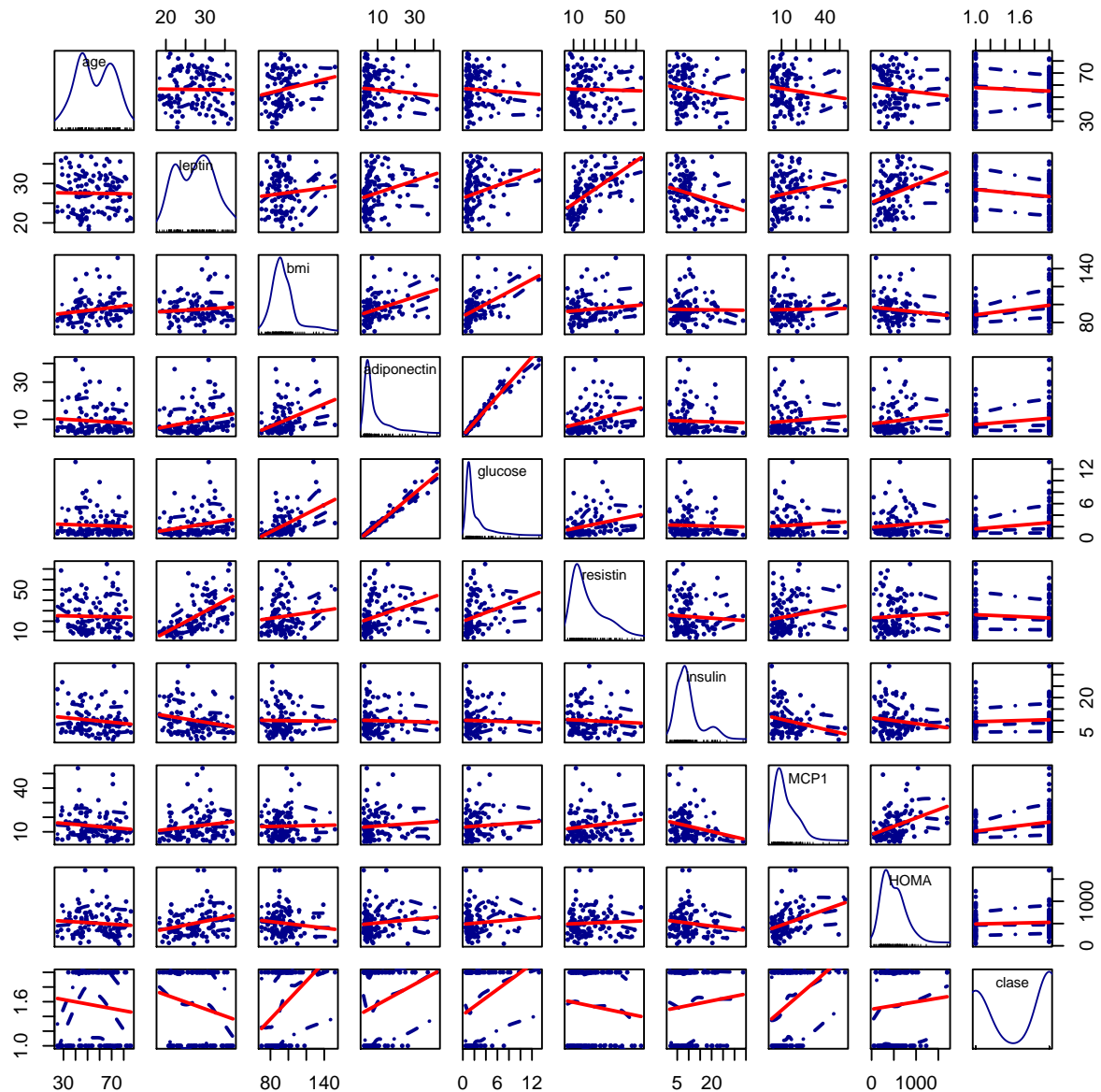


Fig. 11: Corrplot R para datos con anomalías.

```

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 12: Código R generador de los corrplots.

