

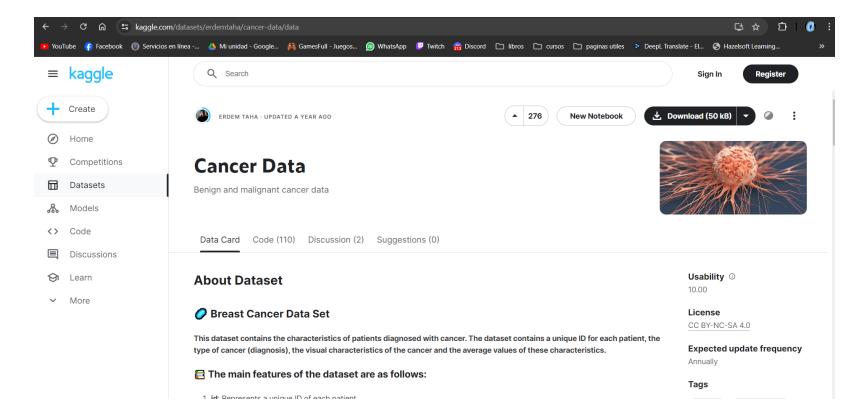


Introducción

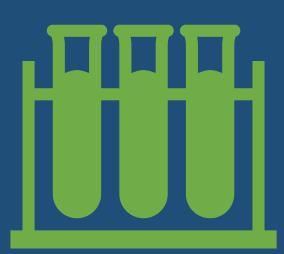
Los datos seleccionados provienen de registros médicos que describen medidas físicas de tumores en 30 aspectos numéricos, además de una etiqueta clasificatoria que separa los registros en dos conjuntos, benignos y malignos.



Origen de los datos



 https://www.kaggle.com/datasets/erdemtaha/cancerdata/data



Preprocesamiento

Tendremos tres diferentes preprocesamientos para cada algoritmo:

1° Algoritmo supervisado

2° Algoritmo no supervisado

3° grafo (árbol)



Preprocesamiento

Supervisado:

Se tomarán las 31 características independientes y se realizará un PCA para realizar una imagen de 4x4 de las 16 características más representativas de la etiqueta.

No supervisado:

Se retira la etiqueta y se acota a 8 variables con PCA.

Árbol:

Se poda el árbol a 16 variables.



Metodología

La etiqueta generada para cada registro será el resultado de calcular la moda entre el conjunto de etiquetas generadas individualmente por algoritmos descritos a continuación.



Algoritmo supervisado:

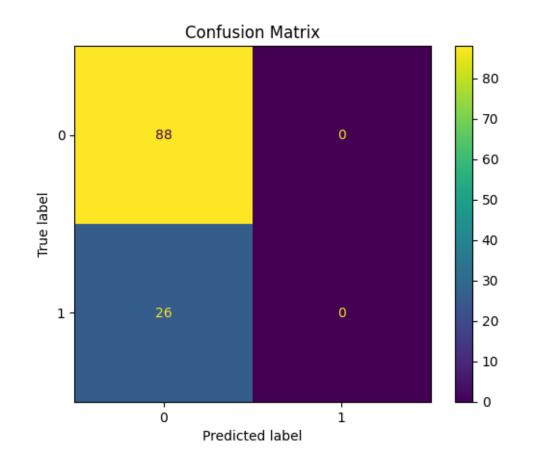
El modelo se compondrá de una red neuronal convolucional con las siguientes características:

- De forma secuencial, la red está formada por una capa convolucional de entrada 4x4x1, la cual cuenta con 4 núcleos de 2x2, activada mediante la función relu.
- Posteriormente, se encuentra una capa de maxpool con dimensión 2x2.
- Una capa de reducción de dimensiones 2D 1D
- Una capa densa de 8 neuronas con activación relu.
- Una capa densa de 1 neurona con activación softmax.



Resultados

Para el algoritmo supervisado, tuvimos un sesgo muy marcado hacia los resultados con la etiqueta B, la cual es mapeada como un 0 para el algoritmo, esto puede deberse al tamaño reducido de la imagen formada o a el tamaño de la red neuronal.

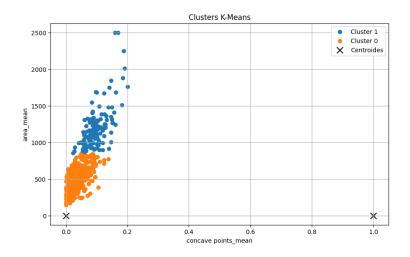


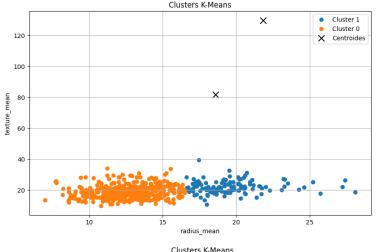


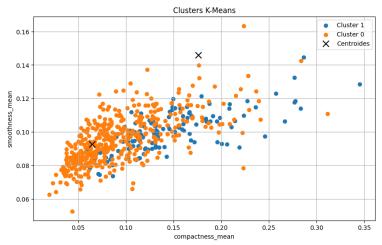
Algoritmo no supervisado y resultado:

Tendremos una clasificación k-means con K = 2, logrando un 83% de acierto

con respecto a la etiqueta real.









Arbol

Pte

