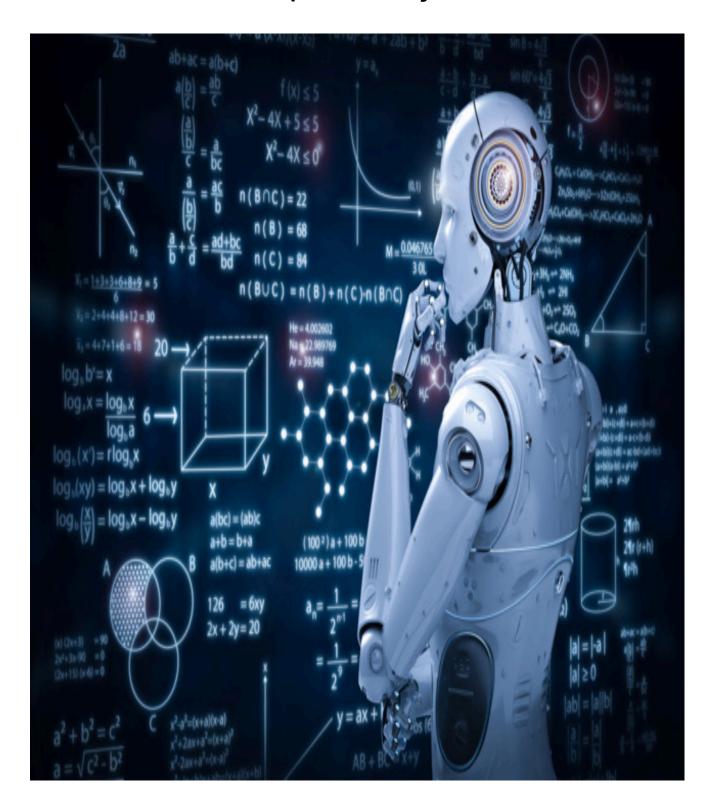
Sistemas de aprendizaje automático



Nombre: Victoria Jiménez Martín

Módulo: Sistemas de aprendizaje automático

Curso: Especialización de Inteligencia Artificial y Big Data

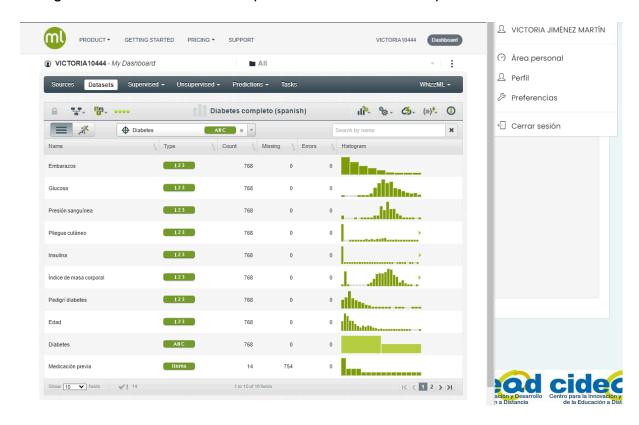
Índice

Apartado 1: Realiza una predicción por lote en BigML	3
Elige un dataset para clasificación binaria de los que vienen por defecto en BigML o carga uno que te parezca interesante.	3
Separa los datos en 80% para el entrenamiento y 20% para test.	3
Entrena un modelo de árbol de decisión.	4
Realiza la predicción por lotes, seleccionando el conjunto de datos de test. Descarga archivo csv resultante.	el 6
Apartado 2: Calcula la matriz de confusión.	8
Abre el archivo csv en una hoja de cálculo y aplica las fórmulas necesarias para obter errores totales, falsos negativos y falsos positivos.	ner: 8
Construye la matriz de confusión, rellenando los valores correspondientes.	11
Analiza los resultados. ¿Es fiable el modelo?	11
Apartado 3: Aplica la técnica de aprendizaje no supervisado de Detección de	
Anomalías.	12
Aplica el modelo de detección de anomalías en BigML dentro de las funciones rápidade de algoritmos no supervisados.	s 12
Analiza las top 5 anomalías de tu problema y decide si merece la pena analizarlas a parte.	13
Si crees que son importantes, crea un dataset con ellas para analizarlas	14

Apartado 1: Realiza una predicción por lote en BigML

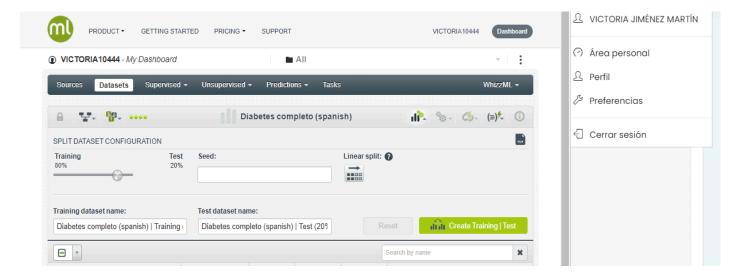
Elige un dataset para clasificación binaria de los que vienen por defecto en BigML o carga uno que te parezca interesante.

