

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.

