Comparação de KFold e StratifiedKFold no SVM

Este projeto realiza uma comparação entre os métodos de validação cruzada KFold e StratifiedKFold utilizando o algoritmo SVM (Support Vector Machine).

O objetivo é demonstrar como a escolha da técnica de validação impacta os resultados de classificação em bases de dados biomédicas, onde o equilíbrio entre classes é essencial.

Estrutura do Projeto

- Comparacao_Completa_KFold_StratifiedKFold_SVM.ipynb → Notebook com todo o código comentado e documentado.
- README.md → Este arquivo com explicações sobre o projeto.

Tecnologias Utilizadas

- Python 3.10+
- Bibliotecas principais:
 - numpy
 - pandas
 - matplotlib
 - seaborn
 - scikit-learn

📑 Etapas do Projeto

1. Importação e exploração dos dados

- Utilização do Pima Indians Diabetes Dataset.
- Análise da distribuição das classes (diabético x não diabético).

2. Separação de Features e Target

• Variáveis explicativas (X) e variável alvo (y).

3. Treinamento com KFold (10 divisões)

• Avaliação da acurácia média e desvio padrão.

4. Treinamento com StratifiedKFold (10 divisões)

Avaliação da acurácia média e desvio padrão.

5. Comparação gráfica dos métodos

• Boxplot comparando KFold e StratifiedKFold.

6. Treinamento do modelo final

- SVM treinado com StratifiedKFold (mais robusto).
- Avaliação em conjunto de teste separado.
- Relatório de classificação (Precisão, Recall, F1-Score).
- Matriz de confusão.

Resultados Obtidos

- KFold (10):
 - Acurácia média ≈ 0.7643
 - Desvio padrão ≈ 0.0574
- StratifiedKFold (10):
 - Acurácia média ≈ 0.7708
 - Desvio padrão ≈ 0.0239

→ O StratifiedKFold apresentou resultados mais consistentes, já que mantém a proporção entre as classes em cada partição, evitando desequilíbrios.

✓ Visualizações

- Distribuição das classes (0 = não diabético | 1 = diabético)
- Comparação gráfica das acurácias (Boxplot)
- Matriz de confusão do modelo final