- P.1: a) ¿A qué se denomina robustez y a qué capacidad de adaptación en los sistemas inteligentes?
 - b) ¿Cómo se simplifica la dinámica temporal en un modelo de perceptrón simple?
 - c) Deduzca la ecuación de actualización de pesos para el perceptrón simple mediante el método de gradiente y con función de activación sigmoidea.

5+5+10=20% $\approx 5+5+10=20$ min.

- P.2: a) Describa todos los términos de la ecuación generalizada de actualización de pesos para cualquier neurona en un perceptrón multicapa.
 - b) Describa un método para entrenar la primera capa de una red neuronal con funciones de base radial mediante cuantización vectorial con aprendizaje (LVQ).
- P.3: a) Explique por qué la regla de aprendizaje de una red de Hopfield es Hebbiana.
 - b) ¿Cuál es la principal limitación de una red con funciones de base radial a la hora de tratar patrones con una dinámica temporal (por ejemplo en la predicción de la temperatura) o espacial (como en el caso de reconocimiento de caracteres manuscritos)?
- P.4: a) Realice una tabla comparativa entre la lógica proposicional, la lógica de primer orden y la lógica borrosa, considerando las siguientes columnas:
 - Qué se puede representar de un dominio de aplicación
 - Qué valores de verdad permite
 - Qué métodos se usan para la inferencia
 - b) Defina entropía borrosa y ejemplifique el concepto con diversos tipos de conjuntos.
- P.5: Se obtuvo el material genético de un parásito y se requiere clasificar segmentos de miRNA (derivados del DNA) que puedan regular su capacidad de reproducción, para así poder tratar a los pacientes infectados. Se posee un conjunto de datos con 1663 fragmentos que no tienen actividad biológica alguna y otros 22 cuya actividad es bien conocida. Como no es posible hacer experimentos biológicos con todos los segmentos obtenidos del genoma completo, a partir del conjunto de datos conocidos se requiere entrenar un clasificador que permita determinar qué regiones del genoma son buenas candidatas a tener actividad biológica. Considere que la etapa de extracción de características ya se ha desarrollado y se cuenta, para cada miRNA, con 17 características como: cantidad total de bases, distancia entre los loops, cantidad de coincidencias totales, energía libre de la cadena, etc. Considere que es necesario tener una buena estimación del error de predicción sobre el genoma completo, por lo que se deberá proponer un adecuado método de validación de los resultados.

Candidate 1 Candidate 756

Candidate 649 Candidate 1539

 $\approx 30 \text{min.}$

Observaciones:

- La duración máxima del examen es de 2:00 hs.
- Procure responder brevemente y sólo lo que se pregunta, se evaluará la capacidad de síntesis.
 Utilice algoritmos y expresiones matemáticas siempre que sea posible.
- Comience cada tema en una nueva hoja, es decir, comience una hoja con 1.a), 2.a), 3.a), etc.
- Escriba claramente su nombre y apellido en cada hoja. Numérelas de la siguiente manera: [Nº de hoja / Nº total de hojas]