Exercício de Árvore de Decisão: Classificação de Vinhos

Objetivo: Neste exercício, você irá treinar, visualizar e avaliar um classificador de Árvore de Decisão usando o dataset 'wine' do Scikit-Learn. Você focará nos conceitos introduzidos no Capítulo 6, até a seção "Gini Impurity or Entropy?", incluindo a divisão treino/teste, treinamento, visualização da árvore, plotagem dos limites de decisão e avaliação de desempenho usando validação cruzada e métricas de classificação.

Configuração e Importações

Primeiro, vamos importar as bibliotecas necessárias.

Obs.: a instalação do pacote graphviz pode levar mais de 10 minutos!

```
In [100... #!conda install -y -c conda-forge graphviz python-graphviz
In [101... | import numpy as np
         import matplotlib.pyplot as plt
         from pathlib import Path
         import pandas as pd
         from sklearn.datasets import load wine
         from sklearn.model_selection import train_test_split, cross_val_score
         from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier, export_graphviz
         from sklearn.metrics import accuracy score, precision score, recall score
         # Para plotar figuras bonitas
         %matplotlib inline
         import matplotlib as mpl
         mpl.rc('axes', labelsize=14)
         mpl.rc('xtick', labelsize=12)
         mpl.rc('ytick', labelsize=12)
         # Onde salvar as figuras
         IMAGES_PATH = Path() / "images" / "decision_trees"
         IMAGES PATH.mkdir(parents=True, exist ok=True)
         def save fig(fig id, tight layout=True, fig extension="png", resolution=3
             path = IMAGES PATH / f"{fig id}.{fig extension}"
             if tight_layout:
                  plt.tight layout()
             plt.savefig(path, format=fig_extension, dpi=resolution)
         # Função auxiliar para plotar limites de decisão
         def plot decision boundary(clf, X, y, axes=[0, 7.5, 0, 3], iris=True, leg
             x1s = np.linspace(axes[0], axes[1], 100)
             x2s = np.linspace(axes[2], axes[3], 100)
             x1, x2 = np.meshgrid(x1s, x2s)
             X \text{ new = np.c } [x1.ravel(), x2.ravel()]
             y pred = clf.predict(X new).reshape(x1.shape)
             custom cmap = mpl.colors.ListedColormap(['#fafab0','#9898ff','#a0faa0
```

```
plt.contourf(x1, x2, y_pred, alpha=0.3, cmap=custom_cmap)
if not iris:
    custom_cmap2 = mpl.colors.ListedColormap(['#7d7d58','#4c4c7f','#5
    plt.contour(x1, x2, y_pred, cmap=custom_cmap2, alpha=0.8)
if plot_training:
    plt.plot(X[:, 0][y==0], X[:, 1][y==0], "yo", label="Classe 0")
    plt.plot(X[:, 0][y==1], X[:, 1][y==1], "bs", label="Classe 1")
    plt.plot(X[:, 0][y==2], X[:, 1][y==2], "g^", label="Classe 2")
    plt.axis(axes)
if iris:
    plt.xlabel("Comprimento da pétala (cm)", fontsize=14)
    plt.ylabel("Largura da pétala (cm)", fontsize=14)
else:
    plt.xlabel(r"$x_1$", fontsize=18)
    plt.ylabel(r"$x_2$", fontsize=18, rotation=0)
if legend:
    plt.legend(loc="lower right", fontsize=14)
```

2. Carregar e Preparar os Dados

Vamos carregar o dataset wine e usar apenas duas características para facilitar a visualização: 'alcohol' e 'malic_acid'.

```
In [102... wine = load_wine(as_frame=True)
    print(wine.DESCR)
    wine.data.info()
    wine.data.head()
```

```
.. _wine_dataset:
```

Wine recognition dataset

- **Data Set Characteristics:**
- :Number of Instances: 178
- :Number of Attributes: 13 numeric, predictive attributes and the class
- :Attribute Information:
 - Alcohol
 - Malic acid
 - Ash
 - Alcalinity of ash
 - Magnesium
 - Total phenols
 - Flavanoids
 - Nonflavanoid phenols
 - Proanthocyanins
 - Color intensity
 - . Hue
 - OD280/OD315 of diluted wines
 - Proline
 - class:
 - class_0
 - class 1
 - class_2

