UNIVERSIDADE DA MAIA

Análise Preditiva com os Conjuntos de Dados Diabetes e Iris

Machine Learning M3

Diogo Teixeira A044483

João Rebelo A044484

31 DE MAIO DE 2025

Conteúdo

1. Introdução

Este relatório explora a aplicação de técnicas de *Machine Learning* em dois conjuntos de dados clássicos da literatura: **Iris** (classificação) e **Diabetes** (regressão). Ambos são amplamente utilizados como *benchmarks* para avaliação de algoritmos, dada a sua relevância em contextos reais: o primeiro na biologia para identificação de espécies florais, e o segundo na medicina para previsão de progressão de doenças crónicas.

Este trabalho serve como estudo de caso introdutório, ilustrando como técnicas de aprendizagem supervisionada podem ser aplicadas para resolver problemas distintos, enquanto reforça a importância da validação rigorosa e da comunicação clara de resultados em ciência de dados.

2. Metodologia

○ Ferramentas Utilizadas

- Linguagem: Python 3.11
- Bibliotecas:
  - *scikit-learn 1.4*: Para carregamento de datasets, divisão treino-teste e implementação de modelos.
  - *pandas 2.1*: Análise estatística descritiva.
  - *matplotlib 3.7* e *seaborn 0.12*: Visualização de dados.
  - *time* e *psutil*: Medição de tempo e memória.

○ Etapas do Processo

1. Carregamento e Exploração de Dados:
   - *Diabetes*: 442 amostras, 10 *features* clínicas (idade, IMC, etc.), target numérico (progressão da doença).
   - *Iris*: 150 amostras, 4 *features* morfológicas (sépalas/pétalas), target categórico (3 espécies).
2. Análise Estatística Descritiva:
   - Cálculo de média, desvio padrão, quartis e valores extremos para todas as variáveis.
3. Divisão Treino-Teste:
   - Proporção 80%-20% (test_size=0.2).
   - Semente aleatória fixa (random_state=42) para reprodutibilidade.
4. Treino de Modelos:
   - *Diabetes*: Regressão Linear (método dos mínimos quadrados).
   - *Iris*: Random Forest (100 árvores, random_state=42).
5. Avaliação de Performance:
   - *Diabetes*: MSE (Erro Quadrático Médio) e R^2 (Coeficiente de Determinação).
   - *Iris*: Acurácia, Precision, Recall e F1-score.
6. Visualização de Resultados:
   - Histogramas, gráficos de dispersão e matriz de confusão.

- **Custo Computacional para cada modelo**

Estas imagens mostram o custo de cada *dataset* implementado.

Custo Diabetes:

```
Custo Computacional Diabetes (Regressão Linear):
- Tempo de treino: 0.0014 segundos
- Memória utilizada: 0.32 MB
```

Custo Iris:

```
Custo Computacional Iris (Random Forest):
- Tempo de treino: 0.0677 segundos
- Memória utilizada: 0.44 MB
```

