**מבוא למערכות לומדות- תרגיל בית 1- דו״ח עבודה**

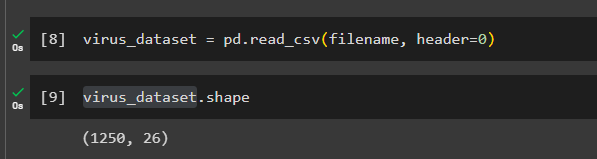
**מגישים:   
  
גל קסטן 316353176**

**חן פרי – 313283657**

(Q1)

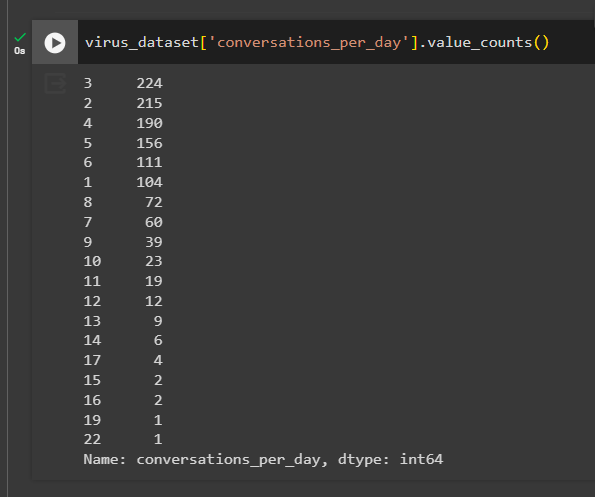
מספר השורות הוא 1250

מספר העמודות הוא 26



(Q2)

פלט:



בעולם האמיתי, המשתנה ״ מספר שיחות ליום״ מתייחס כנראה לממוצע מספר השיחות ביום שאדם מבצע פנים מול פנים. ככל שמטופל מקיים יותר שיחות ככה קיים סיכוי גבוה יותר שהווירוס יופץ למעגלים נוספים ומצד שני ככל שמטופל בודד יותר עולה הסיכוי שמצבו ידרדר (העדר טיפול, חוסר מצב רוח).

סוג המשתנה הוא ordinal כיוון שמצד אחד המשתנה קטגורי (הוא דיסקרטי, ויש מספר סופי של ערכים שהוא יכול לקבל) אבל מצד שני קיים סדר טבעי בין הערכים שהמשתנה יכול לקבל (מדובר במספרים טבעיים עם יחס סדר) ויש משמעות כמותית לערכים גדולים/קטנים של כמות שיחות ביום.

(Q3)

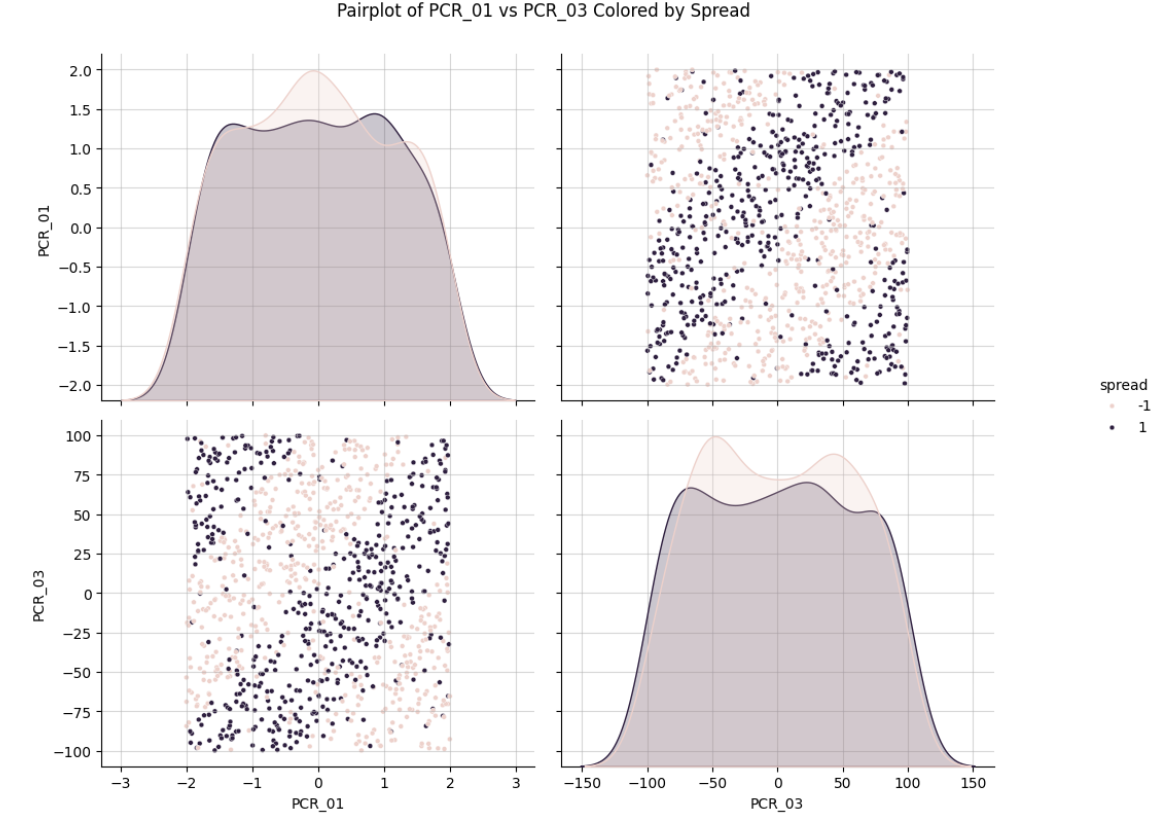
|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Type | | Description | | Feature name | |
| Other | | Incremental id of the patient | | **patient\_id** | |
| Ordinal | | Age of the paitent | | **age** | |
| Categorical | | Sex of the patient (Male/Female) | | **sex** | |
| Continuous | | Weight of the patient in kilograms | | **weight** | |
| Categorical | | The blood type of the patient (O/A/AB/B and +/-) | | **blood\_type** | |
| Other | | Current location of the patient (latitude and longitude). | | **current\_location** | |
| Ordinal | | The number of siblings the patient has | | **num\_of\_siblings** | |
| Ordinal | | A Score describing the patient’s level of happiness | | **happiness\_score** | |
| Ordinal | | A categorical representation of the patient’s household income (might be division to economy classes) | | **household\_income** | |
| Ordinal | | Average number of conversations the patient has everyday | | **conversations\_per\_day** | |
| Ordinal | | The sugar level measurements for the patient | | **sugar\_levels** | |
| Ordinal | | The patient’s level of sport activity on scale from 0-5 | | **sport\_activity** | |
| Other | | Textual description of any symptoms the patient may have reported | | **symptoms** | |
| Other | | The date in which a PCR test was conducted | | **pcr\_date** | |
| Continuous | | Numerical results of PCR Tests. Could be Measurements of different genetic sequences or results of different PCR tests | | **PCR\_xx** | |

**(Q4)**

חשוב להשתמש באותו פיצול כאשר אנו מבצעים את תהליך ניתוח המידע מאחר ואנחנו רוצים שיהיה ביכולתנו לשחזר את התוצאות שקיבלנו הניסוי ושנוכל לקבל את אותם המודלים ( פיצול שונה יגרום לנו לקבל תת קבוצה שונה של נתונים בכל פעם ולכן אנו עשויים לקבל מודלים שונים).