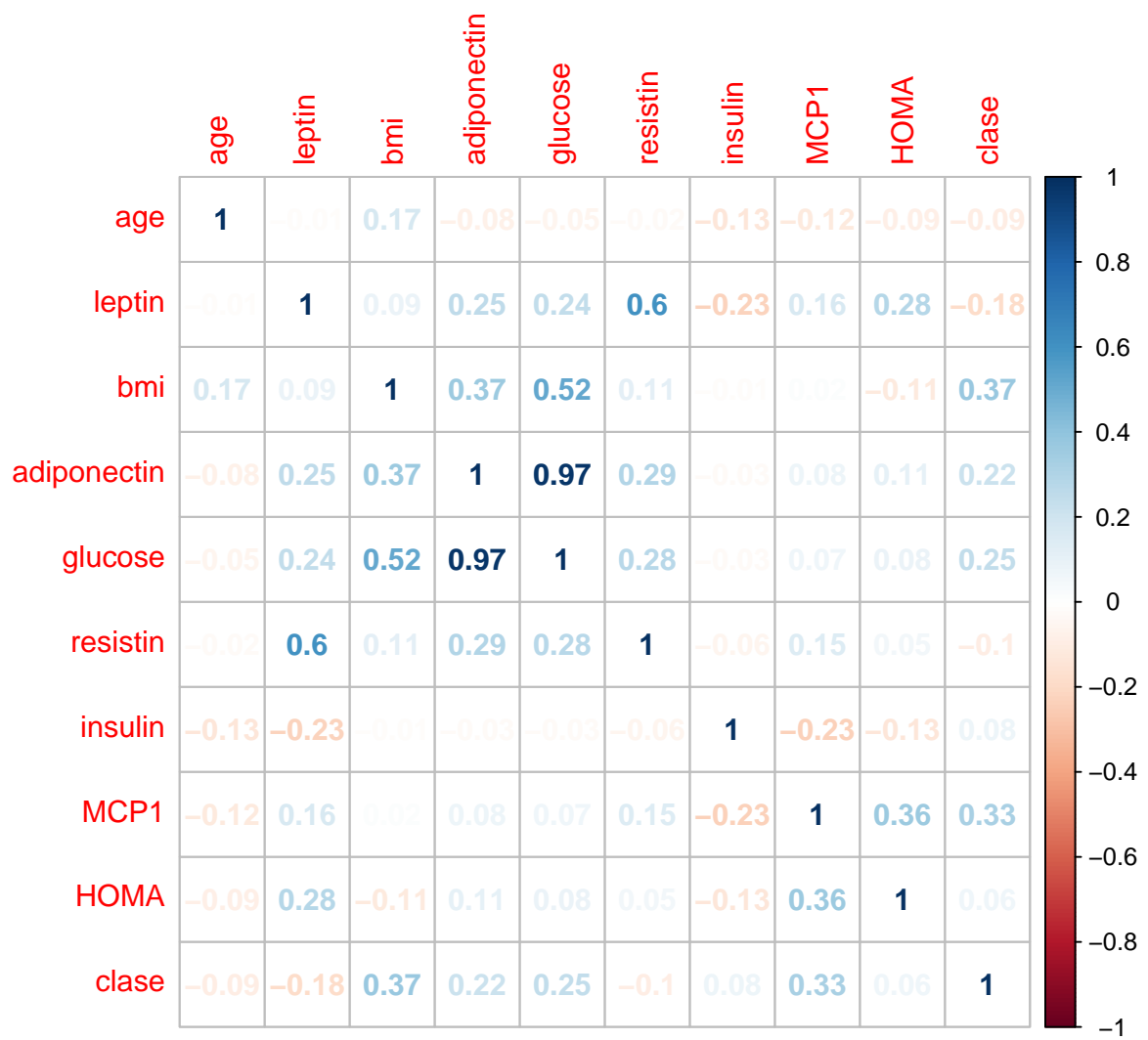


Fig. 12: Matriz de correlaciones en R.

7 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 13: 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 14: 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 15: Ranking de variables según distintos métodos en R.

8 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 16: 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 17: 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 18: 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 19: Método Boruta *wrapper* de Random Forest R.

