

# Ayudantía Métricas de Desempeño - Python

## Natalie Julian

La base de datos corazón contiene datos de un estudio realizado a residentes de la ciudad de Framingham en Massachusetts. El objetivo de la clasificación es predecir si el paciente tiene un riesgo padecer una enfermedad coronaria futura.

Los atributos registrados en cada residente se describen a continuación:

- male: indica si el sexo es masculino o no
- age: edad del paciente (en años)
- currentSmoker: si el paciente fuma o no
- cigsPerDay: la cantidad de cigarrillos que la persona fumó en promedio en un día
- BPMeds: si el paciente estaba o no tomando medicación para la presión arterial
- prevalentStroke: si el paciente había tenido previamente un accidente cerebrovascular o no
- prevalentHyp: si el paciente era hipertenso o no
- diabetes: si el paciente tenía diabetes o no
- totChol: nivel de colesterol total
- sysBP: presión arterial sistólica
- diaBP: presión arterial diastólica
- BMI: índice de masa corporal
- heartRate: frecuencia cardíaca
- glucose: nivel de glucosa
- TenYearCHD: Padebió de enfermedad coronaria dentro de los próximos 10 años del estudio (0 No, 1 sí)

**a) Cargue la base de datos. Determine qué variables son numéricas (continuas o discretas) y cuáles son categóricas. ¿Hay alguna variable que necesite tratamiento? Realice el cambio que estime pertinente. ¿De qué naturaleza es la variable respuesta? ¿Nos encontramos en un problema de clasificación o de regresión? Discuta.**

In [519...

```
import pandas as pd

df = pd.read_csv('corazon.csv', delimiter=";")

df.head(200)
```

Out[519...

	male	age	currentSmoker	cigsPerDay	BPMeds	prevalentStroke	prevalentHyp	diabetes	totChol
0	1	39	0	0.0	0.0	0	0	0	195.0
1	0	46	0	0.0	0.0	0	0	0	250.0
2	1	48	1	20.0	0.0	0	0	0	245.0
3	0	61	1	30.0	0.0	0	1	0	225.0

	male	age	currentSmoker	cigsPerDay	BPMeds	prevalentStroke	prevalentHyp	diabetes	totChol
<b>4</b>	0	46	1	23.0	0.0	0	0	0	285.0
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
<b>195</b>	0	49	1	9.0	0.0	0	0	0	226.0
<b>196</b>	1	48	1	10.0	0.0	0	0	0	308.0
<b>197</b>	0	55	1	9.0	0.0	0	0	0	248.0
<b>198</b>	0	58	1	5.0	0.0	0	0	0	215.0
<b>199</b>	1	60	0	0.0	0.0	0	0	0	240.0

200 rows × 15 columns



In [520...] `df.tail()`

	male	age	currentSmoker	cigsPerDay	BPMeds	prevalentStroke	prevalentHyp	diabetes	totChol
<b>4233</b>	1	50	1	1.0	0.0	0	1	0	313.
<b>4234</b>	1	51	1	43.0	0.0	0	0	0	207.
<b>4235</b>	0	48	1	20.0	NaN	0	0	0	248.
<b>4236</b>	0	44	1	15.0	0.0	0	0	0	210.
<b>4237</b>	0	52	0	0.0	0.0	0	0	0	269.



La naturaleza de las variables se describe a continuación:

- male: indica si el sexo es masculino o no (categórica binaria)
- age: edad del paciente (en años) (numérica, continua por definición aunque está discretizada en la base de datos)
- currentSmoker: si el paciente fuma o no (categórica binaria)
- cigsPerDay: la cantidad de cigarrillos que la persona fumó en promedio en un día (numérica discretas)
- BPMeds: si el paciente estaba o no tomando medicación para la presión arterial (categórica binaria)
- prevalentStroke: si el paciente había tenido previamente un accidente cerebrovascular o no (categórica binaria)
- prevalentHyp: si el paciente era hipertenso o no (categórica binaria)
- diabetes: si el paciente tenía diabetes o no (categórica binaria)
- totChol: nivel de colesterol total (numérica, continua por definición aunque está discretizada en la base de datos)
- sysBP: presión arterial sistólica (numérica continua)
- diaBP: presión arterial diastólica (numérica continua)
- BMI: índice de masa corporal (numérica continua)
- heartRate: frecuencia cardíaca (numérica discreta)

- glucose: nivel de glucosa (numérica, continua por definición aunque está discretizada en la base de datos)
- TenYearCHD: Padeció de enfermedad coronaria dentro de los próximos 10 años del estudio (0 No, 1 sí) (categórica binaria)

Notar que todas las variables categóricas son binarias y además, están codificadas como 1 y 0, por lo tanto no es necesario recodificarlas como dummies.