3. Análise Estatística dos Dados

3.1. *Dataset* Diabetes

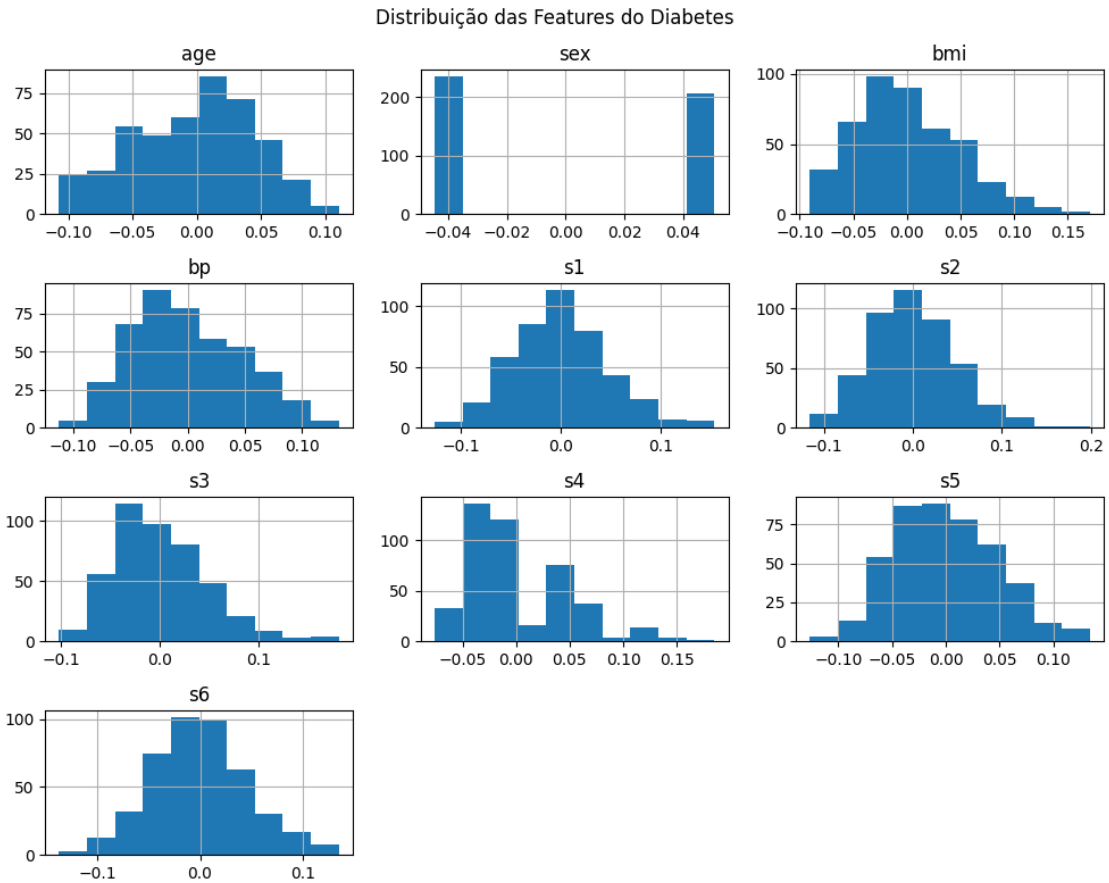
O *dataset* Diabetes contém **10 variáveis numéricas** (idade normalizada, IMC, pressão arterial, seis medições séricas) e um **alvo contínuo** (progressão da doença após um ano). As variáveis estão pré-processadas pelo *scikit-learn*, com normalização padrão (média = 0, desvio padrão = 0.047).

Estatísticas descritivas principais:

Esta imagem corresponde à "*Distribuição das Features do Diabetes*".

Para a análise deste gráfico é importante referir que:

- valor negativo: *representa os indivíduos do sexo* ***masculino***.
- valor positivo: *representa os indivíduos do sexo* ***feminino***.



3..1Características Gerais dos Dados

- ***Normalização**: Todas as variáveis estão padronizadas (valores centrados em 0, com escala similar), o que é essencial para modelos lineares como a Regressão Linear.*
- ***Escala**: Os valores variam aproximadamente entre -0.10(S5) e +0.15(bmi,S4), confirmando que o scikit-learn aplicou normalização padrão.*

3..2Análise por Feature

- Variáveis Demográficas:
  - ***Age (idade)**:* Distribuição aproximadamente normal, com ligeira assimetria positiva. Indica uma amostra equilibrada de idades.
  - ***Sex (sexo)**:* Distribuição claramente bimodal com dois picos distintos, representando as duas categorias (masculino/feminino) codificadas numericamente.

- Variáveis Antropométricas:
  - ***BMI (IMC - Índice de Massa Corporal)**:* Distribuição ligeiramente assimétrica à direita, sugerindo alguns pacientes com IMC mais elevado, típico em estudos de diabetes.
  - ***BP (pressão arterial)**:* Distribuição aproximadamente normal, indicando uma amostra representativa de valores de pressão arterial.

