

Instituto Tecnológico Autónomo de México

Programación Lineal MAT-24410

Proyecto de Separación Lineal

Danya Carolina Gómez Cantú 198618
Luis Fernando Rodríguez Retama 208047
Diego Nieto Pizano 207606

7 de octubre de 2025

Resumen

Este proyecto, para la materia de Programación Lineal, se desarrolló con el objetivo de aplicar técnicas de optimización al problema de separación lineal de conjuntos. En particular, se buscó encontrar un hiperplano en el espacio R^{30} capaz de discriminar dos grupos de observaciones (tumores malignos y benignos) a partir del conjunto de datos *Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)*. Con este enfoque, las restricciones describen la posición relativa de los puntos respecto al hiperplano, y las variables de holgura cuantifican las violaciones cuando los conjuntos no son perfectamente separables.

Para resolver el problema, se formularon y compararon el modelo primal y su correspondiente dual, ambos implementados en Python, utilizando el método *simplex*. Se midieron variables como el número de iteraciones, el tiempo de ejecución y el valor óptimo de la función objetivo, además de verificarse las condiciones de Karush–Kuhn–Tucker (KKT) para los resultados obtenidos. Para facilitar la interpretación geométrica, los resultados se proyectaron a dos dimensiones mediante Análisis de Componentes Principales (PCA), lo que permitió visualizar la frontera lineal que separa ambas clases en un plano que conserva la mayor parte de la varianza del conjunto original.

Los resultados mostraron una coincidencia casi exacta entre el primal y el dual, con una brecha de dualidad del orden de 10^{-15} y condiciones KKT satisfechas dentro de tolerancias numéricas estrictas. El modelo logró hacer una separación no estricta pero efectiva de los dos tipos de tumores, mientras que la proyección PCA mostró una frontera lineal clara entre ambas clases.

Índice

1. Introducción	3
2. Definición	4
2.1. Problema	4
2.1.1. Modelo de Programación Lineal	4
2.1.2. Modelo primal (minimización de violaciones)	5
3. Metodología	6
3.1. Estructura general del procedimiento	6
3.2. Objetivo del análisis comparativo	8
4. Preguntas	8
4.1. Argumente por qué $w = 0$ no es parte de la solución.	8
4.1.1. Justificación teórica	9
4.2. Determine el problema dual.	9
4.2.1. Forma dual	10
4.2.2. Forma simplificada del dual	10
4.2.3. Dual estandarizado	11
5. Resultados	12
5.1. Gráficas de los vectores	12
5.2. Resultados numéricos	14
5.3. Validación de las condiciones de KKT	14
6. Conclusiones	15

1. Introducción

El presente proyecto se desarrolla en el marco del curso de Programación Lineal, y tiene como objetivo resolver el problema de separación lineal de conjuntos mediante el uso de simplex. La idea central es encontrar un hiperplano capaz de dividir dos grupos de datos en el espacio R^n , tal que las observaciones de un conjunto queden de un lado del hiperplano y las del otro conjunto queden al lado opuesto.

Cuando los conjuntos no son perfectamente separables, el modelo introduce variables de holgura que permiten medir y minimizar las violaciones dentro del esquema de programación lineal. Esto garantiza que siempre sea posible obtener una solución.

El trabajo se formula en dos versiones: el problema primal y su problema dual. Ambos se resuelven empleando la función `linprog` de `scipy.optimize`, y se comparan sus resultados con base en métricas como el número de iteraciones, el tiempo de cómputo y el valor óptimo de la función objetivo. Además, se validan las condiciones de Karush-Kuhn-Tucker (KKT), asegurando la calidad de la solución.

Para ilustrar y evaluar el modelo se emplea el conjunto de datos *Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)*, disponible en el *UC Irvine Machine Learning Repository*. Este dataset contiene 569 instancias con 30 variables numéricas que describen características de núcleos celulares en muestrass de tejido mamario, así como una etiqueta que los clasifica como malignos o benignos.

En resumen, los objetivos de este proyecto son:

- Formular el problema de separación lineal como un modelo de programación lineal.
- Resolver el modelo tanto en su versión primal como en su versión dual.
- Implementar el proceso en Python y documentar los resultados obtenidos.
- Validar las soluciones mediante las condiciones KKT.
- Representar gráficamente los vectores resultantes para interpretar la separación lograda.

2. Definición

Decimos que los conjuntos

$$A = \{x_1, x_2, \dots, x_s\} \subset R^n, \quad B = \{x_{s+1}, x_{s+2}, \dots, x_{s+r}\} \subset R^n$$

son linealmente separables si y sólo si existe un hiperplano

$$H(w, \beta) = \{x \in R^n \mid w^\top x = \beta\}, \quad (1)$$

tal que se cumple

$$w^\top x_i > \beta \quad \text{para todo } x_i \in A, \quad w^\top x_i < \beta \quad \text{para todo } x_i \in B.$$

2.1. Problema

Dados los conjuntos descritos $A, B \subset R^n$ no vacíos y ajenos con . El problema es determinar un hiperplano $H(w, \beta)$ tal que ocurra uno de los siguientes enunciados:

1. Separe los puntos de A y B , como en la definición de conjuntos separables.
2. Se minimizen las violaciones de cada punto en A y B .