**b) Determine si existen o no datos faltantes, visualice la proporción de datos faltantes en la base de datos. ¿En qué variable hay mayor cantidad de datos faltantes? ¿Qué haría en este caso con los casos con datos faltantes? Discuta.**

```
In [521... df.shape #dimensiones de la bbdd
```

```
Out[521... (4238, 15)
```

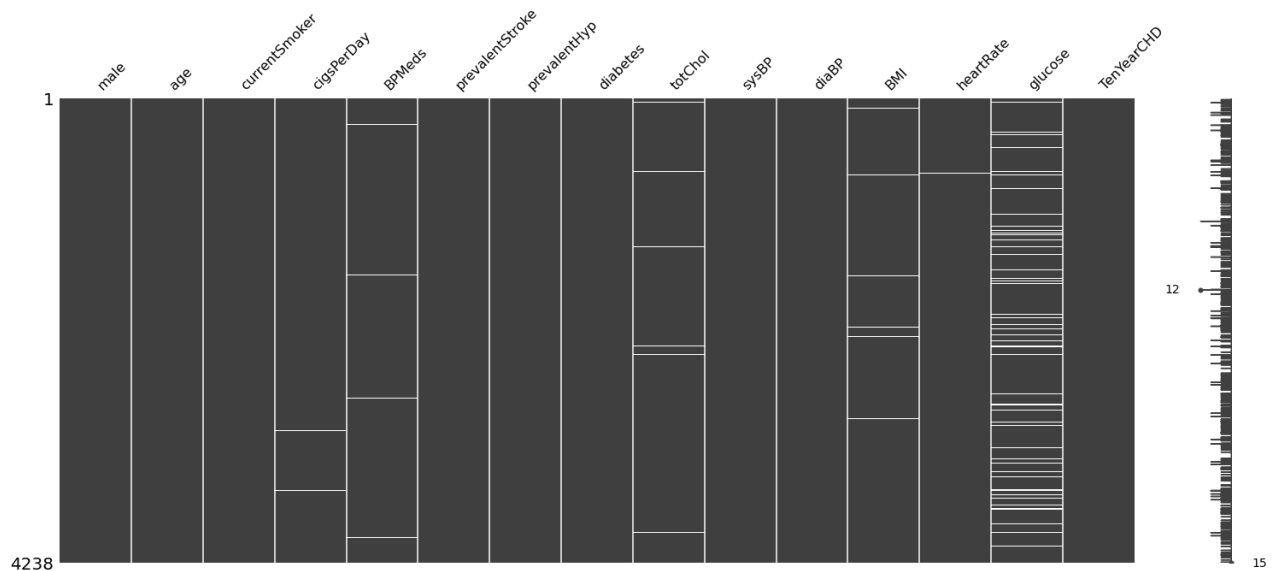
```
In [522... df.info() #claramente hay datos faltantes en algunas variables, cigsPerDay, BPMeds, tot
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 4238 entries, 0 to 4237
Data columns (total 15 columns):
#   Column                Non-Null Count  Dtype
---  -
0   male                  4238 non-null   int64
1   age                   4238 non-null   int64
2   currentSmoker         4238 non-null   int64
3   cigsPerDay            4209 non-null   float64
4   BPMeds                4185 non-null   float64
5   prevalentStroke       4238 non-null   int64
6   prevalentHyp          4238 non-null   int64
7   diabetes              4238 non-null   int64
8   totChol               4188 non-null   float64
9   sysBP                 4238 non-null   float64
10  diaBP                 4238 non-null   float64
11  BMI                   4219 non-null   float64
12  heartRate             4237 non-null   float64
13  glucose               3850 non-null   float64
14  TenYearCHD            4238 non-null   int64
dtypes: float64(8), int64(7)
memory usage: 496.8 KB
```

```
In [523... #para instalar missingno
#conda install -c conda-forge/label/gcc7 missingno
```

```
In [524... import missingno as msngo
msngo.matrix(df)
```

```
Out[524... <AxesSubplot:>
```