בנוסף, כאשר אנו משווים אלגוריתמים של מודלי למידה, אנחנו רוצים שיהיה ביכולתנו לבצע השוואה הוגנת של אלגוריתמי למידה שונים תחת אותם תנאים ולכן חשוב שנשתמש באותם אותם תתי קבוצות של הנתונים שלנו.

**(Q5)**



על בסיס התמונה, הפיצ׳רים pcr\_01, pcr\_03 עשויים להיות שימושיים לחיזוי spread ביחד מאחר וניתן לראות כי הדאטה כמעט פריד ל4 אזורים שונים, כאשר בכל אזור יש הרבה דוגמאות מאותה מחלקה ומעט outliers. עם זאת, הדאטה לא פריד לינארית (מאחר ולא ניתן לפצל את הדאטה כך שבצד אחד נמצאת מחלקה אחת ובצד נמצאת מחלקה שניה) ולכן נצטרך מודל שיודע ללכוד קשרים מורכבים יותר.

כל פיצ׳ר בעצמו לא מספיק כדי לחזות את הדאטה- ההתפלגויות השוליות הן של pcr\_01 והן של pcr\_03 מראות חפיפה בטווח הערכים של המשתנה כאשר הspread הוא ממחלקה 1 וכאשר הspread ממחלקה -1. המשמעות של כך שהנתונים לא ניתנים להפרדה לינארית (בממד אחד – הפרדה על בסיס פונקציית סף כפי שראינו) על בסיס אחד מהמשתנים כדי לחזות את הspread .

**(Q6)**

**correlation between spread and PCR\_01**: 0.006

**correlation between spread and PCR\_03:** -0.004

מן הממצאים עולה כי :

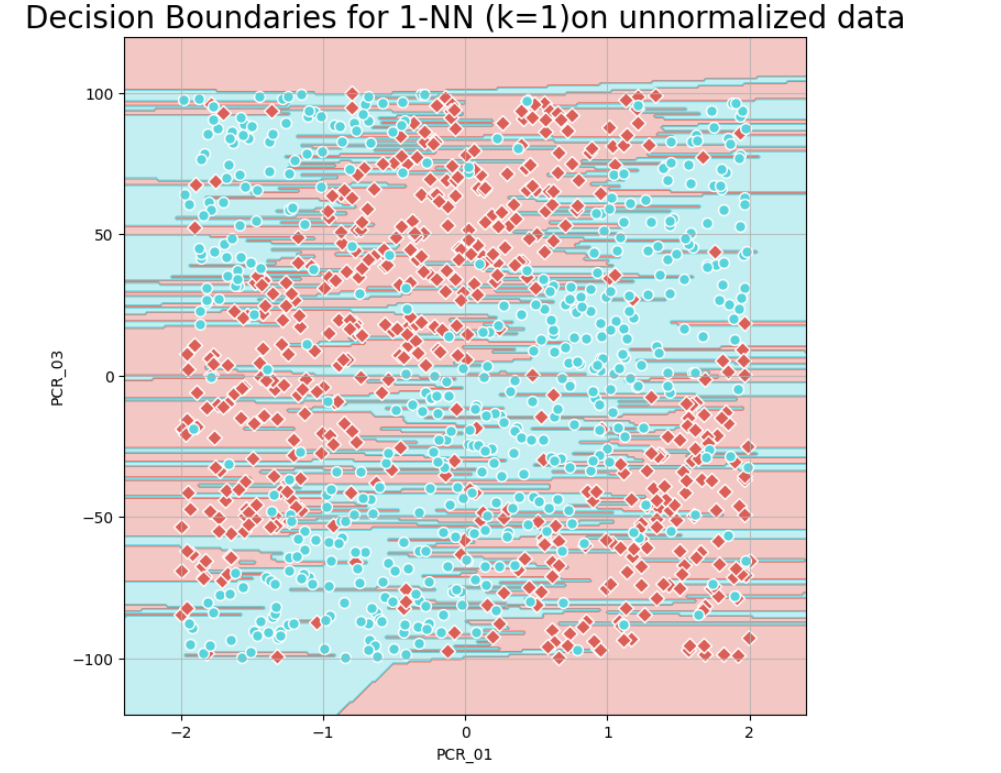
* הקורלציה בין pcr\_01 לspread מאד קרובה ל0, כלומר קשר לינארי חלש עם נטייה לקשר חיובי (כלומר אם משתנה אחד גדל גם השני)
* הקורלציה בין pcr\_03 לspread מאד קרובה ל0, כלומר קשר לינארי חלש עם נטייה לקשר שלילי (כלומר אם משתנה אחד קטן המשתנה השני גדל)

ממצאים אלו תומכים במה שמצאנו קודם לכן. על בסיס הקורלציה ניתן להסיק כי הקשר בין המשתנים לspread אינו לינארי, כלומר לא ניתן להצביע על כך שאם אחד מערכי הpcr עולה/יורד כך גם משתנה המחלקה של spread ולכן לא ניתן לחזות את spread רק על בסיס פונקציית סף כלשהי. בסעיף הקודם ראינו כי כאשר מסתכלים על ההתפלגות השולית של כל אחד מן המשתנים לבד בהפרדה לפי קטגוריות spread, הייתה חפיפה בין הערכים, כלומר לא הייתה הפרדה לינארית ברורה לעין בין טווח ערכים שpcr\_01 מקבל עבור spread=1 וטווח ערכים עבור spread = -1. באופן דומה גם עבור pcr\_03.

