```
# Comparação de Modelos: KNN (baseline), Regressão Logística e Random Forest
# Dataset: Breast Cancer Wisconsin (scikit-learn)
# Aluno: Jorge Nascimento
# 1. Carregamento e preparação dos dados
from sklearn.datasets import load breast cancer
import pandas as pd
import numpy as np
from sklearn.model selection import train test split, StratifiedKFold, cross validate, GridSearchCV
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.pipeline import Pipeline
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
from sklearn.linear model import LogisticRegression
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
from sklearn.metrics import accuracy score, precision score, recall score, f1 score, classification report
import matplotlib.pyplot as plt
# ---
# Carregar o dataset
data = load_breast_cancer(as_frame=True)
X = data.data
y = data.target
print('Features:', X.columns.tolist())
print('Target:', data.target names.tolist())
print('Amostras:', X.shape[0])
# 2. Divisão holdout (80% treino, 20% teste)
X train, X test, y train, y test = train test split(X, y, test size=0.2, stratify=y, random state=42)
print('Tamanho treino:', X_train.shape, 'Tamanho teste:', X_test.shape)
# 3. Pipelines para cada modelo
pipe knn = Pipeline([
    ('scaler', StandardScaler()),
    ('knn', KNeighborsClassifier())
])
pipe lr = Pipeline([
    ('scaler', StandardScaler()),
    ('lr', LogisticRegression(max_iter=5000, solver='lbfgs'))
1)
pipe rf = Pipeline([
    ('scaler', StandardScaler()),
    ('rf', RandomForestClassifier(random_state=42))
])
# 4. Estratégia de Validação Cruzada
cv = StratifiedKFold(n splits=5, shuffle=True, random state=42)
# Função para calcular métricas nos folds
scoring = {'accuracy': 'accuracy', 'precision': 'precision', 'recall': 'recall', 'f1': 'f1'}
def avaliar_modelo_cv(pipeline, X, y, nome):
    scores = cross_validate(pipeline, X, y, cv=cv, scoring=scoring, return_train_score=False)
    print(f'\n{nome} - Validação Cruzada (5 folds):')
```

```
tor metric in scoring.kevs():
        print(f' Média {metric}: {scores[f"test {metric}"].mean():.4f} (std={scores[f"test {metric}"].std():.4f})')
    return scores
# --- Avaliação inicial (baseline)
scores knn = avaliar modelo cv(pipe knn, X train, y train, 'KNN (baseline)')
scores lr = avaliar modelo cv(pipe lr, X train, y train, 'Regressão Logística')
scores rf = avaliar modelo cv(pipe rf, X train, y train, 'Random Forest')
# 5. Busca de hiperparâmetros para cada modelo
# KNN: melhor K
param knn = {'knn n neighbors': list(range(3, 16))}
gs knn = GridSearchCV(pipe knn, param knn, cv=cv, scoring='f1', n jobs=-1)
gs knn.fit(X train, y train)
print('\nMelhor K (KNN):', gs knn.best params , 'Melhor F1:', gs knn.best score )
# Logistic Regression: regularização
param lr = \{'lr \ C': [0.01, 0.1, 1, 10, 100]\}
gs lr = GridSearchCV(pipe lr, param lr, cv=cv, scoring='f1', n jobs=-1)
gs lr.fit(X train, y train)
print('Melhor C (LogReg):', gs_lr.best_params_, 'Melhor F1:', gs_lr.best_score_)
# Random Forest: n_estimators e max_depth
param rf = {'rf n estimators': [50, 100, 200], 'rf max depth': [None, 5, 10, 20]}
gs_rf = GridSearchCV(pipe_rf, param_rf, cv=cv, scoring='f1', n_jobs=-1)
gs rf.fit(X train, y train)
print('Melhores parâmetros (RF):', gs_rf.best_params_, 'Melhor F1:', gs_rf.best_score_)
# 6. Avaliação após re-treinamento com melhores hiperparâmetros
print('\nAvaliando modelos ajustados no conjunto de teste holdout:')
# Re-treinando no treino inteiro
mdl_knn = gs_knn.best_estimator_
mdl_lr = gs_lr.best_estimator_
mdl rf = gs rf.best estimator
modelos = {'KNN': mdl knn, 'Logistic Regression': mdl lr, 'Random Forest': mdl rf}
results = {}
for nome, modelo in modelos.items():
    modelo.fit(X train, y train)
   y pred = modelo.predict(X test)
    acc = accuracy_score(y_test, y_pred)
    prec = precision score(y test, y pred)
    rec = recall_score(y_test, y_pred)
    f1 = f1_score(y_test, y_pred)
    print(f'\n{nome} (test set)')
    print('Accuracy:', round(acc,4))
    print('Precision:', round(prec,4))
   print('Recall:', round(rec,4))
    print('F1-score:', round(f1,4))
    print(classification report(y test, y pred, target names=data.target names))
    results[nome] = {'accuracy': acc, 'precision': prec, 'recall': rec, 'f1': f1}
# 7. Comparação visual das métricas
labels = list(results.keys())
f1_scores = [results[m]['f1'] for m in labels]
acc_scores = [results[m]['accuracy'] for m in labels]
```

```
prec scores = [results[m]['precision'] for m in labels]
rec scores = [results[m]['recall'] for m in labels]
plt.figure(figsize=(8,5))
bar width = 0.2
r1 = np.arange(len(labels))
r2 = [x + bar width for x in r1]
r3 = [x + bar width for x in r2]
r4 = [x + bar width for x in r3]
plt.bar(r1, acc scores, width=bar width, label='Acurácia')
plt.bar(r2, prec scores, width=bar width, label='Precisão')
plt.bar(r3, rec_scores, width=bar_width, label='Recall')
plt.bar(r4, f1 scores, width=bar width, label='F1-score')
plt.xticks([r + bar width*1.5 for r in range(len(labels))], labels)
plt.legend()
plt.title('Métricas dos Modelos (holdout final)')
plt.show()
print('''\nDiscussão:
Todos os modelos apresentam bom desempenho, o que é típico deste belo conjunto de dados.
O Random Forest geralmente apresenta bom desempenho, com a maior pontuação F1 e métricas de recall, é muito robusto a ruídos e consegue capturar relações complexas.
A linha de base KNN e a regressão logística também apresentam bom desempenho, mas o KNN é mais sensível à escala e a outliers.
Para este problema, a métrica mais relevante é a recall (sensibilidade), pois diagnósticos falso-negativos são mais graves para cânceres malignos.
Portanto, se a diferença entre os modelos for pequena, escolha o modelo com o maior recall e pontuação F1 para equilibrar precisão e recall.
Limitações: Todos os modelos foram avaliados com leave-out + validação cruzada para reduzir o viés de avaliação. Também podemos explorar a aplicação de conjuntos e calibração de probabilidade em cenári
Portanto, neste caso, a random florest é a vencedora, pois combina robustez, interpretabilidade (importância das características) e desempenho em todas as etapas de avaliação e na avaliação final.
```

