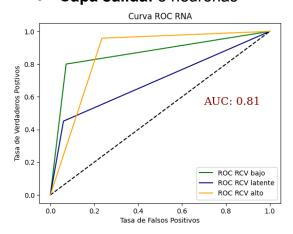
Integrantes:

Cristhian Balaguera Daniel Gordillo Paula Rios Oscar Velasquez

Actividad Clasificación RCV

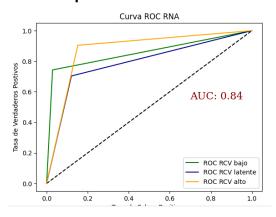
Estado inicial

Capa entrada: 35 neuronas
Capa 1 oculta: 1 neurona
Capa salida: 3 neuronas



Prueba 1

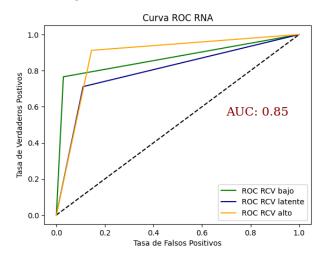
Capa entrada: 35 neuronas
Capa 1 oculta: 5 neurona
Capa salida: 3 neuronas



Prueba 2

Capa entrada: 35 neuronas
Capa 1 oculta: 10 neuronas
Capa 2 oculta: 10 neuronas

• Capa salida: 3 neuronas



Prueba 3

• Capa de entrada: 35 neuronas

• Capa oculta 1: 10 neuronas

• Capa oculta 2: 10 neuronas

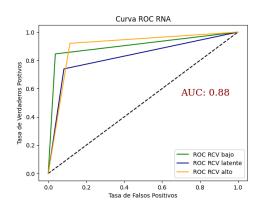
• Capa oculta 3: 10 neuronas

• Capa oculta 4: 10 neuronas

• Capa oculta 5: 5 neuronas

• Capa de salida: 3 neuronas

Epoch	185/200
53/53	[
	185/298
53/53	[=============] - 0s 3ms/step - loss: 0.2291 - accuracy: 0.9054 - val_loss: 0.2878 - val_accuracy: 0.8690
	187/200
	[============] - 0s 3ms/step - loss: 0.2293 - accuracy: 0.9018 - val_loss: 0.2816 - val_accuracy: 0.8667
	188/200
	[=====================================
	189/200
	[
	190/200
	[=====================================
	191/200
	[=======] - 0s 4ms/step - loss: 0.2288 - accuracy: 0.9048 - val_loss: 0.2838 - val_accuracy: 0.8595 - 192/200
	1927/200
	[=====================================
	1=37.000 1=37.000 1=385/step 10ss; 0,2296 accuracy; 0,9000 val 10ss; 0,2858 val accuracy; 0,8667
	194/289
	[
	195/200
	[
	196/200
53/53	[
	197/200
53/53	[==========================] - 0s 3ms/step - loss: 0.2301 - accuracy: 0.9018 - val loss: 0.2808 - val accuracy: 0.8571
	198/200
	[] - 0s 3ms/step - loss: 0.2282 - accuracy: 0.9060 - val_loss: 0.2882 - val_accuracy: 0.8548
	199/200
	[
	200/200
53/53	[



		precision	recall	f1-score	support
	0	0.846	0.846	0.846	175
	1	0.771	0.740	0.755	246
	2	0.902	0.921	0.911	479
accuracy				0.857	900
macro weighted		0.840 0.855	0.835 0.857	0.837 0.856	900 900

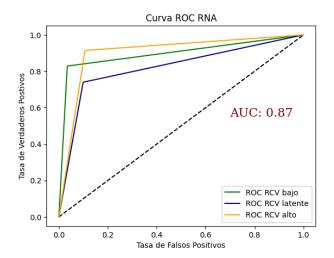
El tiempo de cómputo con RNA fue: 43.84 segundos

```
# Definir la arquitectura del modelo de la RNA
modelRNA = models.Sequential()
modelRNA.add(Dense(5, batch_input_shape=(None, 35), activation='relu')) ## neuronas en la capa de entrada (batch_input_shape) y #neuronas en la primera capa oculta
modelRNA.add(Dense(10))
modelRNA.add(Dense(10))
modelRNA.add(Dense(10))
modelRNA.add(Dense(5))
modelRNA.add(Dense(3, activation='softmax'))
```

Prueba 4

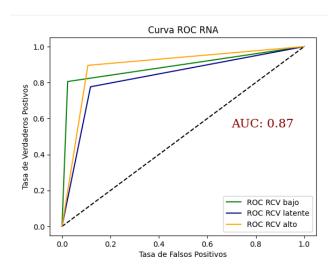
Capa entrada: 35 neuronas
Capa 1 oculta: 10 neuronas
Capa 2 oculta: 5 neuronas

• Capa salida:3 neuronas



Prueba 5

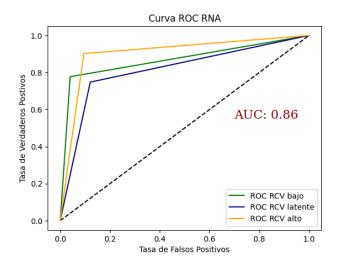
Capa entrada: 35 neuronas
Capa 1 oculta: 7 neuronas
Capa 2 oculta: 7 neuronas
Capa 3 oculta: 7 neuronas
Capa salida: 3 neuronas



Prueba 6

Capa entrada: 35 neuronas
Capa 1 oculta: 10 neuronas
Capa 2 oculta: 10 neuronas
Capa 3 oculta: 15 neuronas

• Capa salida:3 neuronas



Prueba 7

• Capa de entrada: 35 neuronas

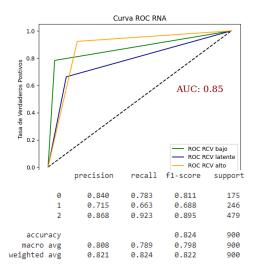
Capa oculta 1: 10 neuronas

Capa oculta 2: 10 neuronas

• Capa oculta 3: 50 neuronas

• Capa de salida: 3 neuronas

Epoch	187/200	
53/53		
	88/200	
	189/288	
	198/288	
	======================================	
	91/288	
	======================================	
	92/200	
	93/200	
	[94/200	
	[95/200	
	190/200	
	97/200 97	
	[87/266]	
	98/200	
	99/200	
	99/200	



El tiempo de cómputo con RNA fue: 40.89 segundos

```
# Definir la arquitectura del modelo de la RNA
modelRNA = models.Sequential()
modelRNA.add(Dense(10, batch_input_shape=(None, 35), activation='relu')) ## neuronas en la capa de entrada (batch_input_shape) y #neuronas en la primera capa oculta
modelRNA.add(Dense(10))
modelRNA.add(Dense(50))
modelRNA.add(Dense(3, activation='softmax'))
```

Conclusiones

- El aumento de la cantidad de capas no siempre implica que el valor de AUC se acerque más a 1.
- El aumento excesivo de neuronas disminuye el valor del AUC.
- El valor de AUC tiende a ser más alto manteniendo la cantidad de neuronas menor a 15.