2.1.1. Modelo de Programación Lineal

Para nuestro hiperplano $H(w, \beta)$, deseamos:

$$(a) \ w^\top x > \beta, \ x \in A \quad \text{y} \quad (b) \ w^\top x < \beta, \ x \in B.$$

Como las restricciones son estrictas, introducimos una variable $\varepsilon > 0$ tal que

$$(a) \ w^\top x \geq \beta + \varepsilon, \ x \in A \quad \text{y} \quad (b) \ w^\top x \leq \beta - \varepsilon, \ x \in B.$$

Multiplicando por $1/\varepsilon$ en todas las desigualdades se obtiene

$$(a) \ \left(\frac{w}{\varepsilon}\right)^\top x \geq \left(\frac{\beta}{\varepsilon}\right) + 1, \ x \in A, \quad (b) \ \left(\frac{w}{\varepsilon}\right)^\top x \leq \left(\frac{\beta}{\varepsilon}\right) - 1, \ x \in B.$$

Renombramos

$$w \leftarrow \frac{w}{\varepsilon}, \quad \beta \leftarrow \frac{\beta}{\varepsilon},$$

y llegamos a las desigualdades

$$(a) \ w^\top x \geq \beta + 1, \ x \in A, \quad (b) \ w^\top x \leq \beta - 1, \ x \in B.$$

Supongamos ahora que w y β están fijos. Para $\hat{x} \in A$ ocurren dos casos:

1. $w^\top \hat{x} \geq \beta + 1$,
2. $w^\top \hat{x} < \beta + 1$.

En el caso (i) asignamos la variable de holgura $y_{\hat{x}} = 0$. En el caso (ii), tomamos $y_{\hat{x}} > 0$ tal que

$$w^\top \hat{x} + y_{\hat{x}} \geq \beta + 1.$$

En ambos casos se tiene

$$w^\top \hat{x} + y_{\hat{x}} \geq \beta + 1.$$

Para todo el conjunto A , agrupando las variables de holgura en un vector $y \geq 0$, se obtiene la desigualdad vectorial

$$Aw + y \geq \beta e_A + e_A, \quad y \geq 0, \quad (2)$$

donde $A \in R^{m \times n}$ tiene como renglones a los elementos del conjunto A , y $e_A = (1, \dots, 1)^\top \in R^m$.

Similarmente, para los elementos de B introducimos $z \geq 0$ y escribimos

$$Bw - z \leq \beta e_B - e_B, \quad z \geq 0, \quad (3)$$

donde los renglones de $B \in R^{p \times n}$ son los elementos del conjunto B , y $e_B = (1, \dots, 1)^\top \in R^p$.

2.1.2. Modelo primal (minimización de violaciones)

Un modelo natural de programación lineal (promediando las violaciones en cada clase) es

$$\min_{w, \beta, y, z} \quad \frac{1}{m} e_A^\top y + \frac{1}{p} e_B^\top z \quad (4)$$

$$\text{sujeto a} \quad Aw + y \geq \beta e_A + e_A, \quad (5)$$

$$Bw - z \leq \beta e_B - e_B, \quad (6)$$

$$y \geq 0, \quad z \geq 0. \quad (7)$$

3. Metodología

El desarrollo computacional de este proyecto se basó en la formulación matemática presentada en la sección anterior, resolviendo el problema de separación lineal tanto en su versión primal como en su versión dual, mediante el uso del algoritmo `linprog` de la biblioteca `scipy.optimize` en Python. Para ambos modelos se utilizó el método simplex, con el fin de observar de manera explícita el número de iteraciones, el tiempo de cómputo y el valor óptimo de la función objetivo.

3.1. Estructura general del procedimiento

El procedimiento seguido para resolver ambos modelos puede resumirse en las siguientes etapas:

1. **Obtención y preparación de los datos.** Se utilizó el conjunto de datos *Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)*, disponible en el repositorio *UC Irvine Machine Learning Repository*. Este dataset contiene 569 observaciones y 30 variables numéricas que describen características físicas de los núcleos celulares. Cada observación está clasificada como *maligna* o *benigna*, lo cual permitió dividir la matriz de entrada en dos subconjuntos: A (tumores malignos) y B (tumores benignos).
2. **Reducción de dimensionalidad mediante PCA.** Para facilitar la interpretación geométrica del modelo de separación lineal, se aplicó el método de Análisis de Componentes Principales (PCA) a las 30 variables originales y también se tuvieron que normalizar todas las variables para poder visualizarlo en dos componentes. Esta técnica transforma las variables originales en un nuevo sistema de coordenadas ortogonales, cuyos ejes (los componentes principales) se eligen de modo que el primero capture la mayor parte de la varianza total del conjunto y los siguientes componentes expliquen la mayor cantidad posible de la varianza restante.