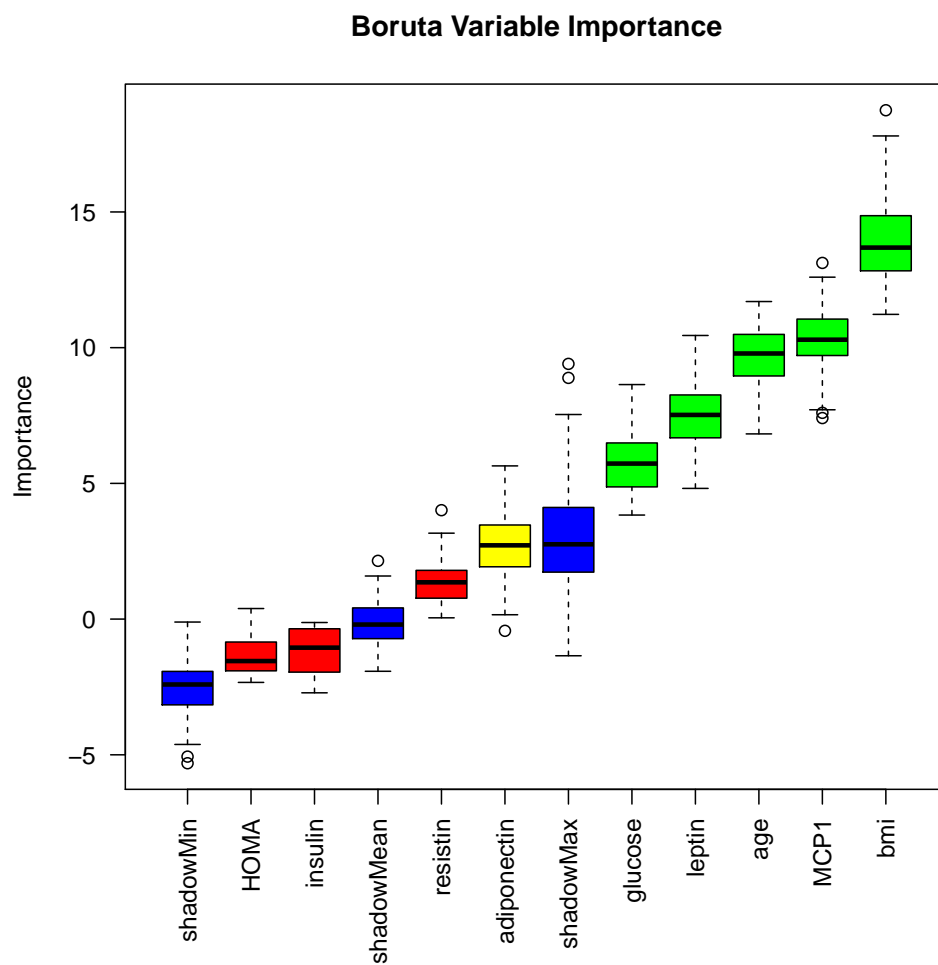


Fig. 13: Representación gráfica de la importancia de las variables seleccionadas por Boruta.

9 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 20: *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 21: Varianza explicada por componente y suma acumulada Python.

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

Listing 22: *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 23: Varianza explicada por componente y suma acumulada R.

9.1 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 24: 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 25: Código generador del diagrama de Pareto en R.

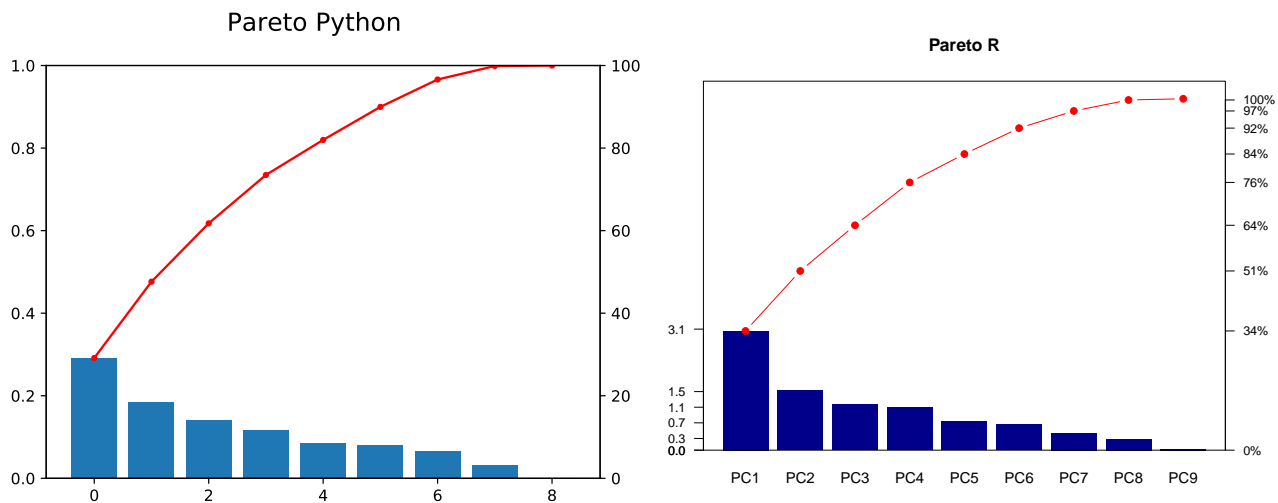


Fig. 14: Diagrama de Pareto en Python y R.

