

## Coursework Two Results: Jamal Khan - jzk09

**The dependency matrix for HepatitisC data set:**

1.530	0.045	0.026	0.048	0.034	0.024	0.039	0.086	0.016
0.045	2.372	0.009	0.060	0.069	0.030	0.071	0.083	0.003
0.026	0.009	0.992	0.012	0.007	0.002	0.007	0.005	0.001
0.048	0.060	0.012	1.697	0.539	0.275	0.032	0.032	0.006
0.034	0.069	0.007	0.539	2.411	0.606	0.041	0.051	0.008
0.024	0.030	0.002	0.275	0.606	1.832	0.025	0.041	0.016
0.039	0.071	0.007	0.032	0.041	0.025	2.629	0.063	0.004
0.086	0.083	0.005	0.032	0.051	0.041	0.063	1.489	0.032
0.016	0.003	0.001	0.006	0.008	0.016	0.004	0.032	0.754

**The dependency list for HepatitisC data set (indexed 0 to 8):**

0.606	4.000	5.000
0.539	3.000	4.000
0.275	3.000	5.000
0.086	0.000	7.000
0.083	1.000	7.000
0.071	1.000	6.000
0.069	1.000	4.000
0.063	6.000	7.000
0.060	1.000	3.000
0.051	4.000	7.000
0.048	0.000	3.000
0.045	0.000	1.000
0.041	5.000	7.000
0.041	4.000	6.000
0.039	0.000	6.000
0.034	0.000	4.000
0.032	3.000	7.000
0.032	7.000	8.000
0.032	3.000	6.000
0.030	1.000	5.000
0.026	0.000	2.000
0.025	5.000	6.000
0.024	0.000	5.000
0.016	5.000	8.000
0.016	0.000	8.000
0.012	2.000	3.000
0.009	1.000	2.000
0.008	4.000	8.000
0.007	2.000	4.000
0.007	2.000	6.000
0.006	3.000	8.000
0.005	2.000	7.000
0.004	6.000	8.000
0.003	1.000	8.000
0.002	2.000	5.000
0.001	2.000	8.000

**The nodes for the spanning tree are as follows (indexed 0 to 8):**

```
0.606 4.000 5.000
0.539 3.000 4.000
0.086 0.000 7.000
0.083 1.000 7.000
0.071 1.000 6.000
0.069 1.000 4.000
0.032 7.000 8.000
0.026 0.000 2.000
```

For the minimum spanning tree visualisation I used the dot language. It's generated by using the pydot library in the createGraph() function.