**(Q7)**

**זמן ריצה של פונקציית החיזוי על נקודה אחת P מממד d :**

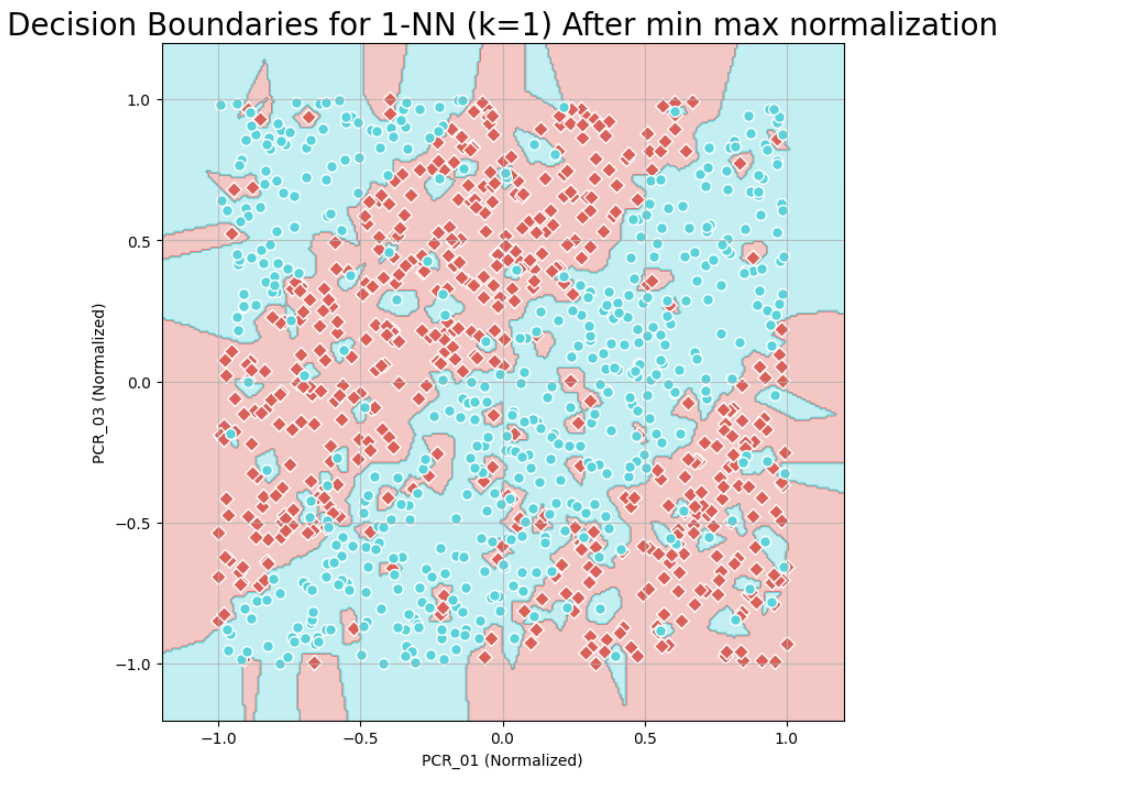
* שלב 1- חישוב המרחקים בין הנקודה p לשאר הנקודות: מעבר על כל הנקודות בסט האימון, כאשר לכל נקודה- מחשבים את המרחק האוקלידי בינה לבין הנקודה p. עלות חישוב המרחק בין 2 נקודות תלויה בממדי הנקודות. מאחר והנקודות מממד d לצורך חישוב המרחק האוקלידי דרושות d מכפלות, ולכן חישוב אחד של המרחק יעלה O(d). סה״כ נדרש ל O(m\*d) חישובים בשלב זה.
* שלב 2- חיפוש k השכנים הקרובים ביותר לנקודה p: לצורך החישוב אנו משתמשות בפונקציה argpartition על מערך המרחקים שקיבלנו בשלב הקודם , כאשר אנחנו מבצעות חלוקה כך ש k האינדקסים של האיברים הכי קטנים יופיעו בk האיברים הראשונים במערך הפלט. ניתן להעריך שהפונקציה משתמשת מאחורי הקלעים באלגוריתם partition שסיבוכיות הזמן שלו לינארית בגודל האיברים במערך. לכן עלות שלב זה- O(m).
* שלב 3: חישוב הפרדיקציה ע״פ החלטת הרוב: עבור k השכנים הכי קרובים אנו סוכמות את התיוגים של הנקודות ורואות האם הסכום חיובי (יותר שכנים עם תיוג 1) או שלילי (יותר שכנים עם תיוג -1) ועל פי סימן הסכום מחזירות את הפרדיקציה. סה״כ עלות שלב זה היא O(k) מאחר ועוברים רק על k הנקודות עם המרחק הקטן ביותר מנקודת הקלט
* סה״כ סיבוכיות O(md+m+k) מאחר וk<m סה״כ נקבל O(md).

(Q8)

מידת הדיוק של המודל על קבוצת האימון- 1 (כצפוי, מאחר והנקודה הכי קרובה לנקודה ב1-NN היא הנקודה עצמה).

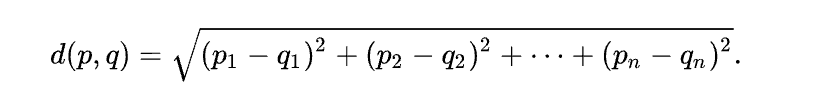
מידת הדיוק של המודל על קבוצת המבחן – 0.664

(Q9)



מידת הדיוק של המודל על קבוצת האימון- 1 (כצפוי, מאחר והנקודה הכי קרובה לנקודה ב1-NN היא הנקודה עצמה).

מידת הדיוק של המודל על קבוצת המבחן – 0.756

נורמליזציה של הנתונים חשובה לאלגוריתם הknn מאחר ואלגוריתם הknn מחפש את השכנים הקרובים ע״י פונקציית מרחק , ספציפית במקרה של התרגיל מרחק אוקלידי, וזוהי פונקציה שרגישה להבדלים בקנה המידה בו מודדים כל פיצ׳ר. ניזכר כי מרחק אוקלידי בין 2 נקודות נמדד באופן הבא: כאשר .

מהנוסחה ניתן לראות שפי׳צרים הנעים על טווח ערכים רחב (קנה מידה גדול יותר) יתרמו יותר לגודל המרחק האוקלידי מאחר וההפרשים בפיצ׳רים האלו יהיו גדולים יותר, על אף שאינם בהכרח חשובים יותר מפיצ׳רים אחרים.

כתוצאה מכך, פיצ׳רים אלו הופכים לדומיננטיים ומאפילים על פיצ׳רים עם קנה מידה נמוך.