- Variáveis Séricas (s1-s6):
  - ***S1 - colesterol total**:* Distribuição aproximadamente normal.
  - ***S2 - LDL (lipoproteína de baixa densidade)**:* Distribuição normal, mas com ligeira concentração central.
  - ***S3 – HDL (lipoproteína de alta densidade)**:* Distribuição assimétrica à esquerda, sugerindo que muitos pacientes têm níveis baixos de HDL (colesterol "bom"), problema comum em diabéticos.
  - ***S4 - colesterol total**:* Distribuição claramente bimodal, indicando duas populações distintas de pacientes.

- ***S5 - triglicéridos**:* Distribuição fortemente assimétrica à direita, típica de variáveis logarítmicas.

- ***S6 - glicose**:* Distribuição ligeiramente assimétrica à direita, esperado em pacientes diabéticos.

3..3 Implicações para a Modelagem

Pontos Fortes:

- A normalização facilita a convergência de algoritmos de otimização.
- A ausência de *outliers* extremos (devido à normalização) reduz o risco de *overfitting*.

Desafios Identificados:

- Assimetrias em s3, s4 e s5 podem limitar a eficácia de modelos lineares.
- A distribuição bimodal em s4 sugere possíveis subgrupos de pacientes com características distintas.

3.*2 Dataset* Iris

O conjunto de dados Iris é composto por 150 amostras, distribuídas uniformemente entre três espécies: Setosa, Versicolor e Virgínica, com 50 observações por classe.

Cada amostra possui quatro atributos morfológicos: comprimento e largura da sépala, comprimento e largura da pétala.

A ausência de valores em falta foi confirmada pela análise de contagem total, garantindo a integridade dos dados para modelagem.

Estatísticas descritivas principais:

- *Setosa* tem pétalas muito curtas e estreitas;
- *Versicolor* e *virgínica* têm valores mais elevados e sobrepostos em algumas variáveis;
- As maiores diferenças entre espécies estão nas pétalas e não nas sépalas;
- As variáveis são fortemente correlacionadas com as espécies.

Nesta imagem "Estatísticas do *Dataset* Iris" podemos fazer a seguinte análise:

```
Estatísticas Iris:
       sepal length (cm)  sepal width (cm)  petal length (cm)  petal width (cm)
count         150.000000        150.000000         150.000000        150.000000
mean            5.843333          3.057333           3.758000          1.199333
std             0.828066          0.435866           1.765298          0.762238
min             4.300000          2.000000           1.000000          0.100000
25%             5.100000          2.800000           1.600000          0.300000
50%             5.800000          3.000000           4.350000          1.300000
75%             6.400000          3.300000           5.100000          1.800000
max             7.900000          4.400000           6.900000          2.500000
```

Feature	Média (cm)	Desvio Padrão (cm)	Mínimo (cm)	Máximo (cm)
Sepal Length	5.84	0.83	4.3	7.9
Sepal Width	3.06	0.44	2.0	4.4
Petal Length	3.76	1.77	1.0	6.9
Petal Width	1.20	0.76	0.1	2.5

- **Características Gerais do *Dataset***
  - **Tamanho da amostra**: 150 observações (*count* = 150.0) para todas as features, confirmando um *dataset* completo, sem valores em falta.
  - **Balanceamento**: 50 amostras por espécie (*Setosa, Versicolor, Virginica*), garantindo uma distribuição equilibrada das classes.

- **Análise Feature por Feature**

  Sepal Length (Comprimento da Sépala)

  - **Média**: 5.84 cm, **Desvio Padrão**: 0.83 cm (valor arredondado)
  - **Amplitude**: min: 4.3, max: 7.9 cm

  Sepal Width (Largura da Sépala)

  - **Média**: 3.06 cm(valor arredondado) , **Desvio Padrão**: 0.44 cm (valor arredondado)
  - **Amplitude**: min: 2.0, max: 4.40

Petal Length (Comprimento da Pétala)

- **Média**: 3.76 (valor arredondado), **Desvio Padrão**: 1.77 (valor arredondado)
- **Amplitude**: min: 1.0, max: 6.90

Petal Width (Largura da Pétala)

- ***Média**: 1.20 cm, **Desvio Padrão**: 0.76*
- ***Amplitude**: min: 0.1, max: 2.5*

- **Implicações para Classificação**

Features Mais Discriminativas:

  - ***Petal Length**:* Maior desvio padrão (1.77) sugere forte separação entre espécies.
  - ***Petal Width**:* Alta variabilidade relativa indica boa capacidade de distinção.