9.2 Biplot

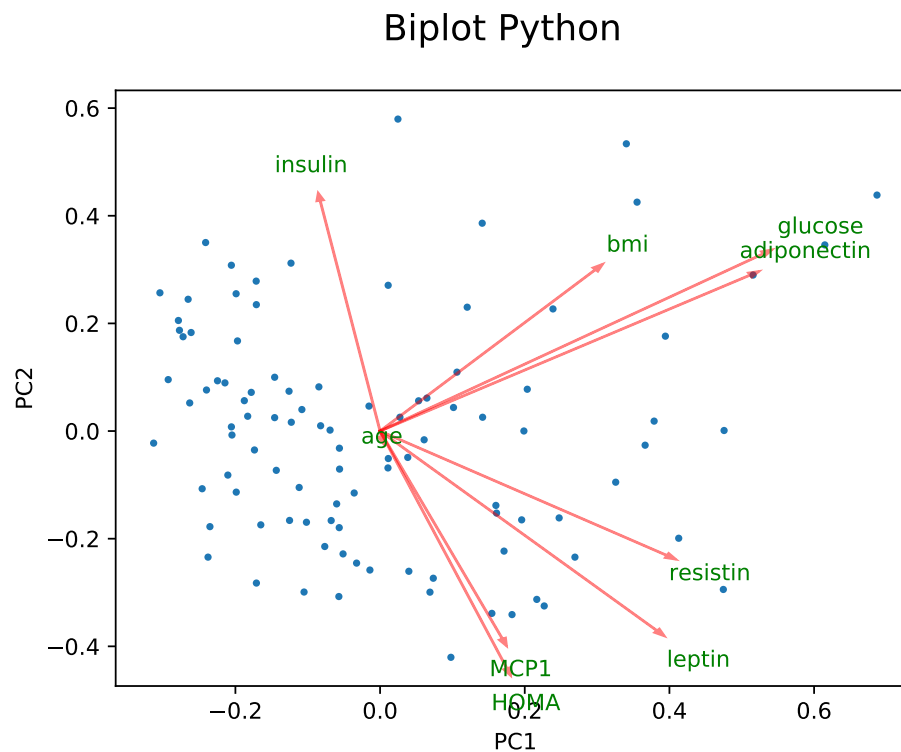


Fig. 15: Biplot Python.

```
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 26: Código generador del Biplot en Python.

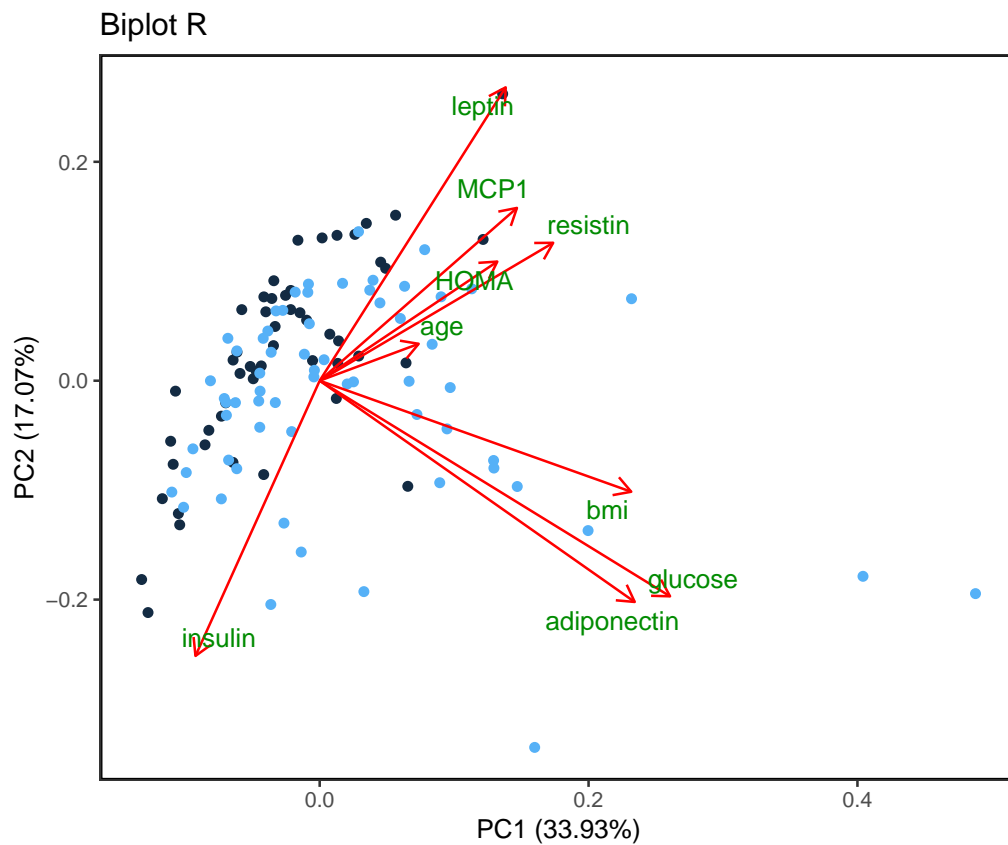


Fig. 16: Biplot R.

```

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 27: Código generador del Biplot en R.

10 Modelos de Clasificación

10.1 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 28: 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 29: 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 30: 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 31: R puntuación de mil evaluaciones.