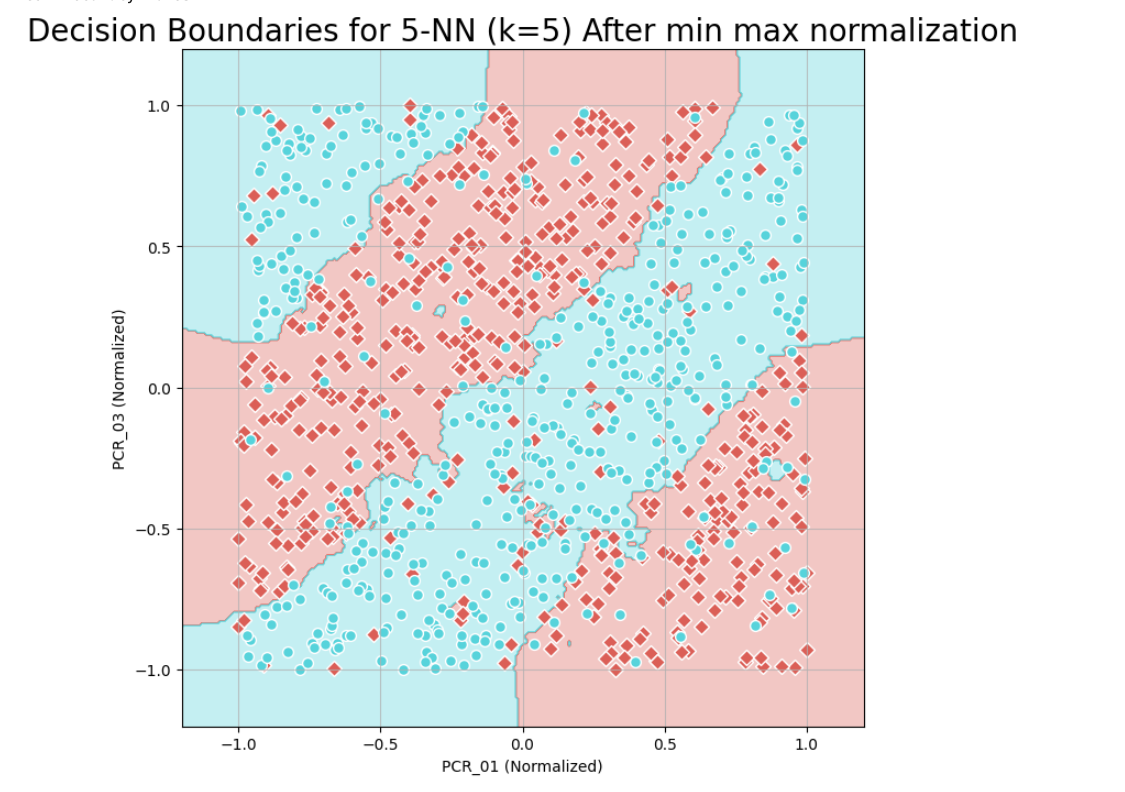
בשאלה 8, לפני שביצענו נורמליזציה על הנתונים, ניתן לראות שגבולות ההחלטה של knn נראים מוזר(פסים אופקיים כחולים על כל אזורי ההחלטה).

הפסים הכחולים האלה קשורים לעובדה שטווח הערכים של pcr\_03 [-100,100] וטווח הערכים של pcr\_01 [-2,2] כלומר פיצ׳ר pcr\_03 הרבה יותר דומיננטי בחישוב המרחק האוקלידי. זה גורם לתופעת ה״פסים האופקיים הכחולים״ גם באזורים בהם ריבוי נקודות אדומות.

מאחר ולפיצ׳ר pcr\_03 קנה מידה גדול יותר, מקבלים שעבור כל נקודה – הנקודות הקרובות יותר אליה הן נקודות בציר האופקי (שם הערך של pcr\_03 קבוע בין כל השכנים ולכן המרחק האוקלידי קטן יותר) ואילו הנקודות בציר האנכי רחוקות יותר (אפילו הפרשים קטנים בין ערכי pcr\_03 הן בקנה מידה גדול יותר). כתוצאה מכך , יש פסים כחולים אופקיים (נקודה כחולה רחוקה בציר האופקי היא דווקא יותר קרובה אוקלידית מאשר נקודות אדומות בציר האנכי).

לאחר שעשינו נרמול, קנה המידה של שני הפיצ׳רים היה באותה קנה מידה – [1,-1] ולכן לא היה פיצ׳ר יותר דומיננטי מהשני. ונראה אכן שקיבלנו שאזורי ההחלטה של מסווג הknn הרבה יותר קרובים למה שהיינו מצפים (מאוד קרובים למה שקיבלנו בpair plot).

(Q10)



מידת הדיוק של המודל על קבוצת האימון- 0.879

מידת הדיוק של המודל על קבוצת המבחן –0.852

**ההשפעה של k על אזורי ההחלטה של אלגוריתם knn הם :**

\*k נמוך גורם לoverfitting- כאשר מספר השכנים קטן, כפי שראינו עבור k=1, יש התאמה של המודל לכל הנקודות בקבוצת האימון, אפילו לנקודות הנחשבות רעש, outliert. כך ניתן לראות בתמונה של אזורי ההחלטה עבור k=1, אזורים קטנים כחולים סביב נקודות כחולות , גם כאשר כל הסביבה אדומה ולהפך.

\*כאשר k גדל, אזורי ההחלטה נהיים ״חלקים יותר״, פחות רגישים לרעש ולנקודות בודדות. K גדול יותר משפר את יכולת ההכללה של המודל. ניתן לראות שמידת הדיוק של knn עבור k=5 גדולה יותר (עם זאת מידת הדיוק על קבוצת האימון ירדה).

עם זאת, עבור k גדול מדי נקבל שאזורי ההחלטה כבר מתחילים להטשטש (הפשטה גדולה מדי של המודל וחוסר יכולת שלו לתפוס את התבניות בdata , underfitting מאחר וכאשר המסווג יחליט לסווג נקודה הוא יתחשב בתיוג של נקודות רחוקות מדי מהנקודה.

(Q11)

בקצרה-

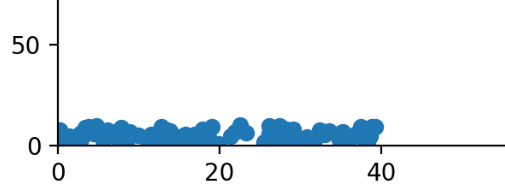
מאחר והפיצ׳ר x1 מתפלג באופן אחיד על קטע [2,5] , גם לאחר min-max scale , הפיצ׳ר x1 החדש יתפלג גם באופן אחיד בין [1,-1] , כלומר גם אם נדגום n דגימות, הmax ,min לא יהיו outliers ביחד לשאר הנקודות.

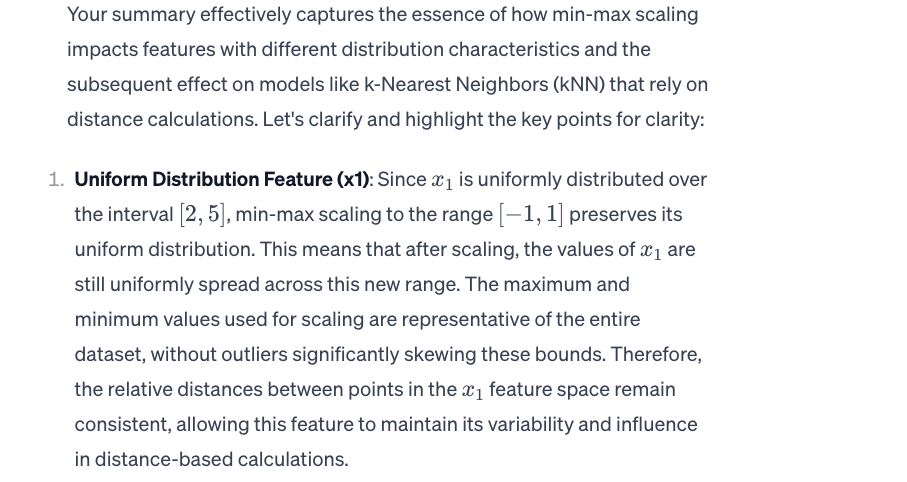
לעומת זאת , רוב המסה של ההתפלגות כי בריבוע מרוכזת בטווחים נמוכים [ההסתברות לקבל ערך קטן שווה ל3 היא כמעט 0.8) מה שיכול לגרום לכך שעבור סדרה של הרבה דגימות – רוב הדגימות יהיו מרוכזות בערכים נמוכים אך מעט דגימות יהיו גדולות (outliers) ויביאו לכך שהmaximum גדול. כתוצה מכך בנירמול min-max רוב הנקודות יהיו מרוכזות בטווח קטן , קרוב ל0 (מאחר ומחלקים בהפרש בין המקסימום למינימום שככל הנראה יהיה גדול). דבר זה יגרום לכך שהפיצ׳ר x2 יהיה פחות חשוב במונחים אוקלידים, (בציר של x2 המרחק בין הפיצ׳רים יהיה קטן מאד וכמעט חסר חשיבות בחישוב המרחק האוקלידי, ואילו הפיצ׳ר x1 שדגימותיו מפוזרות יחסית אחיד , יהיה יותר דומיננטי החישוב המרחק האוקלידי. ושוב תקרה אותה תופעה שהסברנו עליה בשאלה 9.