Escogeremos el mismo Dataset que en la unidad anterior que es el de la diabetes:



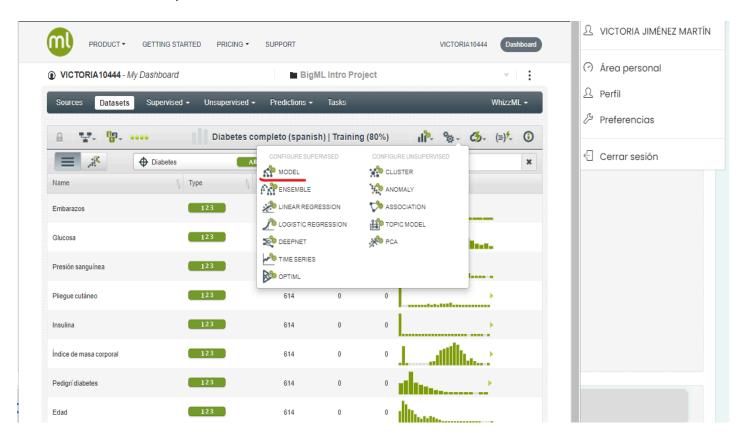
Separa los datos en 80% para el entrenamiento y 20% para test.

Entrenamos el Dataset:

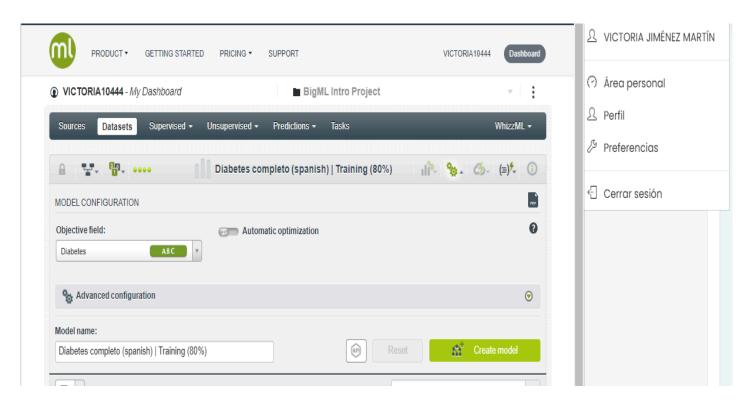


Entrena un modelo de árbol de decisión.

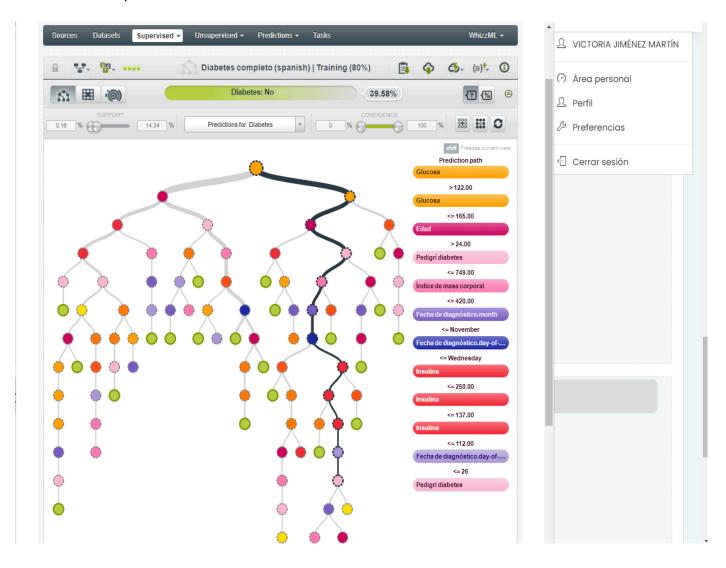
Nos iremos al apartado de Model:



Y crearemos el model:



Y vemos que crea el árbol de decisión:

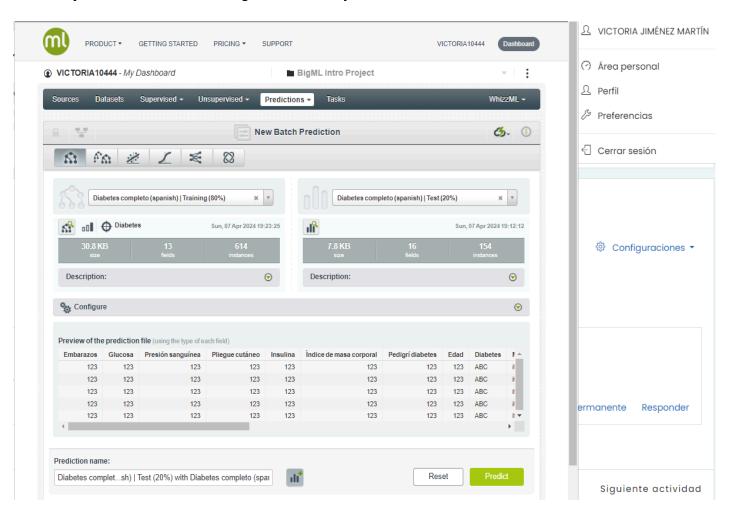


Realiza la predicción por lotes, seleccionando el conjunto de datos de test. Descarga el archivo csv resultante.

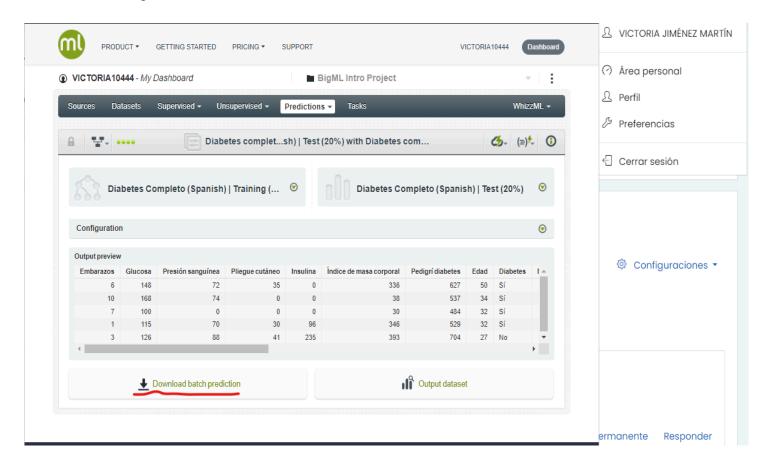
Realizamos la predicción por lotes en Batch prediction:



Dejamos los datos de la siguiente forma y le damos a Predict:



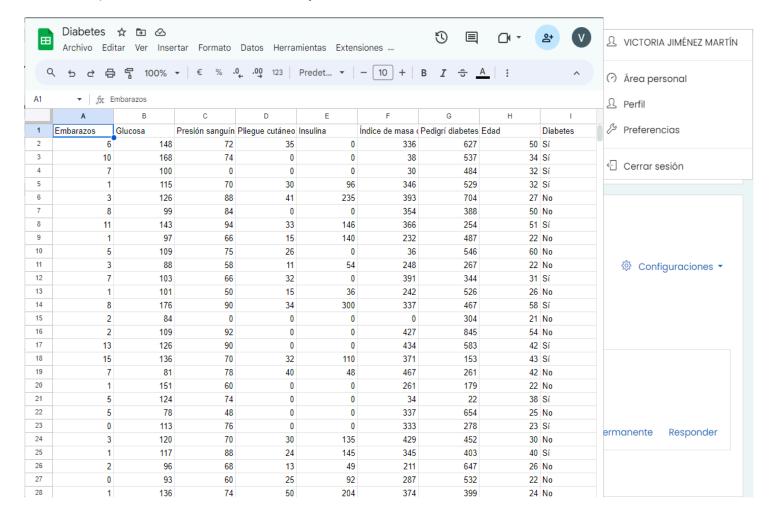
Y descargamos el dataset como .csv:



Apartado 2: Calcula la matriz de confusión.

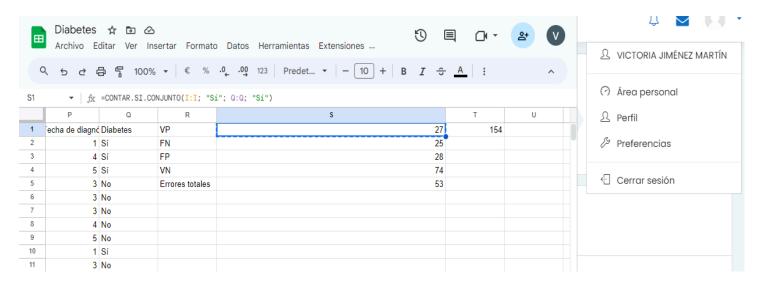
Abre el archivo csv en una hoja de cálculo y aplica las fórmulas necesarias para obtener: errores totales, falsos negativos y falsos positivos.

