

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla
Facultad de Ciencias de la Computación

Técnicas de inteligencia artificial

Reporte: Procesos de aprendizaje en las redes neuronales



BUAP

Docente: Abraham Sánchez López

Alumno

Taisen Romero Bañuelos

Matrícula

202055209

Aprendizaje en las RNA

Siempre es bueno repasar las cosas más básicas, en cierto modo porque cuanto más sólidos sean los cimientos en algo mejor será la construcción de conocimientos nuevos. En este sentido el documento me recordó algunos conceptos que había olvidado y también pude entender mejor otras cosas, pues, debido a los nuevos conocimientos me es más fácil conectar ideas. También, creo que fue de mucha ayuda la imagen del descenso del gradiente que vimos en un PDF anterior, pues imaginar esa imagen cuando se hablaba de derivadas me facilitó el entendimiento de lo que se hablaba. Quizá busque una animación o algo al respecto para observar cómo se relaciona el movimiento del gradiente con el cambio de los números.

En cuanto a la discusión del modelo de RNA vs el modelo de regresión lineal, no me esperé que la RNA fuera a ser ligeramente peor, de hecho agregué una capa oculta más con 5 nodos y el resultado fue mucho peor.

```
> MSE.net_data  
[1] 79.80645  
> MSE.lm  
[1] 24.58499
```

Creo que podría deberse a que se sobre ajustó el modelo y por eso la diferencia entre las variables " $y_{predicha}$ " e " y_{real} " creció. Pero esto en realidad fue por un error mío, en lugar de configurar las capas y nodos como un vector lo hice de forma "continua".

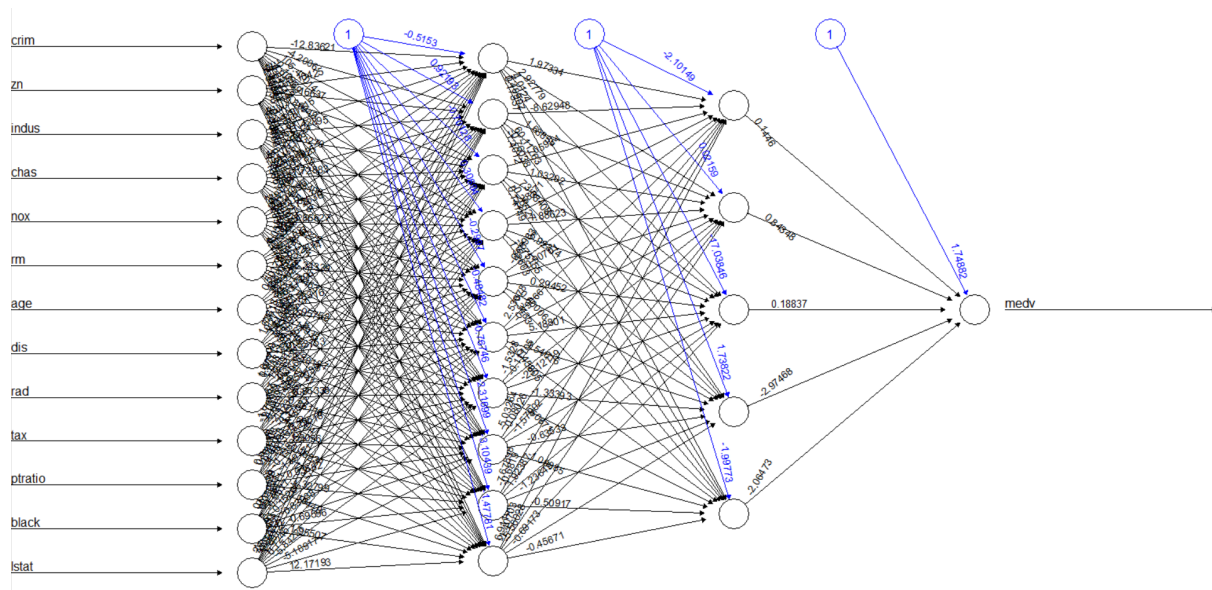
- Corregido: hidden=c(10,5)
- Como lo hice: hidden=10,5

Menciono esto porque me pareció curioso que pese a que estaba mal la sintaxis el paquete pudo interpretarlo, no logro entender cómo lo interpretó pero lo hizo. El plot generado era igual al que se mostró en el PDF pero con un mayor peso en los nodos.

En fin, luego de corregir la sintaxis hice de nuevo la comparación y esta vez la RNA con dos capas (10 y 5 nodos, respectivamente) fue mejor que el modelo de regresión.

```
> #Comparar MSE de la RNA y el modelo de reg.  
> MSE.net_data  
[1] 23.63365  
> MSE.lm  
[1] 24.58499
```

Mi interpretación es que la RNA es mejor detectando relaciones entre variables pero necesita cierto número de nodos o capas para refinar esa detección lo suficiente como para que pueda empezar a detectar cosas que el modelo de regresión no detecta.



Sería interesante jugar con más parámetros o incluso comparar con más métricas de rendimiento, pero considero que para efectos prácticos podemos concluir que la RNA es mejor si se encuentra la configuración adecuada, pues, un riesgo de agregar muchas capas podría ser el sobreajuste, y es aquí donde entrarían en juego las otras métricas de rendimiento, porque si yo sigo aumentando el número de capas y de nodos (10, 10, 10) el MSE sigue mejorando, pero hay que hacerse la pregunta de si esto realmente significa que la RNA esté haciendo mejor lo que queremos que haga.

```
> #Comparar MSE de la RNA y el modelo de reg.
> MSE.net_data
[1] 13.99088
> MSE.lm
[1] 24.58499
```