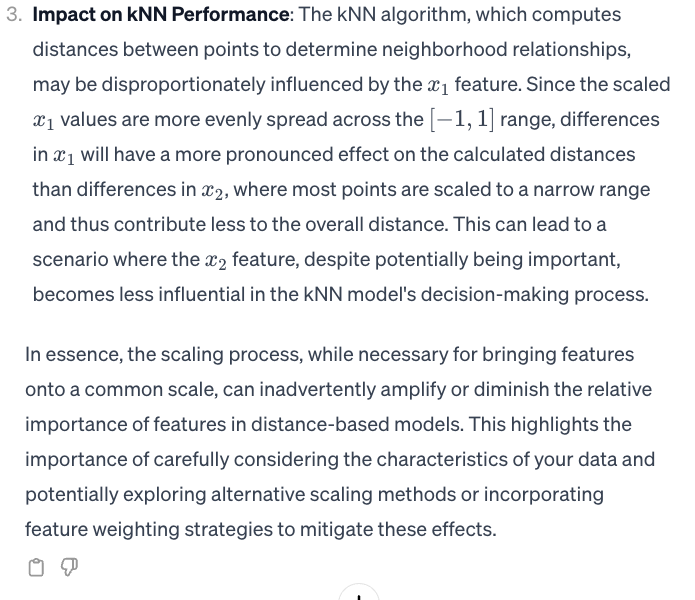
נקודות דגיהמ יחשבו ouliers למרות שהם לא,

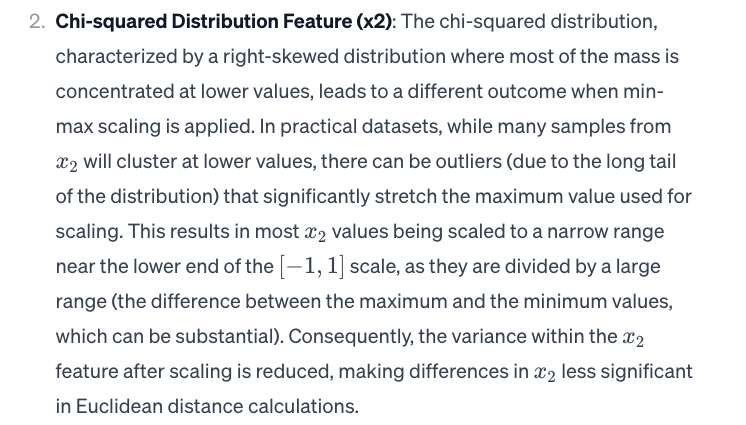
וכמו שראינו בknn כשk יש פחות חשיבות לoutlier.

כי(ההתפלגות) עם k=2 כל הערכים הם מתחת ל0.25, נקבל בציר אחד שכל הנקודות נמצאות בין 0 ל0.25 (ולכן גם חופפות אחת לשנייה) ובציר השני הנקודות יהיו מפוזרות.









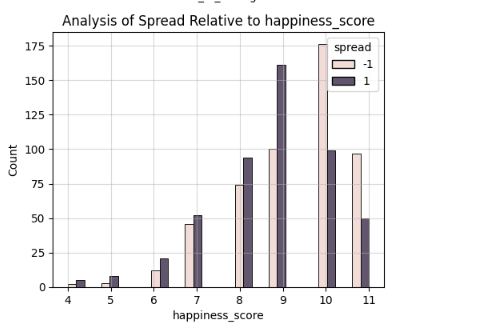
(Q12)

מאחר ויש 8 סוגים שונים של סוגי דם (A+,A-,AB+,AB-,B+,B-,O+,O-) נצטרך 8 קטגוריות בוליאניות. (כעקרון מספיק גם להשתמש ב7 קטגוריות , כך שאם הערך עבור כל הפיצ׳רים האלה false זה אומר שהפיצ׳ר שייך לקטגוריה השמינית)

(Q13)

כן , אפשר להפיק מידע מהפיצ׳ר סימפטומים כדי לסייע בניבוי.   
כאשר חקרנו את הדאטה, שמנו לב שניתן לחלץ מהטקסט החופשי של כל חולה את מספר הסימפטומים עבור כל חולה ולכן הוספנו עמודה חדשה במקום עמודת הסימפטומים שסופרת כמה סימפטומים היו לכל חולה (ייתכן גם 0).

|  |  |
| --- | --- |
| פיצ׳ר לאחר טרנספומציה | פיצ׳ר מקורי |
| הוחלט להסירו מאחר ולא מסייע לפרדיקציה (מזהה ייחודי של דגימה בדאטהסט) | paitent\_id |
| שונה לפיצ׳רים בוליאנים בtask d | blood type |
| שונה לכמות סימפטומים לחולה כפי שתיארנו | symptoms |
| תיוגים של M+F שונו ל0 ו1 | sex |
| פוצל ל Latitude, Longtitude  לערכים מספריים. | current\_location |
| פוצל לפיצ׳רים נומריים של שנה,יום,שבוע | Pcr\_date |

****((Q14

התכונה שבחרנו בשביל לנבא את המטרה spread היא happiness\_score . בחרנו בתכונה זו מאחר שראינו כי בטווח של happiness\_score 4-9 יש יותר מטופלים מקטגוריית spread=-1 (כלומר יש יותר הסתברות להיות בקטגוריה זו עם ציון הhappiness\_score הוא בין 4-9) ולעומת זאת בטווח בין 10-11 יש יותר אנשים מקטגוריית spread=1 (כלומר יש יותר הסתברות להיות עם להיות בקטגוריה זו אם ציון happiness הוא בין 10 ל11, או גדול מ9).