:Summary Statistics:

| | ==== | ===== | ====== | ===== |
|-------------------------------|------|-------|--------|-------|
| | Mir | n Max | Mean | SD |
| | ==== | ===== | ====== | ===== |
| Alcohol: | 11.0 | 14.8 | 13.0 | 0.8 |
| Malic Acid: | 0.74 | 5.80 | 2.34 | 1.12 |
| Ash: | 1.36 | 3.23 | 2.36 | 0.27 |
| Alcalinity of Ash: | 10.6 | 30.0 | 19.5 | 3.3 |
| Magnesium: | 70.0 | 162.0 | 99.7 | 14.3 |
| Total Phenols: | 0.98 | 3.88 | 2.29 | 0.63 |
| Flavanoids: | 0.34 | 5.08 | 2.03 | 1.00 |
| Nonflavanoid Phenols: | 0.13 | 0.66 | 0.36 | 0.12 |
| Proanthocyanins: | 0.41 | 3.58 | 1.59 | 0.57 |
| Colour Intensity: | 1.3 | 13.0 | 5.1 | 2.3 |
| Hue: | 0.48 | 1.71 | 0.96 | 0.23 |
| OD280/OD315 of diluted wines: | 1.27 | 4.00 | 2.61 | 0.71 |
| Proline: | 278 | 1680 | 746 | 315 |
| | ==== | ===== | ====== | ===== |

:Missing Attribute Values: None

:Class Distribution: class_0 (59), class_1 (71), class_2 (48)

:Creator: R.A. Fisher

:Donor: Michael Marshall (MARSHALL%PLU@io.arc.nasa.gov)

:Date: July, 1988

This is a copy of UCI ML Wine recognition datasets.

https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/wine/wine.data

The data is the results of a chemical analysis of wines grown in the same region in Italy by three different cultivators. There are thirteen different

measurements taken for different constituents found in the three types of wine.

Original Owners:

Forina, M. et al, PARVUS -

An Extendible Package for Data Exploration, Classification and Correlation.

Institute of Pharmaceutical and Food Analysis and Technologies, Via Brigata Salerno, 16147 Genoa, Italy.

Citation:

Lichman, M. (2013). UCI Machine Learning Repository [https://archive.ics.uci.edu/ml]. Irvine, CA: University of California, School of Information and Computer Science.

.. dropdown:: References

(1) S. Aeberhard, D. Coomans and O. de Vel, Comparison of Classifiers in High Dimensional Settings, Tech. Rep. no. 92-02, (1992), Dept. of Computer Science and Dept. of Mathematics and Statistics, James Cook University of North Queensland. (Also submitted to Technometrics).

The data was used with many others for comparing various classifiers. The classes are separable, though only RDA has achieved 100% correct classification. (RDA: 100%, QDA 99.4%, LDA 98.9%, 1NN 96.1% (z-transformed data)) (All results using the leave-one-out technique)

(2) S. Aeberhard, D. Coomans and O. de Vel,
"THE CLASSIFICATION PERFORMANCE OF RDA"
Tech. Rep. no. 92-01, (1992), Dept. of Computer Science and Dept. of
Mathematics and Statistics, James Cook University of North Queensland.
(Also submitted to Journal of Chemometrics).

<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 178 entries, 0 to 177
Data columns (total 13 columns):

| # | Column | Non-Null Count | Dtype |
|----|------------------------------|----------------|---------|
| | | | |
| 0 | alcohol | 178 non-null | float64 |
| 1 | malic_acid | 178 non-null | float64 |
| 2 | ash | 178 non-null | float64 |
| 3 | alcalinity_of_ash | 178 non-null | float64 |
| 4 | magnesium | 178 non-null | float64 |
| 5 | total_phenols | 178 non-null | float64 |
| 6 | flavanoids | 178 non-null | float64 |
| 7 | nonflavanoid_phenols | 178 non-null | float64 |
| 8 | proanthocyanins | 178 non-null | float64 |
| 9 | color_intensity | 178 non-null | float64 |
| 10 | hue | 178 non-null | float64 |
| 11 | od280/od315_of_diluted_wines | 178 non-null | float64 |
| 12 | proline | 178 non-null | float64 |