10.2 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 32: 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 33: 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 34: 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 35: R puntuación de mil evaluaciones.

10.3 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 36: 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 37: 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 38: R *K nearest neighbours*.

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

Listing 39: R puntuación de mil evaluaciones.

11 Postámbulo

11.1 Comparación *LDA*, *QDA*, *KNN* R.

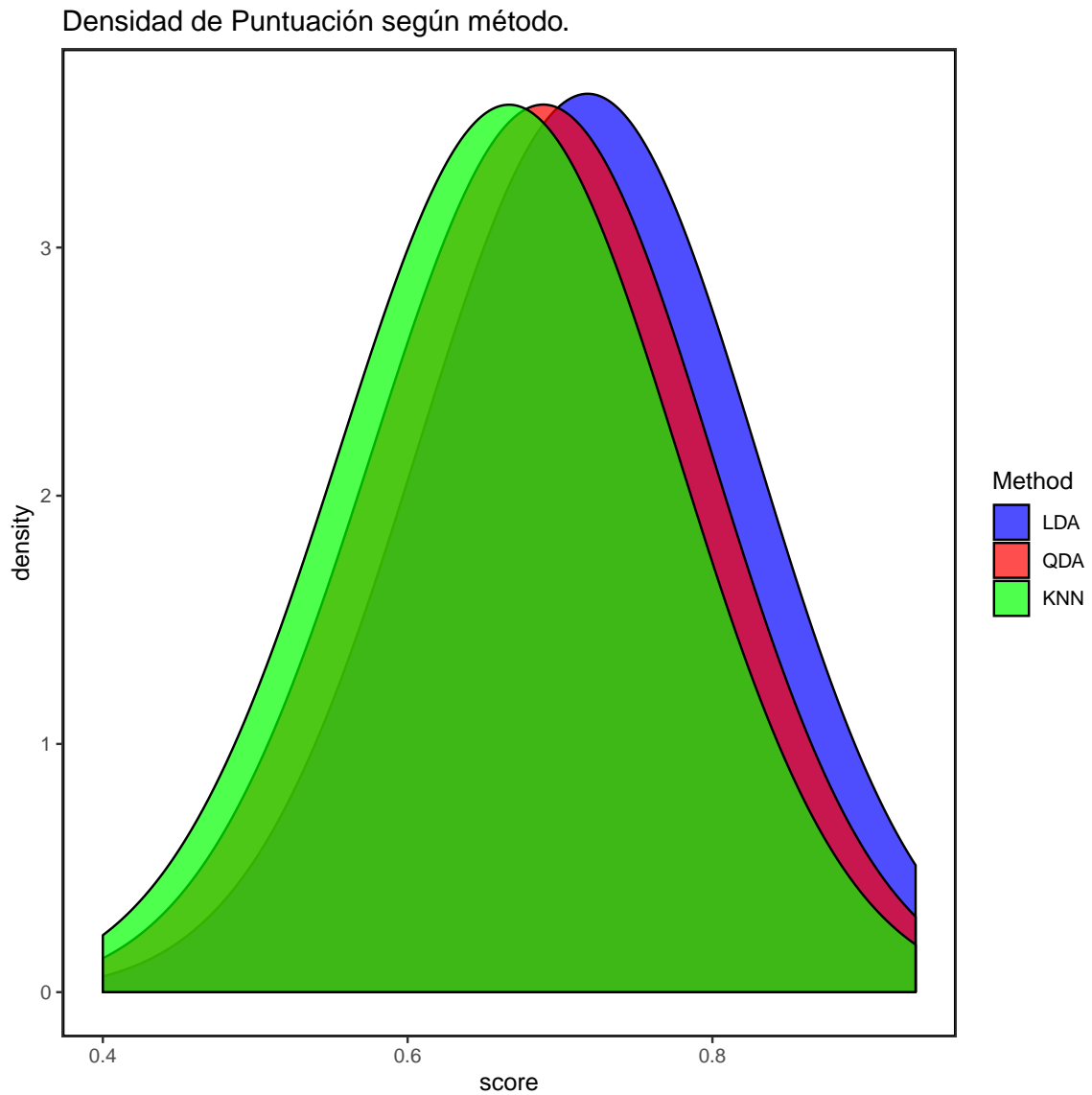


Fig. 17: Comparación de mil evaluaciones de cada uno de los métodos de clasificación en R.

11.2 Puntuación *knn* vs. número de vecinos.

Puntuación vs. Vecinos

