Punto 1:

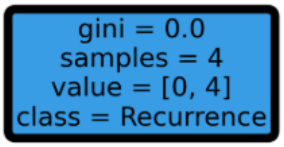
Obbiettivo: costruire un albero decisionale con profondità massima 5 per determina se e il tumore sia un evento ricorrente o non ricorrente nella vita della paziente.

Risultati: Dopo un'attenta fase di pre-processing dei dati e encoding di è ottenuto che l'attributo più discriminante era "inv-nodes" e l'albero ha un'altezza di 5. Sono state individuate alcune partizioni pure.

Codice pre- processing:

```
categorical_columns = ['menopause', 'breast', 'breast-quad', 'irradiat']

# Encoding della classe target (Label Encoding)
label_encoder = LabelEncoder()
data['Class'] = label_encoder.fit_transform(data['Class'])  # "recurrence-events" -> 1, "no-recurrence-events" -> 0



# One-Hot Encoding
data = pd.get_dummies(data, columns=categorical_columns, drop_first=True)
data['node-caps'] = data['node-caps'].map({'yes': 0.5, 'no': 0, '?': 1})

def process_intervals(column):
    return column.str.split('-', expand=True).astype(float).mean(axis=1)

interval_columns = ['age', 'tumor-size', 'inv-nodes']
for col in interval_columns:
    data[col] = process_intervals(data[col])
```

Partizione pura:



Punto 2:

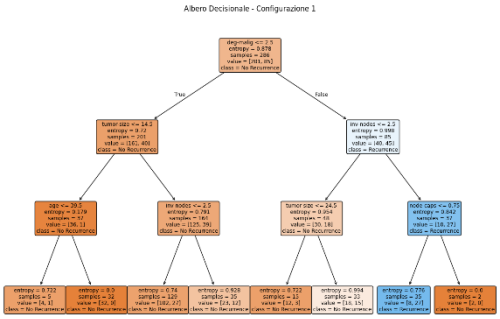
Obbiettivo: Analizzare vari alberi decisionali ottenuti con il criterio di partizione basato sull'entropia usando parametri quali impurità minima, minimo di campioni per ogni foglia e profondità massima.

Risultati: Sono stati generati diversi alberi variando i parametri e si è visto quanto possano essere diversi l'uno dall'altro. Nelle immagini seguenti sono riportate configurazioni e viste degli alberi.

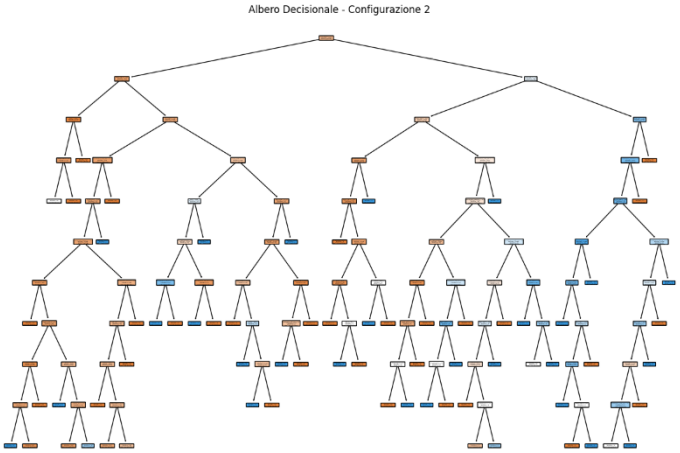
Configurazioni:

```
configurations = [
    {"criterion": "entropy", "max_depth": 3},  # Configurazione 1
    {"criterion": "entropy", "max_depth": 10},  # Configurazione 2
    {"criterion": "entropy", "min_samples_leaf": 5},  # Configurazione 3
    {"criterion": "entropy", "min_impurity_decrease": 0.01},  # Configurazione 4
    {"criterion": "entropy", "max_depth": 10, "min_samples_leaf": 5, "min_impurity_decrease": 0.01},
]
```

