## UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRES FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES CARRERA DE INFORMÁTICA



## Examen Parcial - Pregunta 1

Nombres:	EDUARDO MEDRANO AYARDE	CI: 6989411
Materia:	Inteligencia Artificial (INF-354)	
Docente:	M.Sc. Moises Martin Silva Choque	
Fecha:	27 de julio de 2020	

## Use 3 columnas del dataset, generándose un algoritmo genético con el uso de DEAP

## 1.1. Descripción del Dataset

Para el caso de estudio con el DEAP, se hizo uso del dataset Haberman, del siguiente enlace https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Haberman% 27s+Survival, el cual describe, sobre la evolución y supervivencia de mujeres que hayan sido operadas, para tratar el cáncer de mama, las columnas del dataset son los siguientes:

- Edad: Edad de las mujeres, cuando fueron sometidas a la operación.
- Año de intervención quirúrgica: restando 2000-1900, la columna muestra el año en el que se realizaron la operación.
- Ganglios: Es un número entero, que nos señala, cuantos ganglios cancerosos fueron detectados.
- Supervivencia: 1 si sobrevivió más de 5 años después de la operación,
   2 si murió entre los 5 años.

Para el uso del DEAP, se hara uso de las 3 primeras columnas.

El proceso de evolución genética, nos dirá cuantas generaciones se necesitaran, para que mujeres de 21 años ya presenten cáncer de mama. Para este propósito el algoritmo se desarrolla bajo las siguientes características:

- Se evaluaran grupos de 10 mujeres en 10 mujeres.
- La población será de 1000 mujeres.
- Será una función de minimización, esto por el hecho de que se desea ver a mujeres jóvenes y cuantas generaciones se tomara.

- En la función de evaluación se tiene los siguientes parámetros:
  - Se hará una sumatoria de todos los ganglios cancerosos encontrados en el grupo de 10 mujeres.
  - La sumatoria se realiza solo si, el grupo de estudio se encuentra en el rango de edad del dataset, el año de la cirugía fue entre 1960-1970 y por último la edad de la mujer fue menor a 35 años.
  - Al cumplir esto se pregunta si la sumatoria de ganglios cancerosos, es mayor a 10, de ser así se devuelve el valor máximo del grupo de estudio, caso contrario se devuelve a la más joven.
- El algoritmo de cruce es cxUniform.
- La población es aleatoria en un rango de edad de 21 a 80 años.

Todo el análisis anterior, está desarrollado bajo el siguiente código:

```
import array
   import random
   import numpy
   import pandas as pd
   from deap import algorithms
   from deap import base
   from deap import creator
   from deap import tools
9
   #leemos los datos provenientes del dataset
10
11
   data=pd.read_csv("haberman.csv",sep=",")
12
   creator.create("FitnessMax", base.Fitness, weights=(-1.0,))
   creator.create("Individual", list, fitness=creator.FitnessMax)
   toolbox = base.Toolbox()
15
16
```

```
#colocamos en el grupo de mujeres que se someten a una operación por cancer de ma
   toolbox.register("attr_bool", random.randint, 21, 80)
   toolbox.register("individual", tools.initRepeat, creator.Individual, toolbox.att
19
   toolbox.register("population", tools.initRepeat, list, toolbox.individual)
20
21
   def evacancer(individual,edad,t_opera,ganglios_auxiliares):
22
23
24
   #vemos cuantas mujeres sometidas a operación generaron ganglios cancerosos en el
            aux=0
25
            gnp=numpy.array(ganglios_auxiliares)
26
            enp=numpy.array(edad)
27
            indi=numpy.array(individual)
28
            for a in range(0,len(individual)-1):
29
                    if individual[a] in edad and t_opera[a]>60 and edad[a]<35:</pre>
30
31
                    aux+=gnp[a]
   #ya definido los ganglios generados entre todas las mujeres podemos decir que si
32
   # sumados todos los ganglios cancerosos el numero es mayo o igual que 10
33
   # el conjunto de mujeres que no estaba en el rango de edad para generar ganglios
34
   # caso contrario no generara ningun ganglio
35
   # y en un caso devolvemos la mujer de mas edad o la mas joven
36
   if aux >= 10:
37
            return indi.max(),
   else:
39
            return indi.min(),
40
   toolbox.register("evaluate", evacancer,edad=data["edad"],t_opera=data["year"],gan
41
   toolbox.register("mate", tools.cxUniform, indpb=0.5)
42
   toolbox.register("mutate", tools.mutFlipBit, indpb=0.05)
43
   toolbox.register("select", tools.selTournament, tournsize=3)
44
45
   def main():
46
            pop = toolbox.population(n=1000)
47
            hof = tools.HallOfFame(1)
```

```
stats = tools.Statistics(lambda ind: ind.fitness.values)
49
            stats.register("avg", numpy.mean)
            stats.register("std", numpy.std)
            stats.register("min", numpy.min)
            stats.register("max", numpy.max)
53
            pop, log = algorithms.eaSimple(pop, toolbox, cxpb=0.5, mutpb=0.2, ngen=20
            stats=stats, halloffame=hof, verbose=True)
55
            return pop, log, hof
56
   if __name__ == "__main__":
57
   main()
58
```

De donde se obtiene los siguientes resultados:

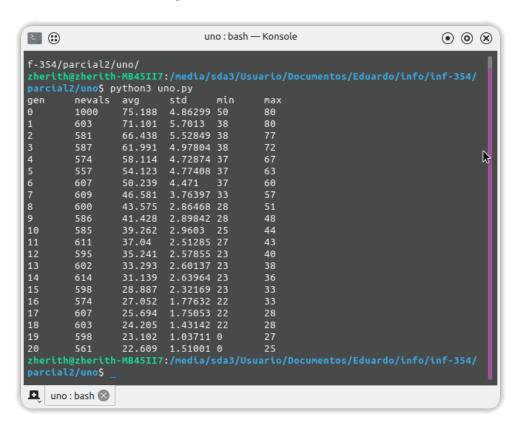


Figura 1: Resultados Obtenidos del Dataset Haberman

De donde se puede apreciar que, para la generación 18, mujeres entre el rango de edad de 22 a 28, pueden presentar ganglios cancerosos.