Importamos los datos en una hoja de cálculo:

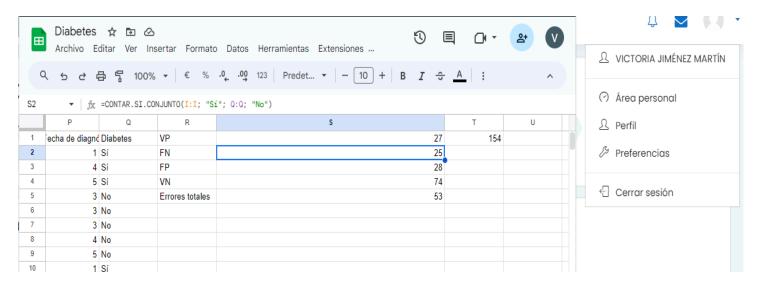


Ahora tendremos que hallar, los valores siguientes:

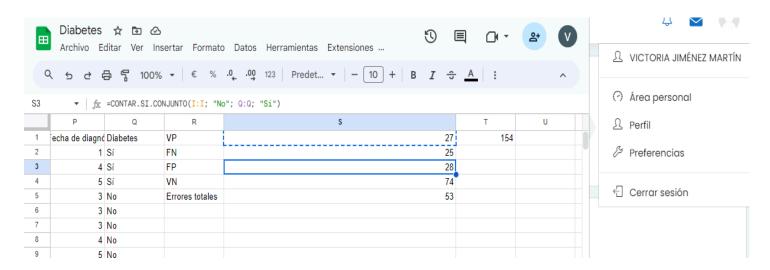
- VP: Verdaderos positivos: =CONTAR.SI.CONJUNTO(|::|; "Sí"; Q:Q; "Sí")



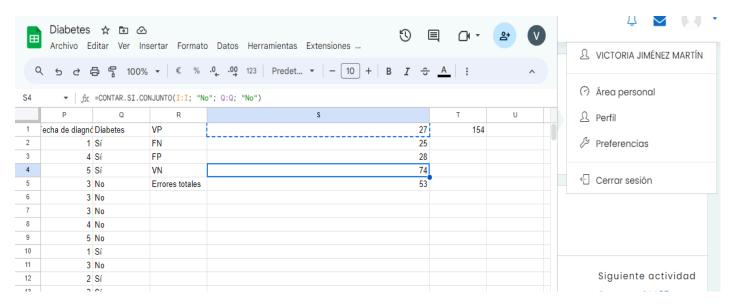
- FN: Falsos negativos: =CONTAR.SI.CONJUNTO(I:I; "Sí"; Q:Q; "No")



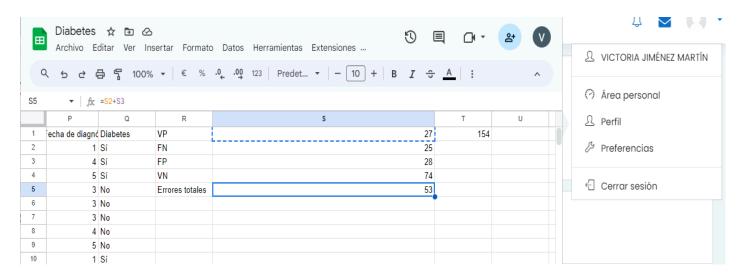
- FP: Falsos positivos: =CONTAR.SI.CONJUNTO(I:I; "No"; Q:Q; "Sí")



- VN: Verdaderos negativos: =CONTAR.SI.CONJUNTO(1:1; "No"; Q:Q; "No")

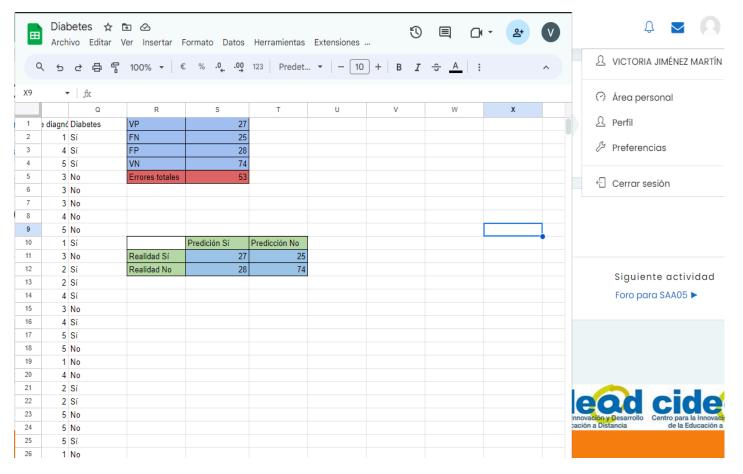


Total errores: =S2+S3 (FN + FP)



Construye la matriz de confusión, rellenando los valores correspondientes.