Vemos que en la variable glucose es donde predominan los datos faltantes. Una opción: Eliminar la columna glucosa y luego eliminar los registros con algún atributo faltante. Sin embargo, la información de glucosa la perderíamos. Otra opción: imputar los casos faltantes, pero esto no es tan trivial y se requiere conocimiento de técnicas de imputación. La opción que tomaremos: eliminar los registros con algún caso faltante.

```
In [525... df = df.dropna()
```

```
In [526... df.shape
```

```
Out[526... (3749, 15)
```

**c) Defina la matriz de variables predictoras X e Y vector de la variable respuesta de manera apropiada, además estandarice X. Obtenga un set de datos de entrenamiento y prueba en proporción 1:4. Utilice una semilla 2020 para este procedimiento. ¿Cómo se distribuyen los residentes con enfermedad de corazón en los distintos set? ¿Qué caso debería ser más fácil de predecir para el modelo en base a los datos? Comente.**

```
In [527... X=df.drop('TenYearCHD', axis=1)
```

```
In [528... df.drop('TenYearCHD', axis=1).columns
```

```
Out[528... Index(['male', 'age', 'currentSmoker', 'cigsPerDay', 'BPMeds',
        'prevalentStroke', 'prevalentHyp', 'diabetes', 'totChol', 'sysBP',
        'diaBP', 'BMI', 'heartRate', 'glucose'],
        dtype='object')
```

```
In [529... from sklearn.preprocessing import StandardScaler #estandariza

sc = StandardScaler()
X_stand = sc.fit_transform(X[['cigsPerDay', 'age', 'totChol', 'sysBP', 'diaBP', 'BMI',
                               'diabetes', 'prevalentHyp', 'prevalentStroke', 'heartRate', 'glucose']])

X_stand = pd.DataFrame(X_stand, columns = X[['cigsPerDay', 'age', 'totChol', 'sysBP', 'diaBP', 'BMI',
                                              'diabetes', 'prevalentHyp', 'prevalentStroke', 'heartRate', 'glucose']])

print(X_stand)
```

	cigsPerDay	age	totChol	sysBP	diaBP	BMI	heartRate	\
0	-0.755427	-1.234664	-0.940551	-1.195789	-1.083977	0.285424	0.359319	
1	-0.755427	-0.417687	0.292509	-0.515486	-0.162065	0.718351	1.613902	
2	0.922305	-0.184266	0.180413	-0.220689	-0.245875	-0.115525	-0.058875	
3	1.761172	1.332976	-0.267973	0.799765	1.011277	0.681454	-0.895264	
4	1.173965	-0.417687	1.077184	-0.107305	0.089365	-0.666523	0.777513	
...	...	...	...	...	...	...	...	
3744	-0.755427	0.982843	-1.119905	0.391584	-0.162065	-0.208998	0.359319	
3745	-0.755427	2.149953	-1.366518	1.616129	1.178897	-0.656684	-1.313458	
3746	-0.671541	0.049156	1.704924	2.115017	0.759847	0.039443	-0.811625	
3747	2.851698	0.165867	-0.671520	-0.266042	-0.245875	-1.500399	-0.895264	
3748	-0.755427	0.282578	0.718475	0.051433	0.005555	-1.067472	0.359319	

	glucose
0	-0.204446
1	-0.246314
2	-0.497519
3	0.884110
4	0.130494
...	...
3744	-0.036976
3745	-0.120711
3746	0.172362
3747	-0.581254
3748	1.051580

[3749 rows x 8 columns]

```
In [530... X_cat=X[['male', 'currentSmoker', 'BPMeds','diabetes', 'prevalentStroke', 'prevalentHyp
X_cat.reset_index(drop=True, inplace=True)
print(X_cat)
```

	male	currentSmoker	BPMeds	diabetes	prevalentStroke	prevalentHyp
0	1	0	0.0	0	0	0
1	0	0	0.0	0	0	0
2	1	1	0.0	0	0	0
3	0	1	0.0	0	0	1
4	0	1	0.0	0	0	0
...	...	...	...	...	...	...
3744	1	0	0.0	0	0	1
3745	1	0	0.0	0	0	1
3746	1	1	0.0	0	0	1
3747	1	1	0.0	0	0	0
3748	0	0	0.0	0	0	0