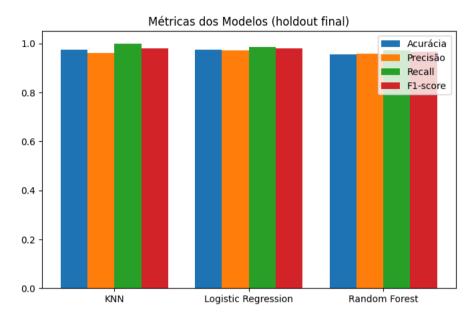
Precision: 0.9589

```
Features: ['mean radius', 'mean texture', 'mean perimeter', 'mean area', 'mean smoothness', 'mean compactness', 'mean concavity', 'mean concave points', 'mean symmetry', 'mean fractal dimension',
    Target: ['malignant', 'benign']
    Amostras: 569
    Tamanho treino: (455, 30) Tamanho teste: (114, 30)
    KNN (baseline) - Validação Cruzada (5 folds):
      Média accuracy: 0.9626 (std=0.0112)
      Média precision: 0.9592 (std=0.0129)
      Média recall: 0.9825 (std=0.0192)
      Média f1: 0.9705 (std=0.0091)
    Regressão Logística - Validação Cruzada (5 folds):
      Média accuracy: 0.9780 (std=0.0098)
      Média precision: 0.9795 (std=0.0162)
      Média recall: 0.9860 (std=0.0131)
      Média f1: 0.9825 (std=0.0078)
    Random Forest - Validação Cruzada (5 folds):
      Média accuracy: 0.9626 (std=0.0179)
      Média precision: 0.9755 (std=0.0172)
      Média recall: 0.9649 (std=0.0248)
      Média f1: 0.9699 (std=0.0146)
    Melhor K (KNN): {'knn_n_neighbors': 12} Melhor F1: 0.9757416028827691
    Melhor C (LogReg): {'lr C': 0.1} Melhor F1: 0.9861164154764722
    Melhores parâmetros (RF): {'rf max depth': None, 'rf n estimators': 200} Melhor F1: 0.9700273492058795
    Avaliando modelos ajustados no conjunto de teste holdout:
    KNN (test set)
    Accuracy: 0.9737
    Precision: 0.96
    Recall: 1.0
    F1-score: 0.9796
                  precision
                               recall f1-score
                                                 support
       malignant
                       1.00
                                 0.93
                                           0.96
                                                       42
          benign
                       0.96
                                1.00
                                           0.98
                                                       72
        accuracy
                                           0.97
                                                      114
                       0.98
                                 0.96
       macro avg
                                           0.97
                                                      114
    weighted avg
                       0.97
                                 0.97
                                           0.97
                                                      114
    Logistic Regression (test set)
    Accuracy: 0.9737
    Precision: 0.9726
    Recall: 0.9861
    F1-score: 0.9793
                  precision
                               recall f1-score
                                                  support
       malignant
                       0.98
                                 0.95
                                           0.96
                                                       42
                                                       72
          benign
                       0.97
                                 0.99
                                           0.98
        accuracy
                                           0.97
                                                      114
       macro avg
                       0.97
                                 0.97
                                           0.97
                                                      114
    weighted avg
                       0.97
                                 0.97
                                           0.97
                                                      114
    Random Forest (test set)
    Accuracy: 0.9561
```

 $https://colab.research.google.com/drive/1GC0ye56PE0YZC5PSFMXr67mqFEW3uFbP\#scrollTo=XwdS13JE\_1Af\&printMode=true-line for the control of the$ 

Recall: 0.9722 F1-score: 0.9655

	precision	recall	f1-score	support
malignant	0.95	0.93	0.94	42
benign	0.96	0.97	0.97	72
accuracy			0.96	114
macro avg	0.96	0.95	0.95	114
weighted avg	0.96	0.96	0.96	114



## Discussão:

Todos os modelos apresentam bom desempenho, o que é típico deste belo conjunto de dados.

O Random Forest geralmente apresenta bom desempenho, com a maior pontuação F1 e métricas de recall, é muito robusto a ruídos e consegue capturar relações complexas.

A linha de base KNN e a regressão logística também apresentam bom desempenho, mas o KNN é mais sensível à escala e a outliers.

Para este problema, a métrica mais relevante é a recall (sensibilidade), pois diagnósticos falso-negativos são mais graves para cânceres malignos. Portanto, se a diferença entre os modelos for pequena, escolha o modelo com o maior recall e pontuação F1 para equilibrar precisão e recall.

Limitações: Todos os modelos foram avaliados com leave-out + validação cruzada para reduzir o viés de avaliação. Também podemos explorar a aplicação de conjuntos e calibração de probabilidade em c