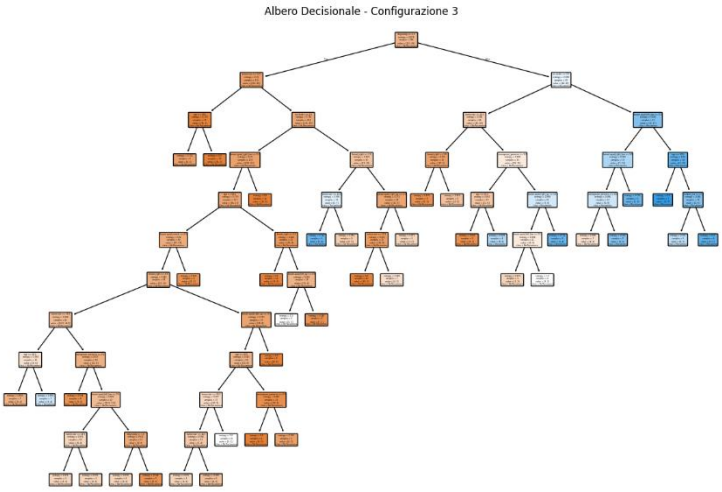
Albero 1:



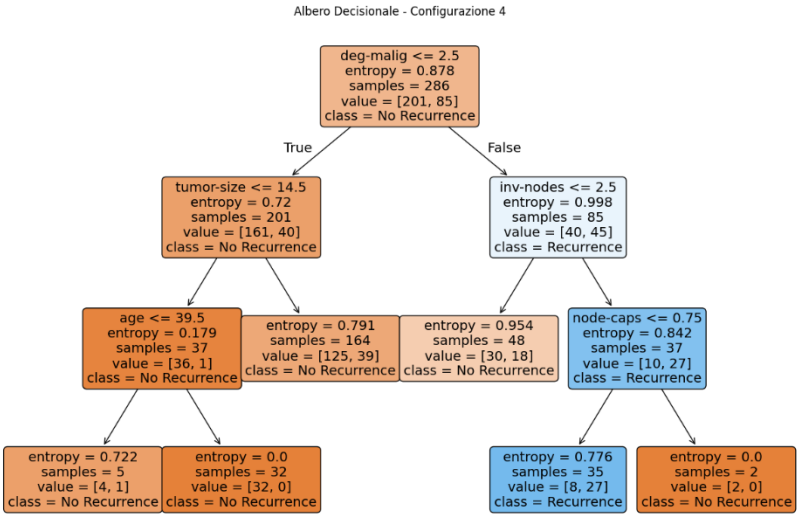
Albero 2:



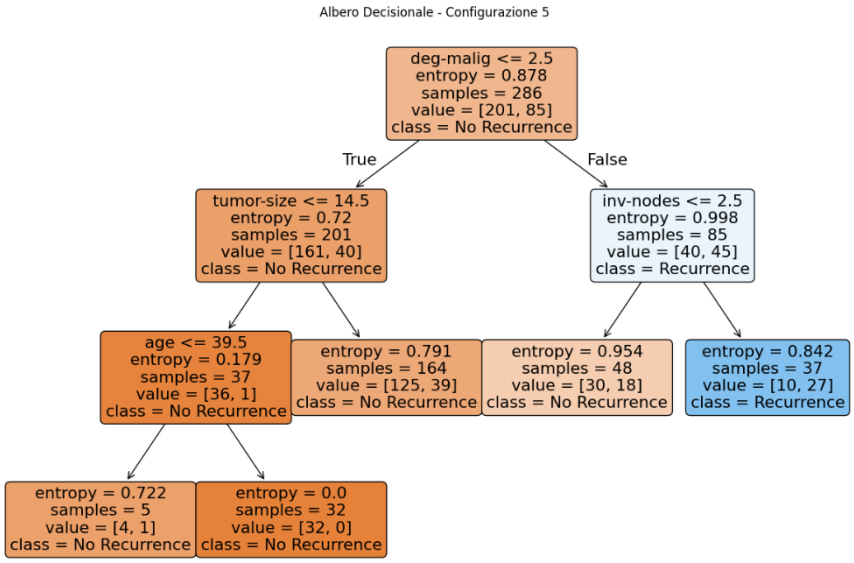
Albero 3:



Albero 4:



Albero 5:

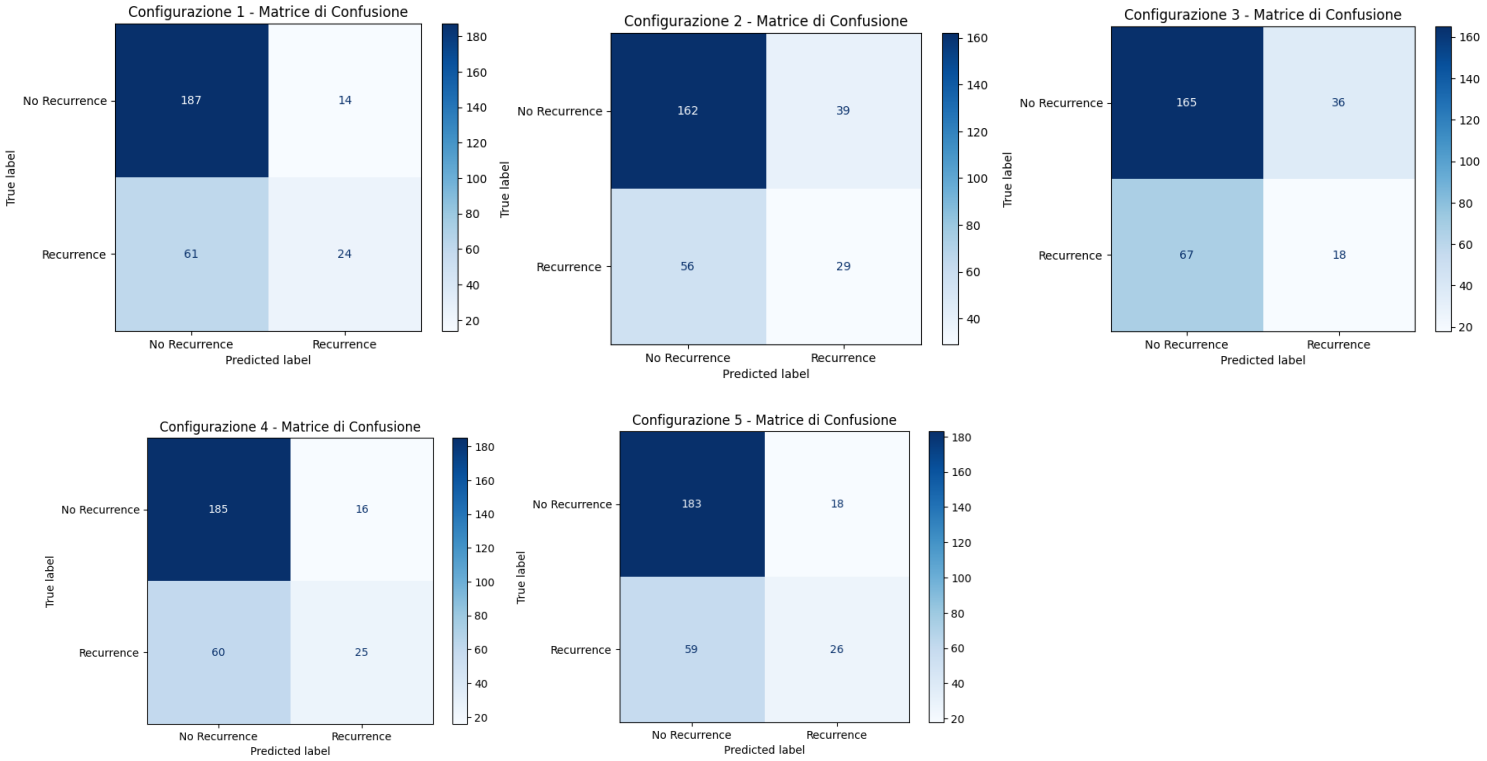


Punto 3:

Obbiettivo: valutare l'accuratezza dei 5 modelli precedenti e visualizzare le 5 matrici di confusione associate.

Risultati: Alcuni modelli performano meglio rispetto ad altri con percentuali di accuratezze che variano tra 67% e 73%. Accuratezze migliori potrebbero essere ottenute variando i parametri e andrebbero valutate su un dataset di validation.

Matrici di confusioni ordinato da albero 1 fino a 5:

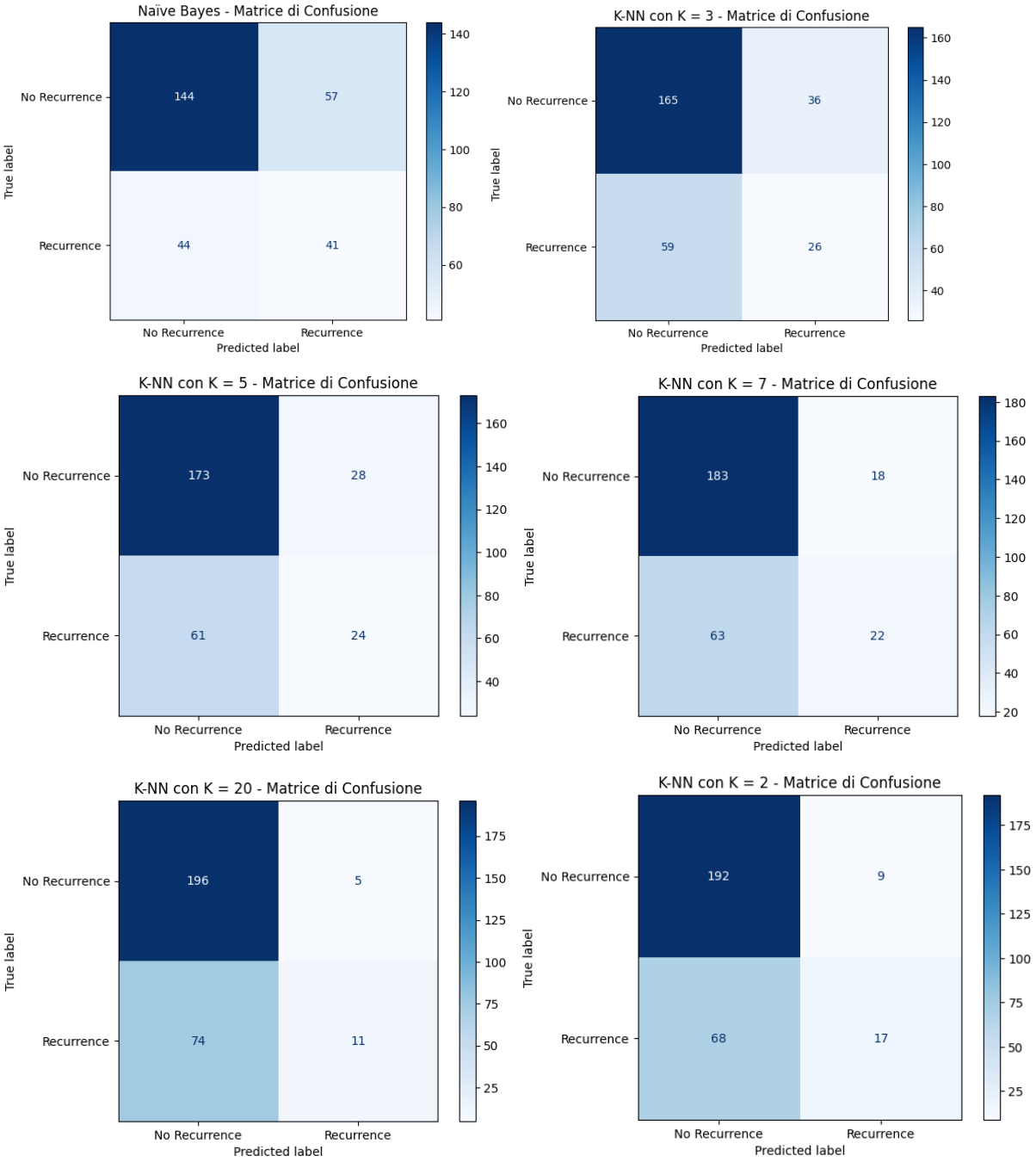


Punto 4:

Obbiettivo: Calcolare accuratezza e matrici di confusione di 5 modelli K-NN e confrontare l'accuratezza migliore con l'accuratezza di un classificatore Naïve Bayes usando una convalida incrociata stratificata.

Risultati: Si è ottenuto che l'accuratezza migliore di un modello K-NN (73.08%) è superiore rispetto a quella del classificatore Naïve Bayes (64.69%). Si è normalizzato i dati nel K-NN visto che alcuni attributi avevano valori numerici con ordini di grandezza diversi da altri e si è notato un incremento del 4% di accuratezza rispetto al miglior K-NN senza normalizzazione.

Matrici di confusione KNN e Naïve Bayes:



Punto 5:

Obbiettivo: Analizzare la matrice di correlazione per scoprire le correlazioni a coppie tra gli attributi dei dati.

Risultati: Si è osservata una forte correlazione tra gli attributi “menopause_premeno” (attributo derivato da “menopause” usando il Label Encoding) e “age” (-0.72). L'ipotesi di indipendenza Naïve non è valida per il set di dati Breast.