[3749 rows x 6 columns]

```
In [531... X=pd.concat([X_cat,X_stand], axis=1)
print(X)
```

	male	currentSmoker	BPMeds	diabetes	prevalentStroke	prevalentHyp	\
0	1	0	0.0	0	0	0	
1	0	0	0.0	0	0	0	
2	1	1	0.0	0	0	0	
3	0	1	0.0	0	0	1	
4	0	1	0.0	0	0	0	
...	...	...	...	...	...	...	
3744	1	0	0.0	0	0	1	
3745	1	0	0.0	0	0	1	
3746	1	1	0.0	0	0	1	
3747	1	1	0.0	0	0	0	

```

3748      0      0      0.0      0      0      0
      cigsPerDay      age      totChol      sysBP      diaBP      BMI      heartRate \
0      -0.755427 -1.234664 -0.940551 -1.195789 -1.083977 0.285424 0.359319
1      -0.755427 -0.417687 0.292509 -0.515486 -0.162065 0.718351 1.613902
2      0.922305 -0.184266 0.180413 -0.220689 -0.245875 -0.115525 -0.058875
3      1.761172 1.332976 -0.267973 0.799765 1.011277 0.681454 -0.895264
4      1.173965 -0.417687 1.077184 -0.107305 0.089365 -0.666523 0.777513
...      ...      ...      ...      ...      ...      ...
3744      -0.755427 0.982843 -1.119905 0.391584 -0.162065 -0.208998 0.359319
3745      -0.755427 2.149953 -1.366518 1.616129 1.178897 -0.656684 -1.313458
3746      -0.671541 0.049156 1.704924 2.115017 0.759847 0.039443 -0.811625
3747      2.851698 0.165867 -0.671520 -0.266042 -0.245875 -1.500399 -0.895264
3748      -0.755427 0.282578 0.718475 0.051433 0.005555 -1.067472 0.359319

      glucose
0      -0.204446
1      -0.246314
2      -0.497519
3      0.884110
4      0.130494
...      ...
3744      -0.036976
3745      -0.120711
3746      0.172362
3747      -0.581254
3748      1.051580

[3749 rows x 14 columns]

```

In [532... `X.tail()`

Out[532... 

	male	currentSmoker	BPMeds	diabetes	prevalentStroke	prevalentHyp	cigsPerDay	age	
3744	1	0	0.0	0	0	1	-0.755427	0.982843	-1
3745	1	0	0.0	0	0	1	-0.755427	2.149953	-1
3746	1	1	0.0	0	0	1	-0.671541	0.049156	1
3747	1	1	0.0	0	0	0	2.851698	0.165867	-C
3748	0	0	0.0	0	0	0	-0.755427	0.282578	C

In [533... `y=df['TenYearCHD']`

In [534... 

```
from sklearn.model_selection import train_test_split

X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=2
```

In [535... 

```
X_train.reset_index(drop=True, inplace=True) #Drop resetea el índice al n° de fila, inp
X_test.reset_index(drop=True, inplace=True)
y_train.reset_index(drop=True, inplace=True)
y_test.reset_index(drop=True, inplace=True)
```

In [536... `print(pd.crosstab(index=y_train, columns="count") )`

```

col_0      count
TenYearCHD
0          2550
1           449

```

```
In [537... print(pd.crosstab(index=y_test, columns="count") )
```

```
col_0      count
TenYearCHD
0          627
1          123
```

Hay más casos de residentes que no presentaron enfermedad al corazón que los que sí, por ende, al modelo le debería costar más predecir los casos donde sí hubo enfermedad (ya que tiene menos datos con los que entrenar, aunque también va a depender de las variables y de cómo logren separar los distintos casos).

**d) Entrene un modelo de regresión logística, obtenga los parámetros asociados a cada variable, evalúe significancia de cada uno e intérpretelos. ¿Qué variables son factores de riesgo/factores protectores de padecer una enfermedad al corazón? Comente.**

Si queremos obtener resúmenes estadísticos como en R, con LogisticRegression de SKLearn, no es tan sencillo. Probaremos con el paquete statsmodels:

```
In [538... import statsmodels.api as sm
import statsmodels.formula.api as smf
```

```
In [539... explicativas = "+".join(df.drop('TenYearCHD', axis=1).columns) #necesitamos ingresarle
formula = 'TenYearCHD ~ '+explicativas

print(formula)
```

```
TenYearCHD ~ male+age+currentSmoker+cigsPerDay+BPMeds+prevalentStroke+prevalentHyp+diabetes+totChol+sysBP+diaBP+BMI+heartRate+glucose
```

```
In [540... #esta librería requiere solo una data, por lo que debemos unir y_train y X_train

data_train=pd.concat([y_train,X_train], axis=1)
data_train.head()
```

```
Out[540...   TenYearCHD  male  currentSmoker  BPMeds  diabetes  prevalentStroke  prevalentHyp  cigsPerDay
0            0     0                1     0.0         0                0                1     0.083439
1            0     1                1     0.0         0                0                1     1.761172
2            0     0                0     0.0         0                0                0    -0.755427
3            1     1                1     0.0         0                0                0     0.922305
4            1     0                0     0.0         0                0                1    -0.755427
```



```
In [541... lr_sns = smf.glm(formula, family=sm.families.Binomial(), data=data_train)
```

```
In [542... result = lr_sns.fit()
result.summary()
```

```
Out[542... Generalized Linear Model Regression Results

Dep. Variable:   TenYearCHD   No. Observations:   2999

Model:             GLM       Df Residuals:       2984
```