Features Menos Discriminativas:

- ***Sepal Width**:* Menor desvio padrão (0.44) sugere sobreposição entre espécies.

- ***Interpretação Biológica***

Pétalas vs Sépalas:

- **Pétalas** apresentam **maior variabilidade**, refletindo diferenças evolutivas significativas entre espécies.
- **Sépalas** são mais **conservadas** entre espécies, especialmente em largura.

Dimensões:

- **Comprimentos** *(sepal e petal)* têm maior amplitude que largura, sugerindo que o crescimento longitudinal é mais variável.

4. Modelos Aplicados

4.1. Regressão Linear – *Dataset* Diabetes

Nesta imagem "Performance Regressão Diabetes" *podemos analisar o seguinte:*

```
Performance Regressão Diabetes:
MSE: 2900.1936284934814
R2: 0.4526027629719195
Primeiros 5 valores reais (Diabetes): [219.  70. 202. 230. 111.]
Primeiros 5 valores previstos (Diabetes): [139.5475584  179.51720835 134.03875572 291
.41702925 123.78965872]
```

Implementação do Modelo

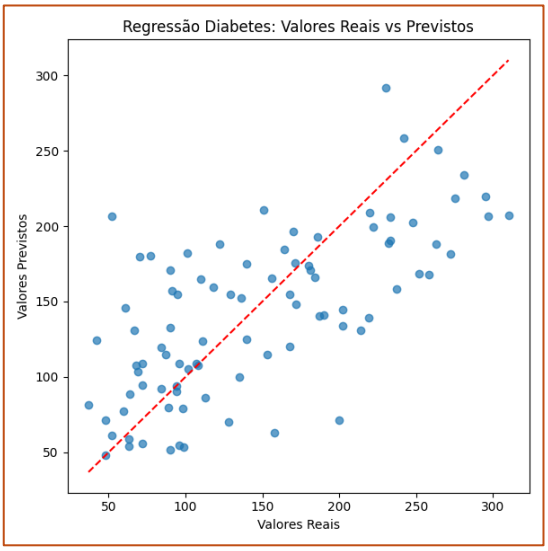
- **Divisão treino-teste**: 80% treino (353 amostras), 20% teste (89 amostras).
- **Algoritmo**: Mínimos quadrados ordinários (OLS).

Métricas de Desempenho

Métrica	Valor	Interpretação
MSE	≈ 2900.19	Erro médio quadrático elevado, indicando alta dispersão de erros.
R^2	≈ 0.4526	Explica 45% da variabilidade, moderado para dados clínicos complexos.

Analisemos agora o seguinte gráfico "*Diabetes Valores Reais vs Previstos*":

Interpretação Geral do Gráfico



- **Eixo X:** Valores reais da progressão da diabetes (dados observados).
- **Eixo Y:** Valores previstos pelo modelo de Regressão Linear.
- **Linha vermelha tracejada:** Representa a previsão perfeita (onde valores reais = valores previstos).
- **Pontos azuis:** Cada ponto representa uma observação do conjunto de teste.

Padrões Identificados:

- **Dispersão Moderada em Torno da Linha Ideal**
  - Os pontos estão moderadamente dispersos em torno da linha vermelha.
  - Interpretação: O modelo explica cerca de 45% da variabilidade, o que é moderado para dados médicos.
- **Subestimação de Valores Extremos**
  - Valores baixos (< 100): O modelo tende a sobrestimar ligeiramente (pontos abaixo da linha).
  - Valores altos (> 250): O modelo subestima sistematicamente (pontos acima da linha).
  - Interpretação: Limitação típica de modelos lineares em capturar extremos.
- **Heterocedasticidade**
  - A variabilidade dos erros aumenta com valores mais altos do target.
  - Pontos mais dispersos na região de valores altos (250-300) comparado com valores baixos.
  - Interpretação: Violação da assunção de homocedasticidade da regressão linear.