A continuación creamos la matriz de confusión en el excel:



Analiza los resultados. ¿Es fiable el modelo?

Exactitud =
$$\frac{VP + VN}{VP + FN + FP + VN}$$
 = 0,6558x100 = 65,58%

Precisión =
$$\frac{VP}{VP + FP}$$
 = 0,490x100 = 49,00%

Sensibilidad =
$$\frac{VP}{VP + FN}$$
 = 0,5192x100 = 51,92%

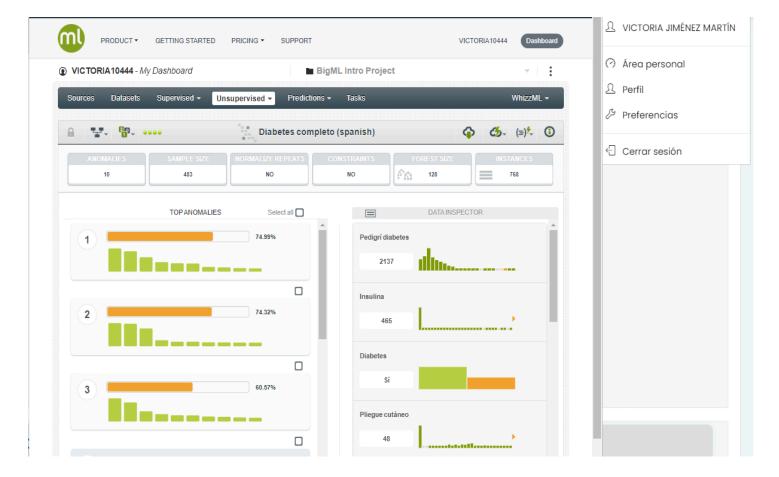
Especificidad =
$$2x \frac{Precisión x sensibilidad}{Precisión + sensibilidad}$$
 = 0,5042x100 = 50,42%

En base a los siguientes datos, podemos decir que el modelo no es muy fiable para predecir la diabetes ya que tanto la precisión como la sensibilidad son solo un poco mejores que el azar, pero los resultados son demasiado bajos, como para considerarlos fiables.

Apartado 3: Aplica la técnica de aprendizaje no supervisado de Detección de Anomalías.

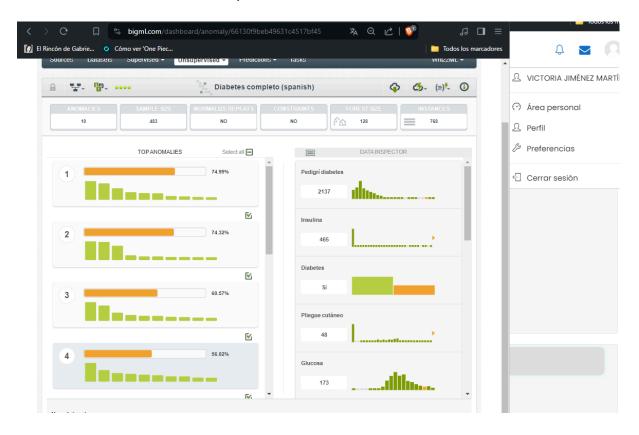
Aplica el modelo de detección de anomalías en BigML dentro de las funciones rápidas de algoritmos no supervisados.

Aplicamos el modelo de detección de anomalías y nos muestra lo siguiente:



Analiza las top 5 anomalías de tu problema y decide si merece la pena analizarlas a parte.

Seleccionamos las anomalías que consideremos:

