Borrador apuntes Deep\_sf

(aquí contar todo lo que he ido haciendo paso a paso)

Se hizo un random grid search para escoger el numero de nodos en los 2 hidden layers.

06/04

En la siguiente tabla se presentan los resultados obtenidos para el modelo con los pacientes de LUAD, con la DeepSF\_2hidden layers, num\_genes = cancer tumor genes (aunque ponga 100 en la tabla son casi 900) y utilizando diferentes optimizers con un lr de 0.01:

Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación

Descripción generada automáticamente

A la vista de los resultados obtenidos en el cor\_total y en loss\_val utilizaremos a apartir de ahora el optimizar adamW.