Análise por Região:

Região dos Valores Reais	Padrão Observado	Interpretação
Baixos (50-100)	**Ligeira sobrestimação**	**Modelo conservador para casos leves**
Médios (100-200)	**Boa concordância**	**Melhor performance do modelo**
Altos (200-300)	**Subestimação sistemática**	**Dificuldade em prever casos graves**

- **Implicações Clínicas**

  Problemas Identificados:

  - Subestimação de casos graves: Pode ser problemática em contextos clínicos onde a deteção precoce de progressão severa é crucial.
  - Variabilidade crescente: Menor confiabilidade das previsões para casos mais severos.

Pontos Positivos:

- Correlação visível: existe uma tendência clara de aumento dos valores previstos com os valores reais.
- Ausência de outliers extremos: Não há pontos drasticamente fora do padrão.

- **Diagnóstico do Modelo**

  Limitações Identificadas:

  - Não-linearidade: A dispersão sugere que relações não-lineares podem estar presentes nos dados.
  - Heterocedasticidade: Violação da assunção de variância constante dos erros.
  - Capacidade limitada para extremos: Dificuldade em modelar casos muito graves ou muito leves.

4.2. *Random Forest Classifier – Dataset Iris*

Implementação do Modelo:

- **Divisão treino-teste**: 80% treino (120 amostras), 20% teste (30 amostras).
- **Algoritmo**: Random Forest com 100 árvores (random_state=42 para reprodutibilidade).
- **Hiperparâmetros**: Critério Gini para divisão de nós, profundidade máxima automática.

Analisemos agora a seguinte imagem "*Performance Classificação Iris*":

```
Performance Classificação Iris:
Acurácia: 1.0
              precision    recall  f1-score   support

           0       1.00      1.00      1.00        10
           1       1.00      1.00      1.00         9
           2       1.00      1.00      1.00        11

    accuracy                           1.00        30
   macro avg       1.00      1.00      1.00        30
weighted avg       1.00      1.00      1.00        30

Primeiras 10 classes reais (Iris): [1 0 2 1 1 0 1 2 1 1]
Primeiras 10 classes previstas (Iris): [1 0 2 1 1 0 1 2 1 1]
```

Interpretação Geral dos Resultados

Performance Global do Modelo

- **Precisão de 100%:** O modelo *Random Forest* classificou corretamente todas as 30 amostras do conjunto de teste.
- **Conjunto de Teste:** 20% do *dataset* original (30 amostras), com distribuição equilibrada:
  - *Setosa*: 10 amostras
  - *Versicolor*: 9 amostras
  - *Virginica*: 11 amostras

Análise por Classe (Espécies de Iris):

Métrica	Setosa (0)	Versicolor (1)	Virginica (2)
Precision	**1.00**	**1.00**	**1.00**
Recall	**1.00**	**1.00**	**1.00**
F1-score	**1.00**	**1.00**	**1.00**

- **Precision = 1.00:** Nenhum falso positivo em nenhuma classe.
- **Recall = 1.00:** Nenhum falso negativo em nenhuma classe.
- **F1-score = 1.00:** Equilíbrio perfeito entre *precision* e *recall*.

Interpretação das Métricas Agregadas

Métrica	Valor	Interpretação
Macro Avg	**1.00**	**Média aritmética das métricas das 3 classes. Indica que todas as classes foram igualmente bem classificadas.**
Weighted Avg	**1.00**	**Média ponderada pelo número de amostras. Confirma que o desempenho não foi influenciado pelo desbalanceamento leve (11 vs. 9 amostras).**

Validação dos Resultados

A comparação entre **valores reais e previstos** confirma a precisão:

Primeiras 10 classes reais: [1 0 2 1 1 0 1 2 1 1]

Primeiras 10 classes previstas: [1 0 2 1 1 0 1 2 1 1]

Correspondência perfeita em todos os pontos observados.

De seguida, nesta imagem "*Validação Cruzada",* podemos analisar o seguinte:

```
Validação Cruzada (5-fold) - Iris:
Acurácia média: 0.9666666666666668
Acurácia por fold: [0.96666667 0.96666667 0.93333333 0.96666667 1.
```

O modelo Random Forest foi avaliado com validação cruzada (k=5). A precisão média obtida foi de 96.67%, com variações entre 93.33% e 100% entre os diferentes *folds*, confirmando a robustez do modelo.