(Q15)

התכונה שבחרנו בשביל לנבא את המטרה Riskהיא .PCR\_02 זאת משום שניתן לראות כי בטווח

[-35 to -15] ובטווח [15 to 30] יש יותר סיכוי להיות עם risk=1, ואילו בטווח [-15 to 15] יש יותר סיכוי להיות עם risk=-1

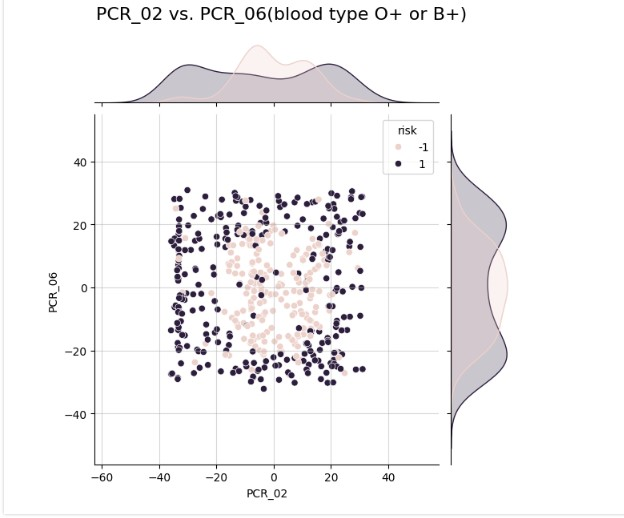
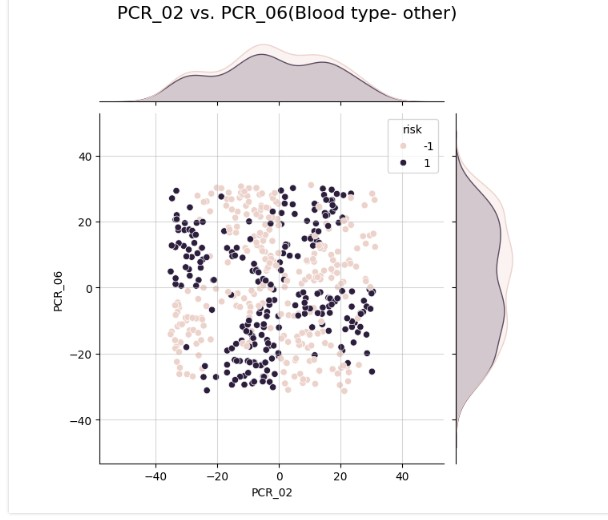
A graph of a graph showing a number of different colored lines

Description automatically generated with medium confidence

(Q16)

בחרנו את שתי התכונות : PCR\_02 ו-PCR\_06 . בחרנו תכונות אלו מאחר ורק עבור זוג פיצ׳רים זה ראינו כי קיימת הפרדה (עד כדי ״רעש״ קל) בין הקטגוריות השונות של risk. ההפרדה בין הנקודות אינה לינארית עבור 2 הקבוצות שקיבלנו לאחר חלוקה לפי special property.

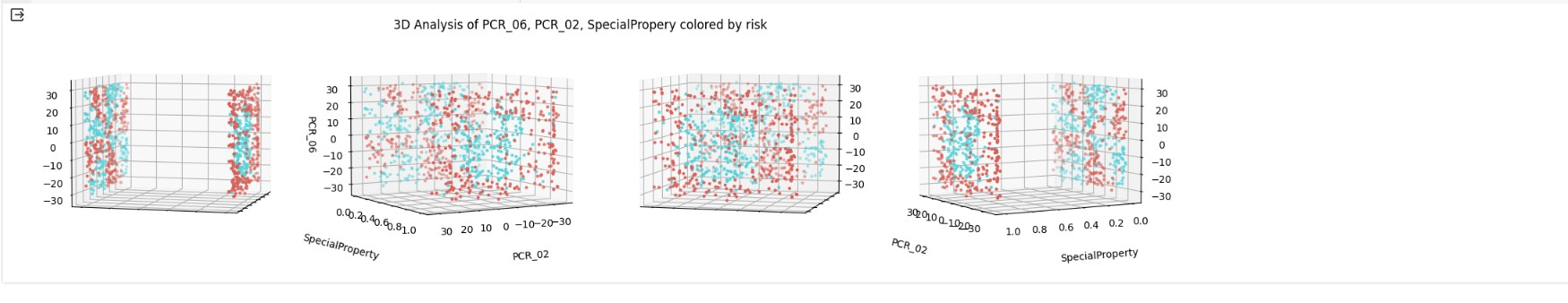
עבור שאר הזוגות, לא קיבלנו כלל הפרדה בין הנקודות אלה הן היו נראות מעורבות.

Q17))

A graph of a number of blood types

Description automatically generated with medium confidence

Q18) )



(Q19)

לעץ החלטה מעומק 3 תהיה יכולת מוגבלת להתאים את עצמו לקבוצת האימון. עץ החלטה מעומק 3 יכול להפריד את קבוצת האימון לכל היותר ל8 קבוצות שונות במרחב הפי׳צרים. עם זאת, על פי הplot ניתן לראות שהדאטה אומנם פריד, אך הוא אינו פריד לינארית ויש יותר מ8 אזורי החלטה שונים של קטגוריית risk.

(Q20)

עץ החלטה מעומק 30 יצליח להתאים אל הנתונים מקבוצת האימון בצורה טובה יותר. לעץ החלטה מעומק 30 יש יכולת להפריד את הדאטה ל 2^30 קבוצות שונות ולכן הוא יכול להגיע להפרדה מדויקת מאד של קבוצת האימון. עם זאת, עץ בעומק כזה עשוי להביא גם להתאמת יתר לנתוני האימון וoverfitting (עשויים להיווצר אזורי החלטה על סמך רעשים)

Q19+Q20

ניתן לראות שהdata לא מופרד בצורה טובה לפי טווחים ולכן כדי להגיע לדיוק נצטרך לחלק את הdata כמה פעמים כדי להגיע לדיוק יותר טוב, בגלל שהתכונות הם continuous type נצטרך לבצע יותר מ3 הפרדות על בסיס שאלות בולאיניות לטווחים של תכונה מסויימת.

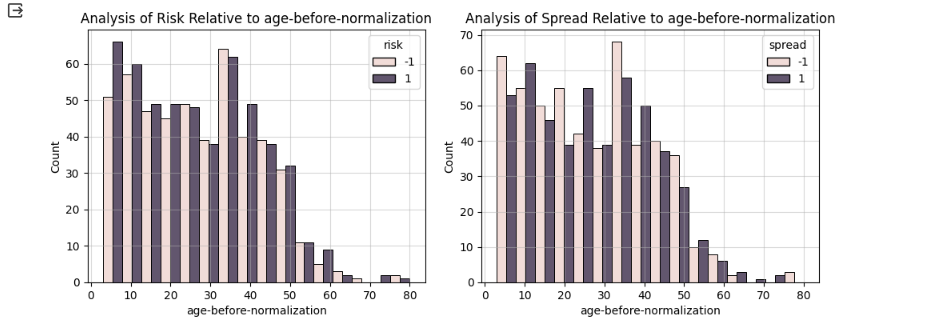
לפי התמונות נראה שעדיף לבצע הפרדה לפי תכונה PCR\_02/PCR\_06 ואלה תכונות מסוג continuous ולכן נצטרך לבצע לפי טווחים ועומק של שאלות בולאיניות לא יביא לנו את הרצוי בעומר גדול יותר נוכל לקבל התאמה טובה יותר ואולי אף overfitting .

