**Alunos da equipe:**

Marlon Mateus Prudente de Oliveira

**Seed utilizado:** 2034

(Ano atual com 4 dígitos + 2 algarismos do dígito verificador do CPF de um dos integrantes)

**Especificações**:

O trabalho pode ser feito por uma equipe de 1 a 6 integrantes.

Para cada problema, preencher as colunas dos quadros com o que pede. Além disso, fazer as solicitações pedidas antes dos quadros.

**CLASSIFICAÇÃO**

Para o experimento de Classificação:

* Ordenar pela Acurácia (descendente), ou seja, a técnica de melhor acurácia ficará em primeiro na tabela.
* Após o quadro colocar:
  + Um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior Acurácia (criar um arquivo com novos casos à sua escolha)
  + A lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Veículo**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **Acurácia** | **Matriz de Confusão** |
| KNN | k=01 | 0,6467 |  |
| RNA – Hold-out | size=05 decay=0,1 | 0,7006 |  |
| RNA – CV | size=05 decay=0,1 | 0,7725 |  |
| SVM – Hold-out | C=1 Sigma=0,07465274 | 0,7784 |  |
| SVM – CV | C=1 Sigma=0,07465274 | 0,7784 |  |
| RF – Hold-out | mtry=02 | 0,7605 |  |
| RF – CV | mtry=18 | 0,7784 |  |

**Diabetes**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **Acurácia** | **Matriz de Confusão** |
| KNN | k=10 | 0,7451 |  |
| RNA – Hold-out | size=03 decay=0,1 | 0,817 |  |
| RNA – CV | size=05 decay=0,1 | 0,7843 |  |
| SVM – Hold-out | C=0,25 Sigma=0,1090209 | 0,7908 |  |
| SVM – CV | C=0,25 Sigma=0,1090209 | 0,7908 |  |
| RF – Hold-out | mtry=02 | 0,7712 |  |
| RF – CV | mtry=02 | 0,7843 |  |

**REGRESSÃO**

Para o experimento de Regressão:

* Ordenar por R2 descendente, ou seja, a técnica de melhor R2 ficará em primeiro na tabela.
* Após o quadro, colocar:
  + Um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior R2 (criar um arquivo com novos casos à sua escolha)
  + O Gráfico de Resíduos para a técnica/parâmetro de maior R2
  + A lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Admissão**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **R2** | **Syx** | **Pearson** | **Rmse** | **MAE** |
| KNN | K=10 | 0,7337591 | 0,07730253 | 0,8578415 | 0,07449058 | 0,05307143 |
| RNA – Hold-out | size=05 decay=0,1 | 0,76 | 0,073 | 0,89 | 0,07 | 0,054 |
| RNA – CV | size=05 decay=0,1 | 0,76 | 0,073 | 0,89 | 0,07 | 0,054 |
| SVM – Hold-out | C=0,5 Sigma=0,1599276 | 0,8034357 | 0,0664215 | 0,9032343 | 0,06400535 | 0,0452094 |
| SVM – CV | C=01 Sigma=0,1599276 | 0,8107899 | 0,06516711 | 0,9046141 | 0,0627966 | 0,04506664 |
| RF – Hold-out | mtry=02 | 0,8133655 | 0,06472206 | 0,9057414 | 0,06236773 | 0,04237825 |
| RF – CV | mtry=02 | 0,8138969 | 0,06462985 | 0,9064265 | 0,06227888 | 0,04290906 |

**Biomassa**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **R2** | **Syx** | **Pearson** | **Rmse** | **MAE** |
| KNN | K=03 | 0,6579974 | 1448,066 | 0,959401 | 1411,4 | 233,0013 |
| RNA – Hold-out | size=01 decay=0,00001 | 0,71 | 1324 | 0,97 | 1290 | 227 |
| RNA – CV | size=01 decay=0,00001 | 0,71 | 1324 | 0,97 | 1290 | 227 |
| SVM – Hold-out | C=01 Sigma=0,9115381 | 0,1081935 | 2338,347 | 0,4142891 | 2279,139 | 392,8353 |
| SVM – CV | C=01 Sigma=0,9115381 | 0,1081935 | 2338,347 | 0,4142891 | 2279,139 | 392,8353 |
| RF – Hold-out | mtry=02 | 0,6397223 | 1486,252 | 0,9529809 | 1448,619 | 241,0877 |
| RF – CV | mtry=03 | 0,6501568 | 1464,571 | 0,9574702 | 1427,487 | 238,9709 |

**AGRUPAMENTO**

**Veículo**

Lista de Clusters gerados:

K-means clustering with 10 clusters of sizes 124, 101, 27, 80, 59, 22, 121, 65, 66, 181

10 primeiras linhas do arquivo com o cluster correspondente.

Usa 10 clusters no experimento.

Colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**REGRAS DE ASSOCIAÇÃO**

**Musculação**

Regras geradas com uma configuração de Suporte e Confiança.

Colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos