**Aluno: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_**

**Seed utilizado(CPF): \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_**

**Trabalho Final**

**CLASSIFICAÇÃO**

**Veículo**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **Acurácia** | **Matriz de Confusão** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |
| KNN – Melhor modelo | K=XX |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |

Obs: Ordenar pela Acurácia (descendente)

Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior Acurácia

Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Imposto de Renda**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **Acurácia** | **Matriz de Confusão** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |

Obs: Ordenar pela Acurácia (descendente)

Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior Acurácia

Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Diabetes**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **Acurácia** | **Matriz de Confusão** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |

Obs: Ordenar pela Acurácia (descendente)

Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior Acurácia

Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Banco**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **Acurácia** | **Matriz de Confusão** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |

Obs: Ordenar pela Acurácia (descendente)

Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior Acurácia

Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Previsão do Tempo**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **Acurácia** | **Matriz de Confusão** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |

Obs: Ordenar pela Acurácia (descendente)

Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior Acurácia

Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**REGRESSÃO**

**Biomassa**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **R2** | **Syx** | **Pearson** | **Rmse** | **MAE** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |  |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |  |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |  |  |  |

Observações:

* Ordenar por R2 descendente
* Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior R2
* Colocar o Gráfico de Resíduos para a técnica/parâmetro de maior R2
* Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Admissão**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **R2** | **Syx** | **Pearson** | **Rmse** | **MAE** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |  |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |  |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |  |  |  |

Observações:

* Ordenar por R2 descendente
* Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior R2
* Colocar o Gráfico de Resíduos para a técnica/parâmetro de maior R2
* Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**Alunos do Ensino Médio**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Técnica** | **Parâmetro** | **R2** | **Syx** | **Pearson** | **Rmse** | **MAE** |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – Melhor modelo | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| KNN | k=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – Melhor modelo | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |  |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |  |  |  |
| RF – Melhor modelo | mtry=XX |  |  |  |  |  |

Observações:

* Ordenar por R2 descendente
* Colocar um resultado com 3 linhas com a predição de novos casos para a técnica/parâmetro de maior R2
* Colocar o Gráfico de Resíduos para a técnica/parâmetro de maior R2
* Após o quadro, colocar a lista de comandos emitidos no RStudio para conseguir os resultados obtidos

**AGRUPAMENTO**

**Íris**

Lista de Clusters gerados:

10 primeiras linhas do arquivo com o cluster correspondente.

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

**Móveis**

Lista de Clusters gerados:

10 primeiras linhas do arquivo com o cluster correspondente.

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

**Câncer de Mama**

Lista de Clusters gerados:

10 primeiras linhas do arquivo com o cluster correspondente.

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

**Veículo**

Lista de Clusters gerados:

10 primeiras linhas do arquivo com o cluster correspondente.

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

**Banco**

Lista de Clusters gerados:

10 primeiras linhas do arquivo com o cluster correspondente.

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

**REGRAS DE ASSOCIAÇÃO**

**Lista de Compras**

Regras geradas com 3 configurações de Suporte e Confiança.

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

**Musculação**

Regras geradas com 3 configurações de Suporte e Confiança.

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