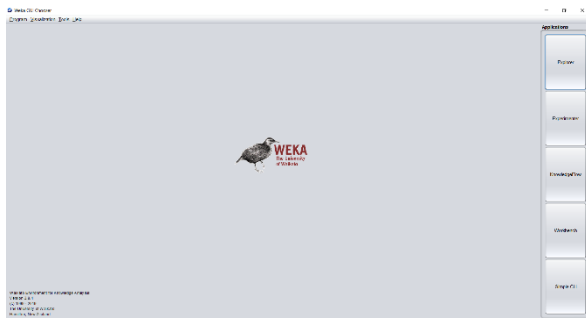
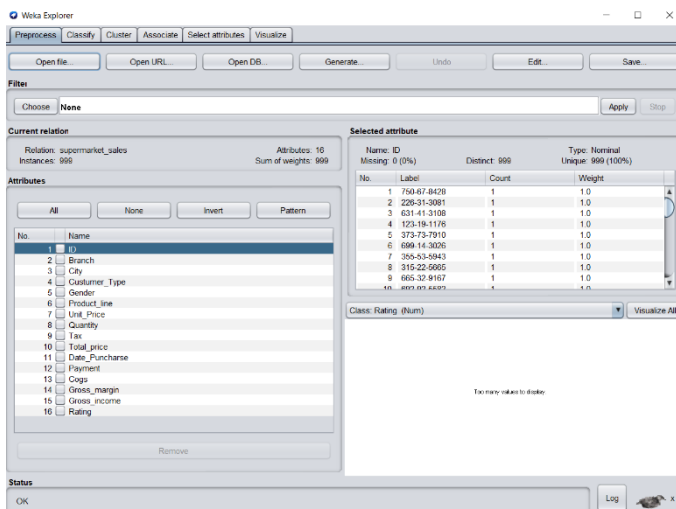
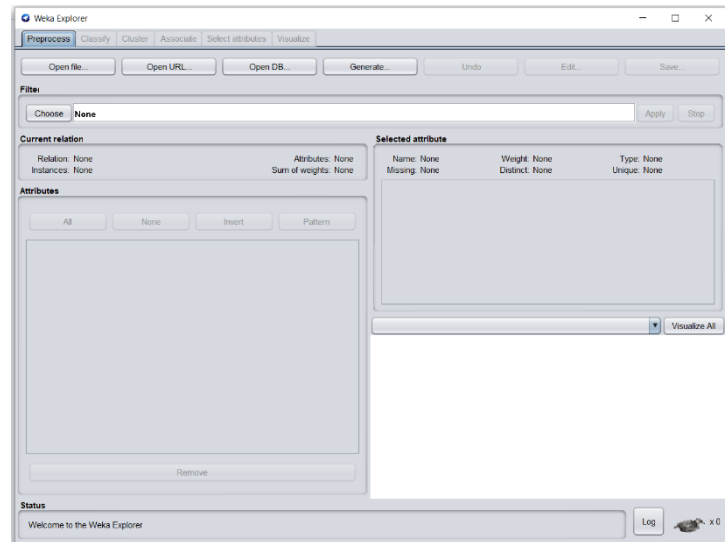


ARBOL DE DECISIÓN (WEKA).



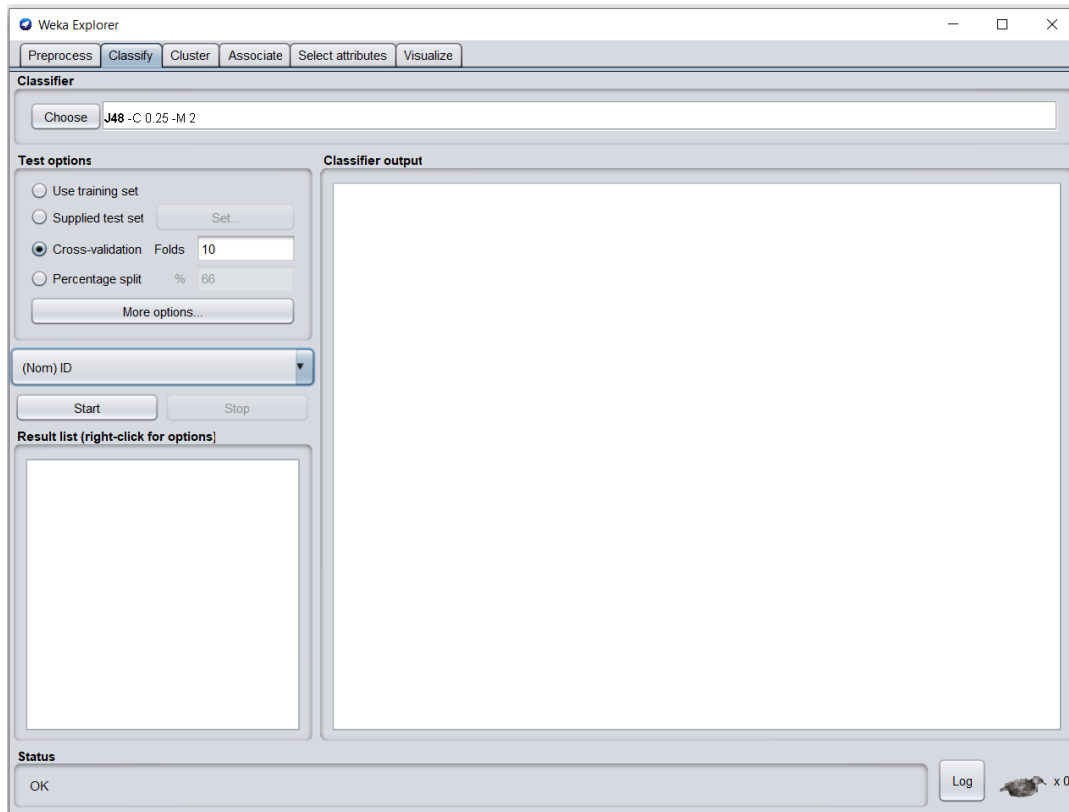
Primeramente abrimos el programa de WEKA y damos click en exponer eso nos abrirá la siguiente ventana.