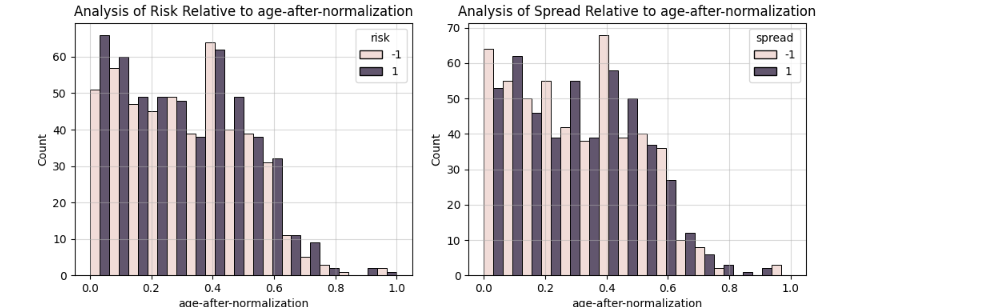
Q21))

מודל knn עם k=1 לא יוכל להתאים לקבוצת האימון בצורה טובה. נשים לב כי טווח הערכים שמשתני הPCR יכולים לקבל הרבה יותר רחב מאשר טווח הערכים של special property (0 או 1). כתוצאה מכך, ההשפעה של משתני הpcr על גודל המרחק האוקלידי תהיה הרבה יותר דומיננטית, יש להם יותר משקל. שינויים קטנים בערכים של הpcr יכולים להגדיל יותר את גודל המרחק האוקלידי מאשר המשתנה הבוליאני ולכן מודל הknn עשוי להעדיף נקודות קרובות ביותר מקטגוריה הפוכה של special property ועם ערכי pcr כמה שיותר זהים.

לפיכך, מודל זה יפעל בניגוד למה שראינו בסעיף הקודם, שעדיף לפצל את הנתונים לפי special property ואז הנתונים פרידים (כי בעצם המודל שלנו יעדיף לבחור לנקודה מסוימת נקודה קרובה ביותר מהקטגוריה השנייה של special property).

Q22))





Q23))

התשובות בשאלה 19 ובשאלה 20 לא ישתנו מאחר ועצים אינם רגישים לscale של הפיצ׳רים (כלל ההחלטה המתקבל מעצים אינו נסמך על מרחק בין נקודות) ועל כן התשובות שלנו לשאלות אלו לא ישתנו.

התשובות בשאלה 21 תשתנה מאחר וknn אכן רגיש לקנה המידה של המשתנים כפי שהסברנו בשאלה זו, לאחר נרמול הנתונים , משתני הPCR יהיו בקנה מידה דומה לזה של המשתנה הבוליאני special property ולכן תהיה פחות דומיננטיות של משתני הPCR על גודל המרחק האוקלידי. לכן אנו נקבל נקודות קרובות ביותר שונות, שמושפעות מ3 הפיצ׳רים במידה יותר אחידה. מידת הדיוק של knn אמורה לעלות לאחר נרמול הפיצ׳רים.

Q24))

נציין שהשיקולים שלנו לבחירת שיטת נרמול בשאלה הזו היו:

* אם ההתפלגות של ערכי המשתנה היא מפוזרת על הטווח שהיא נמצאת בו, מזכירה התפלגות אחידה – עדיף להשתמש בשיטת min-max. זאת מאחר ושיטה זו מעבירה את הערכים לטווח חסום, וכאשר ההתפלגות היא אחידה, לאחר הטרנספורמציה ערכי המשתנה יהיו מפוזרים על כלל הטווח בין [0,1] ולא יהיו מצומצמים באזור קטן בטווח הזה. ראינו בסעיף 11, שכאשר מעבירים משתנה עם התפלגות צפופה משמאל למשל לטווח [0,1] , רוב הערכים עוברים לטווח מצומצם מאד בין 0 ל1 , מאחר וערכי המקסימום קיצוניים לעומת רוב הערכים בטווח.
* אם ההתפלגות של ערכי המשתנה מזכירה התפלגות נורמלית/התפלגות מצודדת אחרת שאינה חסומה אז עדיף להשתמש בשיטת נרמול z-score כי לווא דווקא שנרצה לדחוס טווח אינסופי של ערכים לתוך טווח מצומצם בין 0 ל1.
* אנו לא יכולים באמת לדעת אם משתנים מסוימים אכן חסומים בטווח ערכים מסוים מאחר והדאטה סט שקיבלנו הוא סופי ואין לנו את ההתפלגות המדויקת של כל משתנה, על כן קבענו את רוב ההחלטות שלנו על סמך הצורה של ההתפלגות.

הטבלה בעמוד הבא.