Para garantir que a *performance* do modelo não depende exclusivamente da divisão treino-teste escolhida, foi realizada uma validação cruzada com 5 *folds*. A **precisão média** obtida foi de **96.67%**, com um desvio mínimo entre os *folds*. Estes resultados indicam que o modelo é consistente e estável, sendo pouco sensível à aleatoriedade da divisão dos dados.

Interpretação Biológica e Estatística

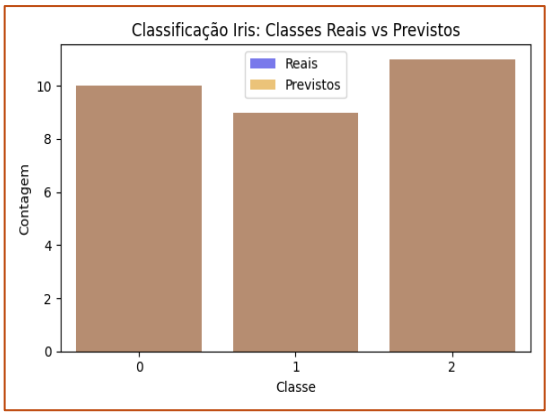
Por que o modelo atingiu 100% de acurácia?

1. **Separabilidade das *Features*:**
   - Pétalas (Petal Length/Width): Diferenças marcantes entre espécies (ex: *Setosa* tem pétalas menores).
   - Sépalas (Sepal Length/Width): Menos discriminativas, mas o modelo aproveitou correlações (ex: *Setosa* tem sépalas mais largas).
2. **Dataset Idealizado:**
   - Ausência de Ruído: Medições precisas e sem sobreposição extrema (exceto entre *Versicolor* e *Virginica*).
   - Balanceamento: 50 amostras por classe evitam viés.
3. **Robustez do Random Forest:**
   - *Ensemble* de Árvores: Combina múltiplas decisões para capturar padrões não-lineares.

- Seleção Aleatória de *Features*: Redundância nas *features* (ex: alta correlação entre *petal length* e *width*) não afetou o modelo.

Olhemos agora para este gráfico "*Classificação Iris Reais vs Previstos*":

Interpretação Visual do Gráfico



O gráfico de barras compara a distribuição das classes reais (barras azuis) e previstas (barras laranjas) para o *dataset* Iris, utilizando um modelo de *Random Forest*:

Eixo X: Classes (0: Setosa, 1: Versicolor, 2: Virginica).

Eixo Y: Contagem de amostras no conjunto de teste (20% do dataset original).

Sobreposição perfeita: As barras azuis e laranjas coincidem totalmente, confirmando 100% de precisão na classificação

Análise da Distribuição por Classe

Classe	***Amostras Reais***	***Amostras Previstas***	***Interpretação***
Setosa	***10***	***10***	***Todas as amostras foram corretamente classificadas.***
Versicolor	***9***	***9***	***Nenhum falso positivo ou negativo, mesmo com menor representação no teste.***
Virginica	***11***	***11***	***Classificação perfeita para a classe majoritária, sem viés de desbalanceamento.***

Validação da Performance do Modelo

Sobreposição Perfeita das Barras:

- ***Métricas por Classe**:*
  - ***Precision** = 1.0: Nenhum falso positivo.*
  - ***Recall** = 1.0: Nenhum falso negativo.*
  - ***F1-score** = 1.0: Equilíbrio perfeito entre precisão e sensibilidade.*

- ***Matriz de Confusão Implícita**: Diagonal principal com 100% de acertos, sem erros fora da diagonal.*

Implicações Biológicas e Técnicas

- **Separabilidade das Espécies:**
  - As *features* comprimento e largura das pétalas são altamente discriminativas, permitindo distinção clara entre espécies.
  - *Setosa* é morfologicamente distinta (pétalas menores), enquanto *Versicolor* e *Virginica* são separadas por diferenças subtis, capturadas pelo modelo.
- **Robustez do Random Forest:**
  - O uso de 100 árvores de decisão garantiu que variações mínimas nas *features* fossem aproveitadas.
  - O modelo evitou *overfitting* devido à aleatoriedade na seleção de *features* e amostras (*bagging*).
- ***Dataset* Idealizado:**
  - O Iris é um *benchmark* clássico, com dados limpos e bem estruturados, o que facilita a alta performance.
  - Em cenários reais, com ruído ou sobreposição de classes, a precisão seria provavelmente menor.