Luego damos clic en el botón Open file no Hola buscamos él chivo en la carpeta en donde las guardamos en este caso el de Superman y nos aparecerán la siguiente ventana.

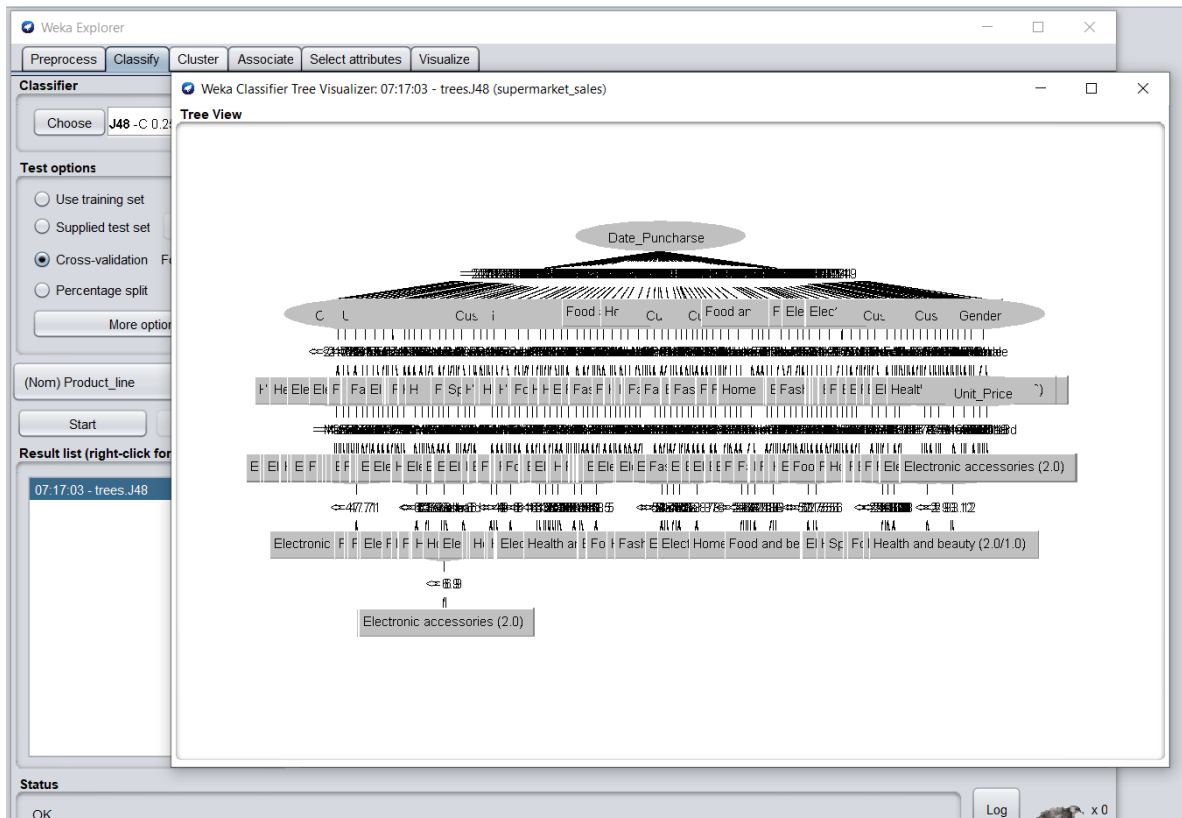
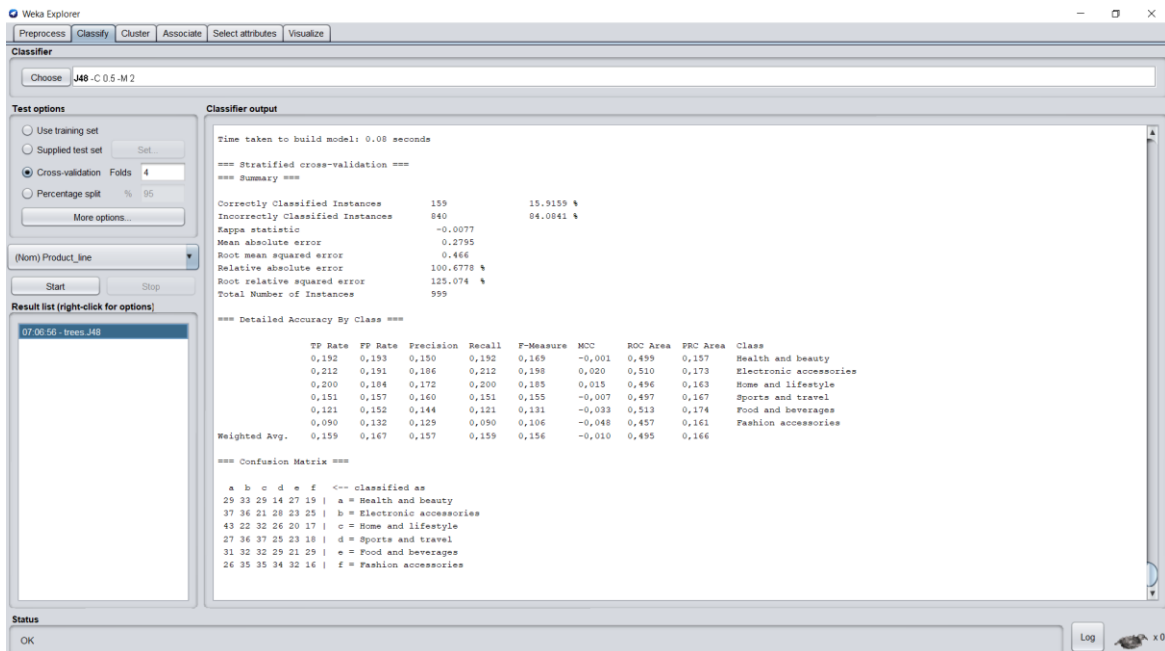