dtypes: float64(13)
memory usage: 18.2 KB

| Out[102 | | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoids | n |
|---------|--|---------|------------|------|-------------------|-----------|---------------|------------|---|
| | 0 | 14.23 | 1.71 | 2.43 | 15.6 | 127.0 | 2.80 | 3.06 | |
| | 1 | 13.20 | 1.78 | 2.14 | 11.2 | 100.0 | 2.65 | 2.76 | |
| | 2 | 13.16 | 2.36 | 2.67 | 18.6 | 101.0 | 2.80 | 3.24 | |
| | 3 | 14.37 | 1.95 | 2.50 | 16.8 | 113.0 | 3.85 | 3.49 | |
| | 4 | 13.24 | 2.59 | 2.87 | 21.0 | 118.0 | 2.80 | 2.69 | |
| | <pre># Selecionar apenas as features 'alcohol' e 'malic_acid' X = wine.data[["alcohol", "malic_acid"]].values y = wine.target.values print("Shape de X:", X.shape) print("Shape de y:", y.shape)</pre> Shape de X: (178, 2) | | | | | | | | |
| | Shape de X. (178, 2) Shape de y: (178,) | | | | | | | | |

Dividir os Dados em Conjuntos de Treino e Teste

Sua tarefa: Use train_test_split para dividir os dados X e y em conjuntos de treinamento e teste. Use 20% dos dados para teste e defina random_state=42 para reprodutibilidade.

```
In [104... # <<< SEU CÓDIGO AQUI >>>
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2,
# <<< FIM DO SEU CÓDIGO >>>
print("Tamanho do treino:", len(X_train))
print("Tamanho do teste:", len(X_test))
```

Tamanho do treino: 142 Tamanho do teste: 36

4. Treinar um Classificador de Árvore de Decisão

Sua tarefa: Treine um DecisionTreeClassifier com max_depth=2 e random_state=42 no conjunto de treinamento.

```
In [105... tree_clf_depth2 = None

# <<< SEU CÓDIGO AQUI >>>
    tree_clf_depth2 = DecisionTreeClassifier(max_depth=2, random_state=42)
    tree_clf_depth2.fit(X_train, y_train)
# <<< FIM DO SEU CÓDIGO >>>
    print("Modelo treinado com max_depth=2.")
```

Modelo treinado com max_depth=2.

5. Visualizar a Árvore de Decisão

Usamos export_graphviz para gerar um arquivo .dot representando a árvore treinada. Incluímos os nomes das características ('alcohol', 'malic_acid') e os nomes das classes (do dataset wine). Em seguida, exibimos a árvore usando graphviz. Source .

```
In [106... from graphviz import Source
         dot_file_path = IMAGES_PATH / "wine_tree_depth2.dot"
         export_graphviz(
             tree_clf_depth2,
             out_file=str(dot_file_path),
             feature_names=["alcohol", "malic_acid"],
             class_names=wine.target_names,
             rounded=True,
             filled=True
         # Exibir a árvore
         source = Source.from_file(dot_file_path)
         source
Out[106...
                                                     alcohol <= 12.755
                                                        gini = 0.659
                                                       samples = 142
                                                    value = [45, 57, 40]
                                                       class = class 1
                                                  True
                                                                      False
                                      malic acid <= 2.96
                                                                   malic acid <= 2
                                         gini = 0.282
                                                                        gini = 0.56
                                        samples = 59
                                                                       samples = {
                                      value = [0, 49, 10]
                                                                    value = [45, 8]
                                       class = class 1
                                                                      class = class
               gini = 0.122
                                         gini = 0.497
                                                                        gini = 0.34
              samples = 46
                                         samples = 13
                                                                       samples = 4
            value = [0, 43, 3]
                                        value = [0, 6, 7]
                                                                  value = [39.0, 6.
                                        class = class 2
             class = class 1
                                                                      class = class
```

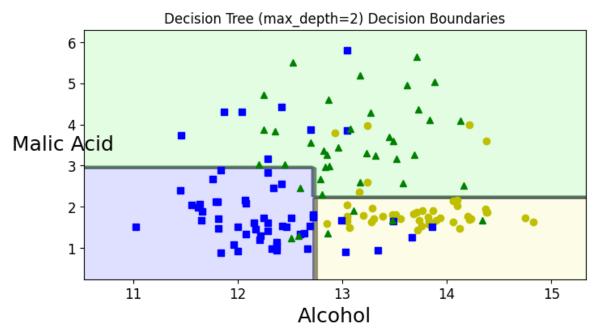
6. Plotar os Limites de Decisão

Usamos a função auxiliar plot_decision_boundary para visualizar os limites de decisão da árvore treinada (tree_clf_depth2) no conjunto de treinamento (X_train, y_train). Ajustamos os eixos para uma boa visualização.

```
In [107... plt.figure(figsize=(8, 4))

axes = [X[:, 0].min()-0.5, X[:, 0].max()+0.5, X[:, 1].min()-0.5, X[:, 1].
plot_decision_boundary(tree_clf_depth2, X_train, y_train, axes=axes, iris plt.xlabel("Alcohol")
plt.ylabel("Malic Acid")
plt.title("Decision Tree (max_depth=2) Decision Boundaries")

plt.show()
```