<b>Model Family:</b>	Binomial	<b>Df Model:</b>	14
<b>Link Function:</b>	logit	<b>Scale:</b>	1.0000
<b>Method:</b>	IRLS	<b>Log-Likelihood:</b>	-1116.4
<b>Date:</b>	Sat, 21 Aug 2021	<b>Deviance:</b>	2232.9
<b>Time:</b>	10:17:10	<b>Pearson chi2:</b>	3.00e+03
<b>No. Iterations:</b>	6		
<b>Covariance Type:</b>	nonrobust		

	<b>coef</b>	<b>std err</b>	<b>z</b>	<b>P&gt; z </b>	<b>[0.025</b>	<b>0.975]</b>
<b>Intercept</b>	-2.3282	0.135	-17.271	0.000	-2.592	-2.064
<b>male</b>	0.5107	0.121	4.231	0.000	0.274	0.747
<b>age</b>	0.5683	0.063	9.055	0.000	0.445	0.691
<b>currentSmoker</b>	0.0118	0.175	0.067	0.946	-0.331	0.355
<b>cigsPerDay</b>	0.2204	0.083	2.649	0.008	0.057	0.383
<b>BPMeds</b>	-0.0159	0.261	-0.061	0.952	-0.528	0.496
<b>prevalentStroke</b>	0.7163	0.523	1.368	0.171	-0.310	1.742
<b>prevalentHyp</b>	0.2309	0.154	1.504	0.133	-0.070	0.532
<b>diabetes</b>	0.1606	0.351	0.458	0.647	-0.527	0.848
<b>totChol</b>	0.0708	0.056	1.265	0.206	-0.039	0.181
<b>sysBP</b>	0.3127	0.092	3.394	0.001	0.132	0.493
<b>diaBP</b>	-0.0226	0.085	-0.266	0.791	-0.189	0.144
<b>BMI</b>	0.0424	0.057	0.738	0.460	-0.070	0.155
<b>heartRate</b>	-0.0383	0.056	-0.681	0.496	-0.148	0.072
<b>glucose</b>	0.1818	0.064	2.845	0.004	0.057	0.307

Las variables significativas en el modelo son:

- Edad
- cigsPerDay
- sysBP
- glucose

Además, podemos reconocer que las variables que se asocian con riesgo de padecer enfermedad al corazón serían todos aquellos que tienen un parámetro  $\beta$  asociado mayor a 0, entre estos, ser hombre, fumador, si el paciente tomaba medicación para presión arterial, si el paciente es hipertenso, mayor colesterol, mayor presión arterial diástolica, mayor frecuencia cardíaca, mayor glucosa.

**e) Obtenga la matriz de confusión del modelo utilizando como punto de corte 0.5 y calcule e interprete las siguientes métricas de**



- Área bajo la curva roc

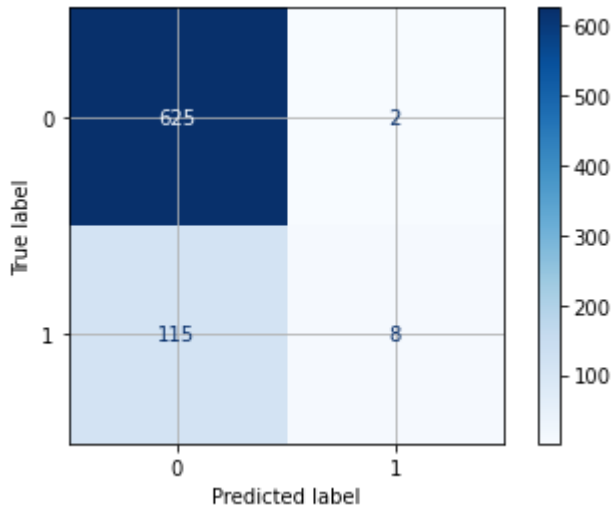
[illegible]

```
0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,
0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,
0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,
0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,
0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]
```

```
In [545... from matplotlib import pyplot as plt
from sklearn.metrics import confusion_matrix
from sklearn.metrics import ConfusionMatrixDisplay

cm = confusion_matrix(y_test, predictions)

cm_display = ConfusionMatrixDisplay(cm, display_labels=[0, 1])
cm_display.plot(cmap='Blues');
plt.grid(None);
```



```
In [546... from sklearn.metrics import accuracy_score, precision_score, recall_score
m1_acu=accuracy_score(y_test, predictions)
m1_prec = precision_score(y_test, predictions)
m1_rec = recall_score(y_test, predictions)

print( "Accuracy: ", m1_acu, "\nPrecision: ", m1_prec, "\nRecall: ", m1_rec)
```

```
Accuracy: 0.844
Precision: 0.8
Recall: 0.06504065040650407
```