En las pestañas de arriba se activará Hola buscamos la opción de clasificar

Buscamos en shows la opción en la carpeta tree el archivo J48 correspondiente al árbol de decisión y seleccionamos en este caso Producto line.



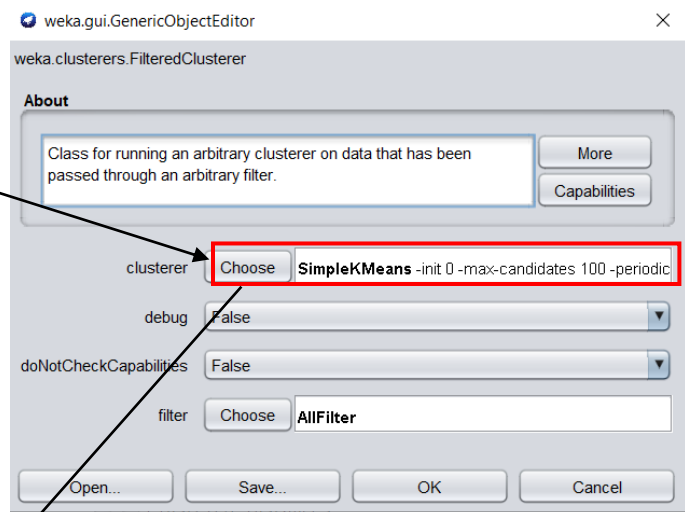
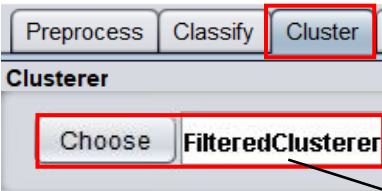
Y nos aparecerá esto, damos clic derecho en el archivo que nos aparece si le damos en visualización de árbol para que nos dé una imagen gráfica de este.



K-MEANS (WEKA).

Buscamos la pestaña Cluster y en Choose Buscamos el archivo FilteredCluster, al dar clic en la letra negra nos aparecerá una ventana en donde seleccionaremos SimpleKMeans, damos ok, y luego en start, clic derecho en el resultado obtenido

Weka Explorer



Cluster mode

☒ Use training set
☐ Supplied test set Set...
☐ Percentage split % 66
☐ Classes to clusters evaluation (Nom) Drug
☒ Store clusters for visualization
Ignore attributes
Start Stop

Result list (right-click for options)

Time	Clusterer
00:02:05	- FilteredClusterer
00:05:58	- FilteredClusterer

Clusterer output

kMeans
=====

Number of iterations: 4
Within cluster sum of squared errors: 1158.335997974567

Initial starting points (random):
Cluster 0: 20,M,HIGH,NORMAL,0.893623,0.036458,drugY
Cluster 1: 17,M,HIGH,NORMAL,0.788461,0.068818,drugA

Missing values globally replaced with mean/mode

Final cluster centroids:

Attribute	Full Data (600.0)	Cluster#	
		0 (288.0)	1 (312.0)
Age	45.2133	44.7014	45.6859
Sex	M	M	M
BP	HIGH	LOW	HIGH
Cholesterol	HIGH	NORMAL	HIGH
Na	0.6951	0.7146	0.677
K	0.0494	0.0397	0.0584
Drug	drugY	drugY	drugX

Status

Y nos dará esto.