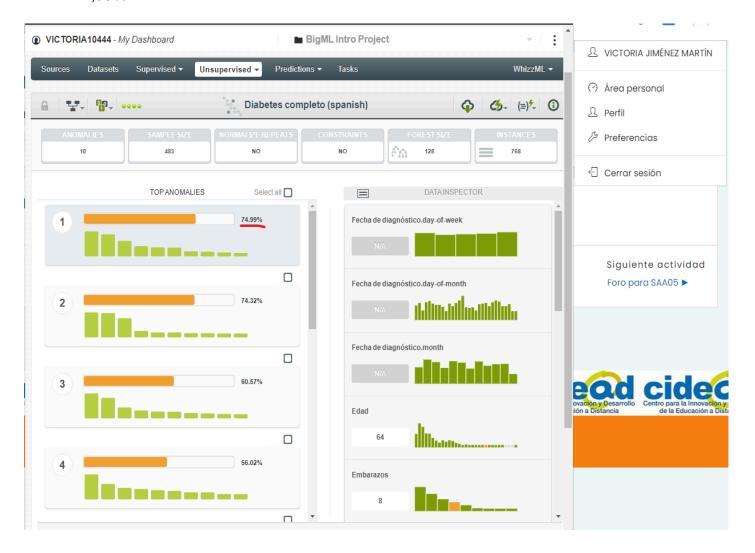


Merece la pena ya que tienen un alto porcentaje de anomalías, sobre todo las 3 primeras.

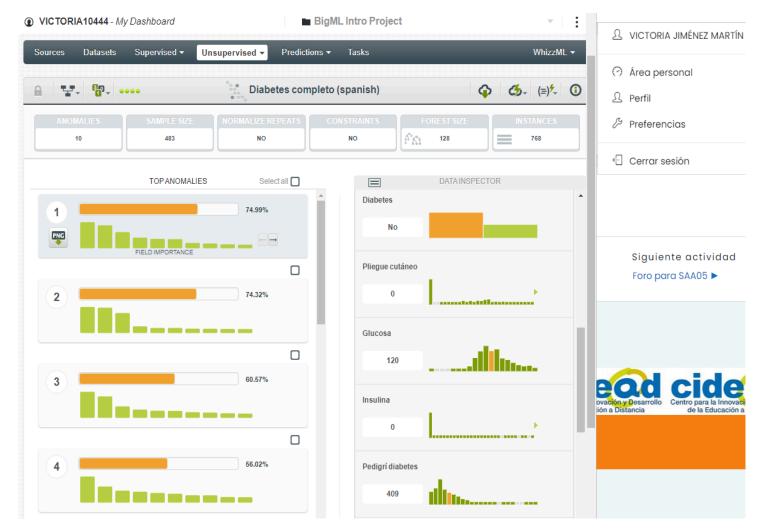
Si crees que son importantes, crea un dataset con ellas para analizarlas

Nos vamos a basar en el primer registro para analizar y mostrar que el dataset, es propenso a errores:

En el primer registro en el que se un mayor porcentaje de anomalías es el de 74,99%.



Si observamos el panel de la derecha que es el histograma del paciente, no se presentan anomalías muy notables., pero si nos vamos a datos más concretos como el de la pedigrí diabetes y los niveles de glucosa, observamos lo siguiente:



Vemos que presenta que no tiene diabetes pero el nivel de glucosa son altos (120) y según la página de https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/000305.htm, la diabetes de tipo 1 se podría llegar a diagnosticar con una glucemia de 126, por lo que podría estar al límite de padecer diabetes en un futuro o puede que tenga antecedentes en la familia de diabetes y sea propenso a tenerla.

Pruebas y exámenes

La diabetes se diagnostica con los siguientes exámenes de sangre:

- Nivel de glucemia en ayunas. La diabetes se diagnostica si este es de 126 mg/dL (7 mmol/L) o superior en dos ocasiones diferentes.
- Nivel de glucemia aleatoria (sin ayunar) Usted puede tener diabetes si este es de 200 mg/dL (11.1 mmol/L) o superior y tiene síntomas como aumento de la sed, de la orina y fatiga, (Esto se debe confirmar con un examen en ayunas).
- Prueba de tolerancia a la glucosa oral. La diabetes se diagnostica si el nivel de glucosa es de 200 mg/dL (11.1 mmol/L) o superior 2 horas después de tomar una bebida azucarada especial.
- Examen de hemoglobina A1C (A1C). La diabetes se diagnostica si el resultado del examen es 6.5% o superior.

Y por el apartado de función de pedigrí de diabetes, vemos que también presenta unos altos para no tener diabetes y que según el siguiente estudio https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/61863, la pedigrí diabetes se presenta para datos que si se tiene diabetes:

Análisis multidimensional de una base de datos de mujeres PIMA

Título: Multidimensional analysis from a database of PIMA women

Tarres, Maria Cristina; Moscoloni, Nora Ana Maria∞; Navone, Hugo Daniel∞;