Al modelo le cuesta mucho predecir casos positivos, de ahí que el Recall sea tan bajo, predice bien los negativos, pero la clase de mayor interés son los positivos (los que tuvieron enfermedad al corazón), por ende, no sería un modelo con buen desempeño.

```
In [547... y_test.min()
```

Out[547... 0

```
In [548... y_pred.min()
```

Out[548... 0.014365215131429498

```
In [549... from sklearn.metrics import roc_curve, auc

fpr, tpr, thresholds = roc_curve(y_test, y_pred)
```

```
roc_auc = auc(fpr, tpr)
print("Area under the ROC curve : %f" % roc_auc)
```

Area under the ROC curve : 0.724939

**f) Determine el mejor punto de corte según algún criterio de interés, evalúe nuevamente las métricas anteriores. ¿Qué pasó respecto al modelo anterior? Comente.**

Vamos a probar el threshold que maximiza la tasa de verdaderos positivos \* (1-tasa falsos positivos)

```
In [550... import numpy as np

def find_best_threshold(threshold, fpr, tpr):
    t = threshold[np.argmax(tpr*(1-fpr))]
    # (tpr*(1-fpr)) will be maximum if your fpr is very low and tpr is very high
    print("the maximum value of tpr*(1-fpr)", max(tpr*(1-fpr)), "for threshold", np.roun
    return t

find_best_threshold(thresholds, fpr, tpr)
```

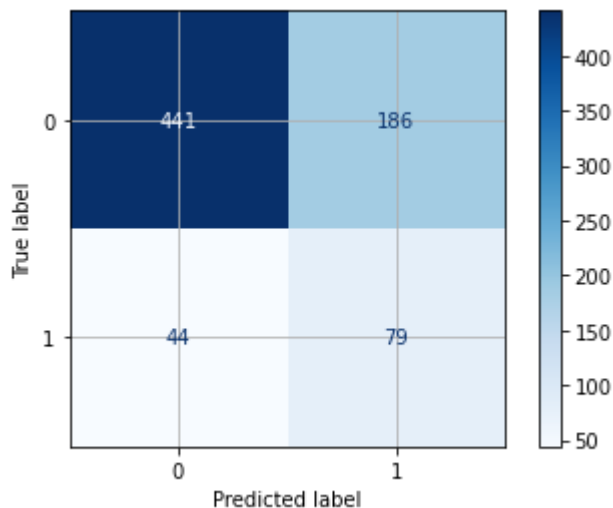
the maximum value of tpr\*(1-fpr) 0.46423153226747577 for threshold 0.166

```
Out[550... 0.16624561998596765
```

```
In [551... predictions_2 = [ 0 if x < 0.16 else 1 for x in y_pred]
```

```
In [552... cm_2 = confusion_matrix(y_test, predictions_2)

cm_display = ConfusionMatrixDisplay(cm_2, display_labels=[0, 1])
cm_display.plot(cmap='Blues');
plt.grid(None);
```



```
In [553... m2_acu=accuracy_score(y_test, predictions_2)
m2_prec = precision_score(y_test, predictions_2)
m2_rec = recall_score(y_test, predictions_2)

print( "Accuracy: ", m2_acu, "\nPrecision: ", m2_prec, "\nRecall: ", m2_rec)
```

Accuracy: 0.6933333333333334  
Precision: 0.2981132075471698  
Recall: 0.6422764227642277

El modelo mejora en cuanto a predicción de casos positivos, pero empeora en casos negativos, pues ahora el punto de corte es menor, por ende la exigencia para ser clasificado como positivo es menor.