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| explanation | Normalization method | new | keep | Feature name |
| בחרנו להסיר משתנה זה מאחר וזהו מספר מייצג ייחודי לכל חולה שאין לו משמעות בחיזוי risk או spread | - | X | X | **patient\_id** |
| לגיל של החולה עשויה להיות השפעה על הspread והrisk של החולה לכן בחרנו להשאיר פיצ׳ר זה. בחרנו לנרמל עם שיטה זו מאחר וההיסטוגרמה של הפיצ׳ר קרובה להתפלגות אחידה (נראה שרוב הערכים בטווח מוגדר ומפוזרים עליו) | Min-max | X | V | **age** |
| גברים ונשים עשויים להגיב אחרת לווירוס הקורונה ולכן חשוב לקחת את המין בחשבון ובחרנו להשאיר משתנה זה.  מאחר וזה משתנה קטגורי- הפכנו את הערכים M,F ל0 ו1 בהתאמה |  | X | X | **sex** |
| אין צורך בנרמול מאחר והמשתנה כבר בטווח הערכים הרצוי | - | V | V | **sex (after change)** |
| משתנה זה הוסר במשימה D |  | X | X | **blood type** |
| התבקשנו לייצר משתנה זה במשימה D. משתנה זה הוא בוליאני ומקבל ערך 1 כאשר המטופל משתייך לקבוצה של סוגי דם מסוימת. באופן כללי עשוי להיות קשר בין סוג הדם לבין מחלת הקורונה ולכן יכולה להיות השפעה על משתני הניבוי. בחרנו להשאיר משתנה זה. אין צורך לנרמל משתנה זה מאחר והוא בטווח הערכים הרצוי | - | V | V | **Special Property** |
| משתנה זה הוסר והוחלף בשני משתנים – longtitude and latitude (המשתנה לא היה נומרי בצורתו המקורית אז החלטנו להפרידו ל2 משתנים רציפים) |  | X | X | **current\_location** |
| חלק מקואורדינטת המיקום של האדם, למיקום הגיאוגרפי של האדם עשויה להיות השפעה על מידת הspread והrisk( אזור מדבק יותר/וירוס מסוכן יותר) ולכן בחרנו להשאיר משתנה זה. ההתפלגות של משתנה זה מזכירה התפלגות לא חסומה עם צידוד לימין לכן בחרנו להשתמש בשיטת נרמול זו. | Standardization | V | V | **Longitude** |
| חלק מקואורדינטת המיקום של האדם, למיקום הגיאוגרפי של האדם עשויה להיות השפעה על מידת הspread והrisk( אזור מדבק יותר/וירוס מסוכן יותר) ולכן בחרנו להשאיר משתנה זה. ההתפלגות של המשתנה מזכירה בצורתה התפלגות יחסית נורמלית, ולכן בחרנו להשתמש בz-score | Standardization | V | V | **Latitude** |
| למשקל יש השפעה על הבריאות של האדם ולכן עשויה השפעה של המשקל על המשתנים שאנו רוצים לנבא.  למשתנה זה יש התפלגות הדומה להתפלגות נורמלית, ומאחר שזו ההתפלגות לא חסומה עדיף להשתמש בשיטת z-score לצורך נרמול | Standardization | X | V | **weight** |
| למספר האחים של המטופל עשויה להיות השפעה על ניבוי הspread,לכן בחרנו להשאיר משתנה זה. ההיסטוגרמה של משתנה זה מזכירה היסטוגרמה של התפלגות נורמלית עם צידוד לשמאל ולכן בחרנו להשתמש בשיטת z score | Standardization | X | V | **num\_of\_siblings** |
| למידת האושר של המטופל יש השפעה על הסביבה שהוא נמצא בה (ייתכן שיהיה עם יותר אנשים) ולכן יכולה להשפיע על משתני הניבוי. לכן בחרנו להשאירו. ההיסטוגרמה של משתנה זה מזכירה היסטוגרמה של התפלגות נורמלית עם צידוד לימין ולכן בחרנו להשתמש בשיטת z score | Standardization | X | V | **happiness\_score** |
| לרמת ההכנסה של המטופל עשויה להיות השפעה על הסביבה בה הוא נמצא ולכן יש קשר בין משתנה זה למשתני הניבוי. לכן בחרנו להשאירו. ההיסטוגרמה של משתנה זה מזכירה היסטוגרמה של התפלגות נורמלית עם צידוד לשמאל ולכן בחרנו להשתמש בשיטת z score | Standardization | X | V | **household\_income** |
| מספר השיחות שאדם מקיים ביום עשויים להשפיע על משתנה הspread ולכן בחרנו להשאירו. ההיסטוגרמה של משתנה זה מזכירה היסטוגרמה של התפלגות נורמלית עם צידוד לשמאל ולכן בחרנו להשתמש בשיטת z score | Standardization | X | V | **Conversations**  **\_per\_day** |
| לרמת הסוכר בדם של האדם יש קשר לבריאות האדם ,דבר שעשוי להשפיע על משתני הניבוי ולכן בחרנו להשתמש במשתנה זה. ההתפלגות של משתנה זה דומה להתפלגות נורמלית ואינה חסומה, לכן בחרנו להשתמש בשיטת z-score לצורך נרמול | Standardization | X | V | **sugar\_levels** |
| לרמת הפעילות הגופנית של האדם יש קשר לבריאותו ולכן עשויה להשפיע על משתנה הניבוי. בחרנו להשאיר משתנה זה. ההיסטוגרמה של משתנה זה מזכירה היסטוגרמה של התפלגות נורמלית עם צידוד לשמאל ולכן בחרנו להשתמש בשיטת z score | Standardization | X | V | **sport\_activity** |
| בחרנו להסיר משתנה זה ולגזור ממנו משתנה אחר בשם num\_symptoms |  | X | X | **symptoms** |
| מספר הסימפטומים שיש למטופל יכול להשפיע הן על הspread והן על הrisk ולכן בחרנו להשאירו. ההיסטוגרמה של משתנה זה מזכירה היסטוגרמה של התפלגות נורמלית עם צידוד לשמאל ולכן בחרנו להשתמש בשיטת z score | Standardization | V | V | **num\_of\_symptoms** |
| בחרנו להסיר משתנה זה ולגזור ממשתנה זה שלושה משתנים אחרים: pcr\_date,pcr\_month,pcr\_year |  | X | X | **pcr\_date** |
| לשנה שבה נערכו בדיקות הPCR עשוי להיות קשר למשתני הניבוי (יכול להיות שבשנה מסוימת היה וירוס מסוכן יותר/ מדבק יותר). לכן בחרנו להשתמש במשתנה זה . ההתפלגות של משתנה זה נראית יחסית אחידה לכן בחרנו בשיטת נרמול זו | Min-Max | V | V | **pcr\_year** |
| לחודש נערכו בדיקות הPCR עשוי להיות קשר למשתני הניבוי (יכול להיות שבחודש מסוים היה וירוס מסוכן יותר/ מדבק יותר). לכן בחרנו להשתמש במשתנה זה. ההתפלגות של משתנה זה נראית יחסית אחידה לכן בחרנו בשיטת נרמול זו | Min-Max | V | V | **pcr\_month** |
| ליום בו נערכו בדיקות הPCR עשוי להיות קשר למשתני הניבוי (יכול להיות שנגלה שבטווח מסוים של ימים בחודש התפרץ וירוס מסוכן יותר) לכן בחרנו להשתמש במשתנה זה. ההתפלגות של משתנה זה נראית יחסית אחידה לכן בחרנו בשיטת נרמול זו | Min-Max | V | V | **pcr\_day** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות אחידה בטווח חסום ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נירמול זו | Min-Max | V | V | **PCR\_01** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות אחידה בטווח חסום ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נירמול זו | Min-Max | X | V | **PCR\_02** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות אחידה בטווח חסום ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נירמול זו | Min-Max | X | V | **PCR\_03** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות נורמלית שאינה חסומה ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נרמול זו | Standardization | X | V | **PCR\_04** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות אחידה ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נרמול זו | Min-Max | X | V | **PCR\_05** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות אחידה בטווח חסום ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נירמול זו | Min-Max | X | V | **PCR\_06** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות נורמלית שאינה חסומה ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נרמול זו | Standardization | X | V | **PCR\_07** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות שאינה חסומה עם צידוד לימין ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נרמול זו | Standardization | X | V | **PCR\_08** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות נורמלית שאינה חסומה ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נרמול זו | Standardization | X | V | **PCR\_09** |
| משתנה זה מייצג תוצאה של בדיקת PCR ולכן עשויה להיות לו השפעה על משתנה הניבוי. בחרנו להשאירו. על פי הניתוח שעשינו למשתנה זה, ההתפלגות שלו מזכירה התפלגות נורמלית שאינה חסומה ולכן בחרנו להשתמש בשיטת נרמול זו | Standardization | X | V | **PCR\_10** |