7. Comparar Profundidades Usando Validação Cruzada

Sua tarefa: Use validação cruzada (com cross_val_score, cv=5 e scoring='accuracy') no conjunto de **treinamento** para comparar o desempenho médio de árvores com max_depth=2 e max_depth=3. Qual profundidade parece ser melhor?

```
In [108... from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.model_selection import cross_val_score
import numpy as np

tree_clf_depth3 = None
scores_depth2 = None
scores_depth3 = None

# Crie o classificador com max_depth=3
tree_clf_depth3 = DecisionTreeClassifier(max_depth=3, random_state=42)

# Calcule os scores de validação cruzada para max_depth=2
tree_clf_depth2 = DecisionTreeClassifier(max_depth=2, random_state=42)
scores_depth2 = cross_val_score(tree_clf_depth2, X_train, y_train, cv=5,

# Calcule os scores de validação cruzada para max_depth=3
scores_depth3 = cross_val_score(tree_clf_depth3, X_train, y_train, cv=5,
```

```
print(f"Acurácia média (max_depth=2): {np.mean(scores_depth2):.4f}")
print(f"Acurácia média (max_depth=3): {np.mean(scores_depth3):.4f}")

# <<< SEU CÓDIGO AQUI para imprimir qual profundidade é melhor e por quê
if np.mean(scores_depth3) > np.mean(scores_depth2):
    print("max_depth=3 teve melhor desempenho, indicando que uma árvore m
else:
    print("max_depth=2 teve desempenho igual ou superior, sugerindo que u
# <<< FIM DO SEU CÓDIGO >>>
```

```
Acurácia média (max_depth=2): 0.7468
Acurácia média (max_depth=3): 0.7746
max_depth=3 teve melhor desempenho, indicando que uma árvore mais profunda
capturou melhor os padrões dos dados.
```

8. Avaliar o Melhor Modelo no Conjunto de Teste

Sua tarefa:

- 1. Selecione o melhor modelo com base nos resultados da validação cruzada.
- Retreine o melhor modelo usando todo o conjunto de treinamento (X_train , y_train).
- 3. Faça previsões no conjunto de teste (X_test).
- 4. Calcule e imprima a acurácia, precisão, recall e F1-score no conjunto de teste. Use average='weighted' para as métricas multiclasse.

```
In [109... best tree clf = None
         y_pred_test = None
         accuracy = None
         precision = None
         recall = None
         f1 = None
         # <<< SEU CÓDIGO AQUI >>>
         # 1 & 2: Selecionar e retreinar o melhor modelo (max_depth=3)
         best tree clf = DecisionTreeClassifier(max depth=3, random state=42)
         best_tree_clf.fit(X_train, y_train)
         # 3: Fazer previsões no conjunto de teste
         y_pred_test = best_tree_clf.predict(X_test)
         # 4: Calcular métricas
         accuracy = accuracy_score(y_test, y_pred_test)
         precision = precision score(y test, y pred test, average='weighted')
         recall = recall_score(y_test, y_pred_test, average='weighted')
         f1 = f1_score(y_test, y_pred_test, average='weighted')
         # <<< FIM DO SEU CÓDIGO >>>
         print(f"Métricas do melhor modelo (max depth=3) no conjunto de teste:")
         print(f" Acurácia: {accuracy:.4f}")
         print(f" Precisão: {precision:.4f}")
         print(f" Recall: {recall:.4f}")
         print(f" F1-Score: {f1:.4f}")
```

Métricas do melhor modelo (max_depth=3) no conjunto de teste:

Acurácia: 0.8889 Precisão: 0.9116 Recall: 0.8889 F1-Score: 0.8905

Conclusão

Você treinou com sucesso um classificador de Árvore de Decisão, visualizou sua estrutura e limites de decisão, usou validação cruzada para escolher a melhor profundidade e avaliou o modelo final no conjunto de teste.