**Alunos da equipe:** \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Seed utilizado: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

(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=XX |  |  |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |

**Diabetes**

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

**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=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – Hold-out | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| RNA – CV | size=XX decay=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – Hold-out | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| SVM – CV | C=XX Sigma=XX |  |  |  |  |  |
| RF – Hold-out | mtry=XX |  |  |  |  |  |
| RF – CV | mtry=XX |  |  |  |  |  |

**Biomassa**

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

**AGRUPAMENTO**

**Veículo**

Lista de Clusters gerados:

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