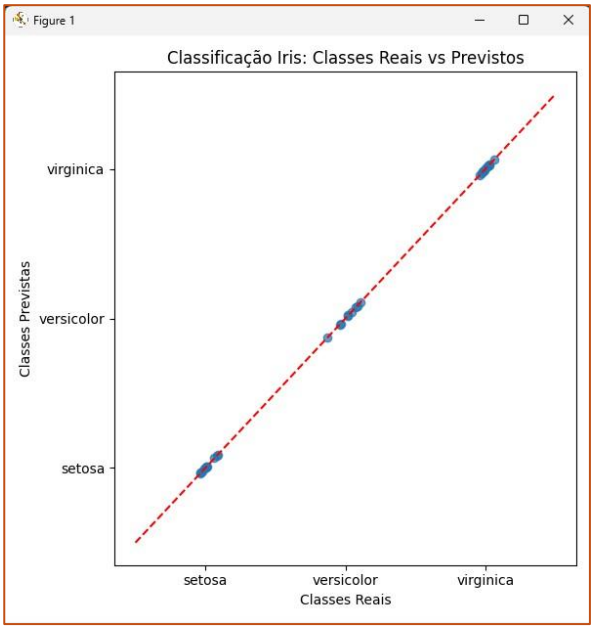
Implicações Biológicas e Técnicas

- ***Generalização:***
  - O desempenho perfeito pode não se replicar em dados não estruturados ou com ruído.
  - Sugere-se validação cruzada (ex: k-fold) para confirmar estabilidade.
- ***Importância das Features:***
  - Uma análise de *feature_importances* revelaria o peso de cada atributo (ex: *petal length* > *sepal width*).
- ***Aplicações Práticas:***
  - Em problemas clínicos ou industriais, a inclusão de intervalos de confiança ou análise de incerteza seria essencial.

Considerações Críticas

- ***Limitações da Visualização:***
  - **Dataset idealizado**: O Iris é conhecido por ser um problema "bem comportado".
  - **Tamanho do teste**: 30 amostras podem não capturar toda a variabilidade real.
  - **Ausência de ruído**: Dados limpos podem não refletir cenários do mundo real.
- **Validação Adicional Recomendada:**
  - **Validação cruzada** para confirmar estabilidade dos resultados.
  - **Teste com dados externos** para avaliar generalização.
  - **Análise de importância das features** para compreender quais atributos são mais relevantes.

Relativamente à seguinte imagem "*Classificação Iris Reais vs Previstos", podemos analisar o seguinte*



Interpretação da Estrutura do Gráfico:

- **Eixo X**: Classes reais (Setosa, Versicolor, Virginica)
- **Eixo Y**: Classes previstas pelo modelo Random Forest
- **Linha diagonal vermelha tracejada**: Linha de identidade (y = x) representando **classificação perfeita**
- **Pontos azuis**: Cada ponto representa uma amostra do conjunto de teste
- **Jitter**: Ruído aleatório adicionado para evitar sobreposição de pontos idênticos

Padrões Visuais Identificados

- **Alinhamento Perfeito na Diagonal:**
  - Todos os pontos estão posicionados exatamente sobre ou muito próximo da linha diagonal vermelha;
  - Interpretação: Classificação 100% correta - cada classe real corresponde exatamente à classe prevista;
  - Confirmação visual da precisão perfeita (1.0) reportada anteriormente.