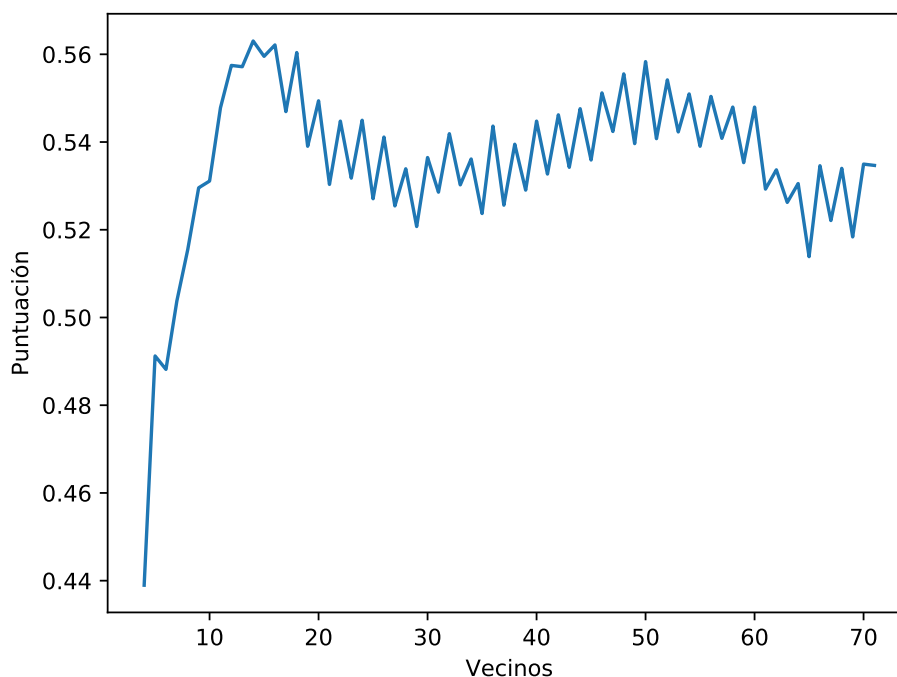


Fig. 18: Rendimiento decreciente según aumenta el número de vecinos.

```
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 40: Evolución de puntuación según número de vecinos.

11.3 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 41: Código R para evaluar el tiempo de ejecución.

```

1      test replications elapsed relative user.self sys.self
2 1 1 load           1000   4.803    8.486     4.712    0.090
3 2 2 part           1000  13.267   23.440    13.201    0.061
4 3 3 lda            1000   3.359    5.935     3.346    0.013
5 4 4 qda            1000   3.480    6.148     3.455    0.025
6 5 5 knn            1000   0.566    1.000     0.562    0.004

```

Listing 42: Tiempo de ejecución en R.