D'ottavio, Adriana Leticia --

Fecha de publicación: 11/2016

Editorial: Universidad de Sonora. División de Ciencias Biológicas y de la Salud

Revista: Biotecnia ISSN: 1665-1456 Idioma: Español

Tipo de recurso: Artículo publicado

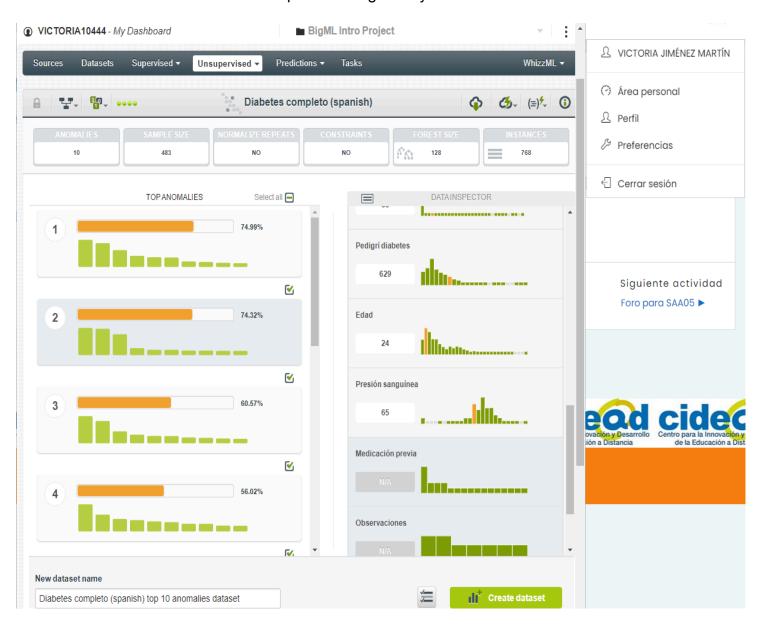
Clasificación temática:

Tópicos Sociales

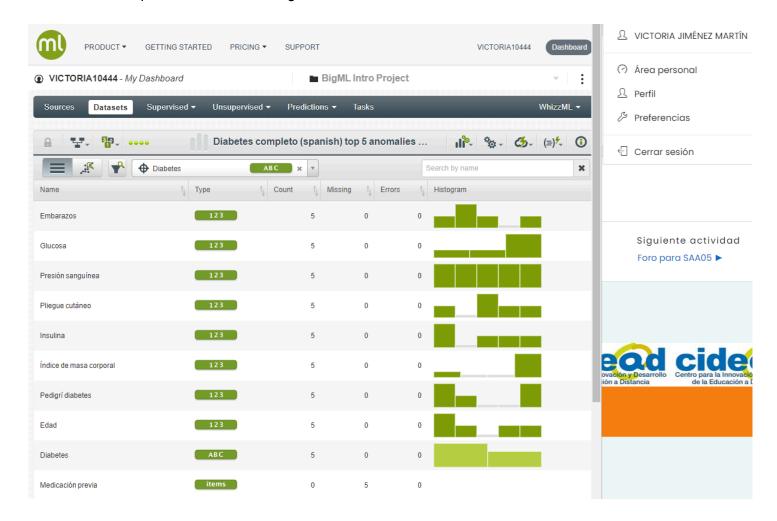
Resumen

Se presenta una tipología multidimensional de mujeres estadounidenses Pima con datos de la Pima Indians Diabetes Database, analizada mediante Componentes Principales y posterior clasificación. Fueron construidos tres clusters individuales con: (1) 64% de positividad para diabetes, glucemia acorde con tolerancia alterada a la glucosa, hiperinsulinemia, obesidad según índice de masa corporal, grosor del pliegue de la piel del tríceps superior al promedio general y presión diastólica cercana a prehipertensión; (2) 50% de positividad para diabetes, glucemia cercana al límite inferior de tolerancia alterada a la glucosa, índice de masa corporal correspondiente a obesidad y grosor del pliegue de la piel del tríceps, presión diastólica, edad y número de embarazos mayores a la media general; (3) 16% de positividad para diabetes, índice de masa corporal indicando sobrepeso y número de embarazos, función de pedigrí de diabetes, edad, glucemia, insulinemia y grosor del pliegue de la piel del tríceps menores al promedio general. Resulta destacable el mayor grado de antecedentes familiares en el grupo de riesgo y la relevancia del sobrepeso así como la configuración espacial de los individuos revelando posibles fases en el desarrollo diabético de estas mujeres. Finalmente, se subraya la utilidad de la clusterización en problemas biológicos.