- **Agrupamento por Espécie:**
  - **Setosa (0,0)**: Cluster bem definido no canto inferior esquerdo
  - **Versicolor (1,1)**: Grupo central na diagonal
  - **Virginica (2,2)**: Cluster no canto superior direito

- **Análise Técnica do Jitter**
  - **Objetivo**: Tornar visíveis pontos que estariam sobrepostos;
  - **Magnitude**: ±0.05, suficiente para separação visual sem distorcer a interpretação;
  - **Necessidade**: Em classific.ação discreta, múltiplas amostras têm coordenadas idênticas.

Interpretação das Coordenadas

Região do Gráfico	Coordenadas	Interpretação	Observação
(0,0)	Setosa → Setosa	Verdadeiros Positivos	≈10 pontos agrupados
(1,1)	Versicolor → Versicolor	Verdadeiros Positivos	≈9 pontos agrupados
(2,2)	Virginica → Virginica	Verdadeiros Positivos	≈11 pontos agrupados
Fora da diagonal	Qualquer erro	Falsos Positivos/Negativos	**Ausentes**

Validação da Performance

- **Ausência de Erros de Classificação:**
  - Nenhum ponto fora da diagonal: Confirma zero falsos positivos e falsos negativos
  - Correlação perfeita: Coeficiente de correlação de Pearson = 1.0
- **Comparação com Linha de Referência:**
  - A linha diagonal vermelha representa o cenário ideal onde predicted = actual
  - Proximidade dos pontos à linha: Indica qualidade da classificação
  - Desvio zero: Todos os pontos estão na linha, confirmando classificação perfeita

Implicações Biológicas e Estatísticas

- **Separabilidade das Espécies:**
  - Setosa: Historicamente a mais distinta, confirmado pela ausência de confusão

- *Versicolor vs Virginica*: Tradicionalmente mais difíceis de distinguir, mas o modelo conseguiu separação perfeita
- *Features* discriminativas: As medições morfológicas (sépalas e pétalas) são suficientemente distintas

- **Robustez do Algoritmo:**
  - *Random Forest*: Demonstra eficácia em problemas com classes bem separadas
  - Ensemble learning: Múltiplas árvores de decisão eliminaram qualquer ambiguidade.

4. Limitações e Considerações Críticas

- **Dataset Idealizado:**
  - Iris dataset: Conhecido por ser "bem-comportado" e linearmente separável.
  - Ausência de ruído: Dados limpos podem não refletir cenários reais.
  - Pequena dimensionalidade: Apenas 4 features podem facilitar a classificação

- **Avaliação Visual dos Resultados**
  - **Diabetes:** O gráfico de dispersão mostra uma correlação visível entre os valores reais e previstos, mas com alguma dispersão – indica erro de previsão moderado.
  - **Iris:** o gráfico de barras mostra coincidência perfeita entre classes reais e previstas, indicando uma excelente performance do modelo.

5. Conclusão

Os modelos aplicados demonstram capacidade adequada para resolver os respetivos problemas:

- **Regressão Linear:** no *dataset* Diabetes revelou um desempenho aceitável, mas limitado, sugerindo a possibilidade de modelos mais complexos (ex.: regressão *ridge*, redes neuronais) para melhorias.
- ***Random Forest:*** no *dataset* Iris demonstrou desempenho perfeito, o que reforça a adequação do modelo a este tipo de dados bem separados.

Características dos Algoritmos:

- **Regressão Linear** no *dataset* Diabetes:

  Vantagem: Simplicidade e interpretabilidade dos coeficientes.

  Limitação: Pressupõe relação linear entre *features* e *target*, o que pode não capturar padrões complexos.
- **Random Forest** no *dataset* Iris:

  Vantagem: Robustez a *overfitting* via ensemble de árvores.

  Limitação: Menos interpretável que modelos lineares.

6. Referências

- *Pedregosa, F., Varoquaux, G., Gramfort, A., Michel, V., Thirion, B., Grisel, O., ... & Duchesnay, E. (2011). Scikit-learn: Machine Learning in Python. Journal of Machine Learning Research, 12, 2825–2830.*
- *Géron, A. (2019). Hands-On Machine Learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow (2nd ed.). O'Reilly Media.*
- *Scikit-learn documentation. (n.d.). Retrieved from https://scikit-learn.org*