

## **DESCRIPCIÓN DE LOS PROCESOS REALIZADOS POR LOS SCRIPTS**

Acerca: Interfase de carga acerca de los desarrolladores del prototipo.

Ajust: Interfase para realizar los ajustes avanzados a la RNA.

Borrado: Búsqueda de archivos relacionados con utilizaciones anteriores de la RNA.

Bucle: Carga de los datos a utilizar en el entrenamiento.

Creaserie24: Descompone la serie de datos en sus componentes básicas.

Decis: Recupera el comportamiento de la red salvada, permitiendo reentrenar o predecir con ella.

Entre: Carga los parámetros para la RNA, Divide la serie para ser llevada a la RNA, entrena la red, obtiene los errores MAD, MAPE, RMSE y presenta los resultados.

Estad: Carga los datos capturados por la interfase, determina las fechas festivas, pesos y unidades de los datos. Adicionalmente normaliza los datos de entrada al prototipo

Frame: Habilita las casillas de acuerdo al numero de capas de la sección oculta

Grafent1: Grafica los datos de entrenamiento y su ciclo

Grafent2: Grafica la tendencia de los datos de entrenamiento.

Grafent3: Grafica la irregularidad obtenida de los datos de entrenamiento

Grafent4: Grafica la recuperación de la serie

Grafval1: Grafica los datos objetivo y su ciclo

Grafval2: Grafica la tendencia de los datos objetivo

Grafval3: Grafica la irregularidad de los datos objetivo

Paramet: Permite la modificación de los parámetros de la RNA

Predice: Permite proyectar la respuesta de la RNA en una cantidad de semanas a partir de la fecha tomada como el fin de los datos

Predice1: Proyecta la respuesta de la RNA permitiendo ingresar datos nuevos y llevándolo al procesamiento estadístico

Presresul: Muestra el comportamiento obtenido de la red entrenada

Princip: Es la interfase de bienvenida le permite manipular los datos realizando con ellos varias operaciones

Pruebagca: Genera el archivo al realizar el entrenamiento total para los modelos manejados por el prototipo

Recupera: Grafica la recuperación de las señales

Reent: Le permite adicionar datos al modelo en el prototipo o modificar simplemente los datos de la RNA

Salvar: Pregunta por un nombre de variable y almacena el comportamiento del prototipo bajo dicho nombre

Savegca: Realiza los modelos presentes para las RNA y envía los resultados a los archivos de excel