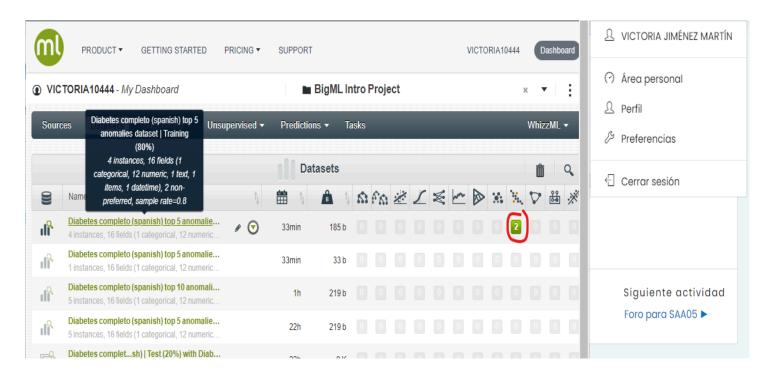
Ahora seleccionaremos los 5 primeros registros y crearemos el dataset:



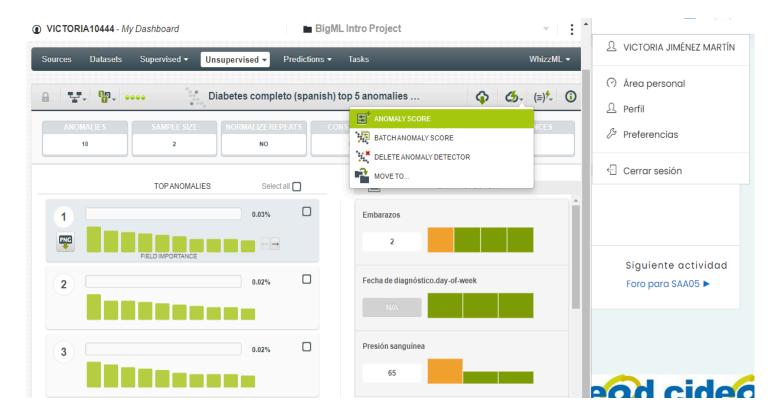
Vemos que nos ha creado el siguiente dataset:



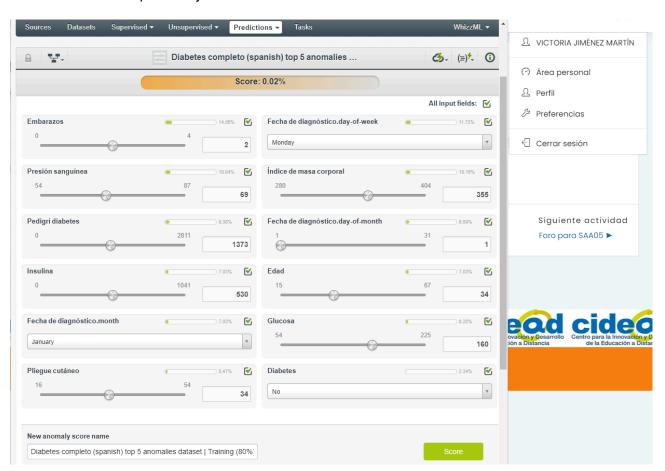
Procedemos a realizar el entrenamiento y vemos que del dataset creado y posteriormente entrenado, encuentra dos anomalías:



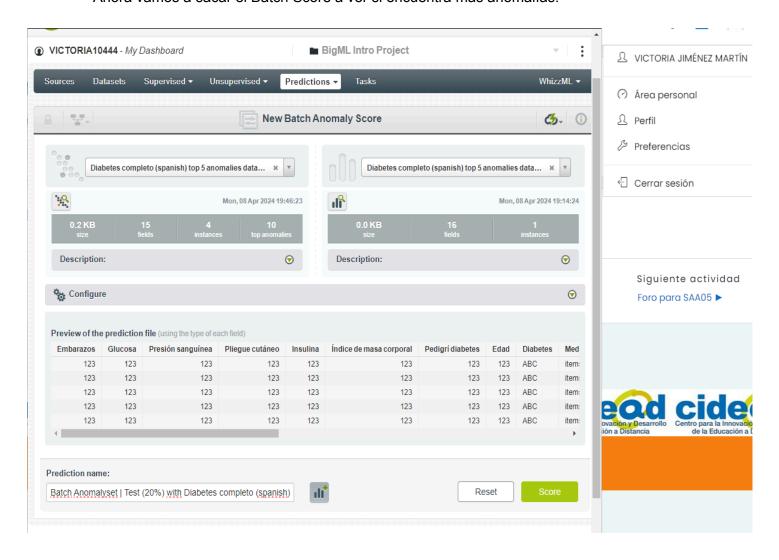
Clicamos sobre este, y nos iremos a Anomaly Score:



Pero vamos el porcentaje es mínimo:



Ahora vamos a sacar el Batch Score a ver si encuentra más anomalías:



Y vemos que la puntuación obtenida es la siguiente:

