Hiperparámetros que se pueden ajustar en los modelos de ML vistos en clase

1. Regresión Lineal

- fit_intercept: Indica si se debe ajustar el intercepto o no.
 - Valores: True O False.
- normalize: Si se debe normalizar las características antes de ajustarlas.
 - Valores: True o False (disponible en versiones anteriores de scikit-learn, pero ahora se hace a través de Pipeline).
- n_jobs: Número de núcleos de CPU a usar para el ajuste.
 - Valores: Entero (e.g., 1, 1 para usar todos los núcleos disponibles).
- positive : Si las coeficientes de regresión deben ser estrictamente positivas.
 - Valores: True O False.

Nota: En su forma básica, la regresión lineal no tiene muchos hiperparámetros ajustables, pero si se utiliza con regularización (Lasso o Ridge), los hiperparámetros más relevantes son los relacionados con la regularización:

- alpha: El parámetro de regularización en Lasso y Ridge.
 - Valores: Flotante positivo.

2. Regresión Logística

- penalty: Tipo de regularización aplicada.
 - Valores: '11', '12', 'elasticnet', O 'none'.
- c: Parámetro inverso de regularización (menores valores implican mayor regularización).
 - Valores: Flotante positivo.

- solver : Algoritmo de optimización utilizado para encontrar los coeficientes.
 - Valores: 'newton-cg', 'lbfgs', 'liblinear', 'sag', 'saga'.
- max_iter: Número máximo de iteraciones en el proceso de optimización.
 - Valores: Entero positivo (e.g., 100, 200).
- class_weight: Peso asociado a cada clase, útil cuando hay un desbalance de clases.
 - Valores: 'balanced' o diccionario con pesos.
- fit_intercept: Si se debe ajustar el intercepto en el modelo.
 - Valores: True O False.
- tol: Tolerancia para la convergencia.
 - Valores: Flotante positivo (e.g., 1e-4).

3. Árboles de Decisión

- criterion: Función para medir la calidad de la división.
 - Valores: 'gini' (para clasificación), 'entropy' (para clasificación),
 'squared_error' (para regresión), 'absolute_error' (para regresión).
- max depth: Profundidad máxima del árbol.
 - Valores: Entero positivo (e.g., 10, 20) o None (sin límite).
- min_samples_split: Número mínimo de muestras necesarias para dividir un nodo.
 - Valores: Entero positivo (e.g., 2, 10) o flotante (proporción de muestras).
- min_samples_leaf: Número mínimo de muestras que debe tener un nodo hoja.
 - Valores: Entero positivo o flotante (proporción de muestras).
- max_features: Número de características a considerar al buscar la mejor división.
 - Valores: 'auto', 'sqrt', 'log2', entero positivo o flotante.
- max_leaf_nodes : Número máximo de nodos hoja en el árbol.
 - Valores: Entero positivo o None.

- min_weight_fraction_leaf: Proporción mínima de la suma de los pesos de las muestras que debe estar en un nodo hoja.
 - Valores: Flotante entre 0 y 1.
- splitter: Estrategia usada para dividir en cada nodo.
 - Valores: 'best' (el mejor split) o 'random' (split aleatorio).
- ccp_alpha: Parámetro de complejidad para la poda mínima coste-complejidad.
 - Valores: Flotante positivo (e.g., 0.01).

4. k-Nearest Neighbors (kNN)

- n_neighbors: Número de vecinos a considerar para la clasificación o regresión.
 - Valores: Entero positivo (e.g., 3, 5, 7).
- weights: Función de ponderación utilizada en la predicción.
 - Valores: 'uniform' (todos los vecinos tienen igual peso), 'distance' (los vecinos más cercanos tienen más peso) o una función definida por el usuario.
- algorithm: Algoritmo utilizado para calcular los vecinos más cercanos.
 - Valores: 'auto', 'ball_tree', 'kd_tree', 'brute'.
- leaf_size: Tamaño de las hojas en los algoritmos de árboles (ball_tree o kd_tree).
 - Valores: Entero positivo (e.g., 30).
- p: Parámetro para la métrica de distancia. Cuando p=1, se usa la distancia de Manhattan; cuando p=2, se usa la distancia euclidiana.
 - Valores: Entero positivo (1, 2, etc.).
- metric: Métrica utilizada para calcular la distancia entre los puntos.
 - Valores: 'minkowski', 'euclidean', 'manhattan', o cualquier otra métrica definida por el usuario.