Al proyectar los datos sobre los dos primeros componentes (PC1 y PC2), se obtiene una representación bidimensional que conserva la estructura esencial de la dispersión original y permite visualizar la frontera lineal obtenida por el modelo. Esta representación es especialmente útil cuando las variables de entrada presentan correlaciones significativas, ya que PCA elimina la redundancia y resalta las direcciones más informativas para la clasificación.
3. **Construcción del modelo primal.** El modelo primal se formuló como un problema de programación lineal con variables de decisión w, β, y, z , donde w y β definen el hiperplano separador, y los vectores y y z representan las violaciones (o *slacks*) de las restricciones. El objetivo es minimizar el promedio ponderado de las violaciones en cada clase:

$$\min_{w, \beta, y, z} \left(\frac{e_A}{m} \right)^\top y + \left(\frac{e_B}{p} \right)^\top z$$

sujeto a las restricciones del modelo. La solución óptima produce un hiperplano $H(w, \beta)$ que separa, en la medida de lo posible, los dos conjuntos de datos.

4. **Construcción del modelo dual.** A partir del modelo primal se derivó su problema dual aplicando las reglas de dualidad de la programación lineal. Las variables duales u y q corresponden a los multiplicadores asociados a las restricciones del primal, y su interpretación se relaciona con la importancia o peso asignado a cada observación en la frontera de separación. El dual fue implementado también con `linprog`, usando la misma estructura de parámetros para garantizar la comparabilidad de resultados.
5. **Resolución con el método Simplex.** Ambos modelos (primal y dual) se resolvieron empleando el método *simplex* de `scipy.optimize.linprog`. Este algoritmo recorre los vértices factibles del poliedro de restricciones y garantiza encontrar un punto óptimo si el problema es acotado y factible. Se registraron el número de iteraciones, el tiempo de CPU y el valor de la función objetivo en cada caso.
6. **Validación de las condiciones KKT.** Una vez obtenidas las soluciones, se verificaron las **condiciones de Karush–Kuhn–Tucker (KKT)**, que constituyen el criterio fundamental de optimalidad en problemas de programación lineal. Las pruebas incluyeron:

- **(1) Holgura complementaria.** Esta condición establece que, en el óptimo, cada variable primal x_i y su variable dual asociada z_i no pueden ser simultáneamente positivas. Si una restricción está activa ($z_i > 0$), la variable primal correspondiente debe ser nula ($x_i = 0$), y viceversa. Matemáticamente:

$$x^\top z = 0.$$

- **(2) Factibilidad primal.** La solución x debe satisfacer las restricciones originales del problema en forma de igualdad. En este contexto, las variables primales deben cumplir:

$$Ax - b = 0.$$

- **(3) Estacionariedad y factibilidad dual.** Esta condición establece que no hay ninguna dirección que mejore la solución sin violar las restricciones ya establecidas. Además, introduce la relación entre las variables duales y , las variables de holgura z y el vector de costos c :

$$A^\top y + z - c = 0.$$

- **(4) No negatividad.** Finalmente, se exige que las variables primales y las variables de holgura duales sean no negativas, lo que asegura la factibilidad de ambas soluciones (primal y dual):

$$x \geq 0, \quad z \geq 0.$$

7. **Evaluación gráfica.** Con la solución del problema primal se calcularon los vectores $Aw + y$ y $Bw - z$, cuyas gráficas permiten observar la dispersión de los datos respecto al hiperplano separador. Además, con la representación en los dos primeros componentes principales (PC1 y PC2), se visualizó la frontera lineal entre tumores malignos y benignos, mostrando cómo el modelo logra discriminar ambas clases en el espacio reducido.

8. **Repositorio.** Nuestro código está disponible en:
<https://github.com/danyagomezcantu/linearprogrammingproject>

3.2. Objetivo del análisis comparativo

Finalmente, se realizó un análisis comparativo entre los resultados del modelo primal y del modelo dual en términos de:

- Número de iteraciones del método simplex.
- Tiempo de ejecución (CPU).
- Valor óptimo de la función objetivo.
- Grado de cumplimiento de las condiciones KKT.

Estos indicadores permiten evaluar la consistencia teórica entre ambos modelos, confirmando la *dualidad fuerte*, y analizar la eficiencia computacional del método simplex aplicado a cada caso.

4. Preguntas

4.1. Argumente por qué $w = 0$ no es parte de la solución.

Notemos que en el Modelo de Programación Lineal se busca que

$$(a) w^\top x > \beta, \quad x \in A \quad (b) w^\top x < \beta, \quad x \in B$$

y después de introducir variables y hacer cambios de variable se llega a las desigualdades:

$$(a) w^\top x \geq \beta + 1, \quad x \in A, \quad (b) w^\top x \leq \beta - 1, \quad x \in B,$$

con w vector y β escalar fijos.

Sin embargo, si tomamos $w = 0$ vamos a llegar a la siguiente contradicción:

$$(a) 0 \geq \beta + 1, \quad (b) 0 \leq \beta - 1$$

lo cual implica que

$$\beta \leq -1 \quad \text{y} \quad \beta \geq 1.$$

Por lo tanto, β deja de tener sentido y llegamos a una contradicción.

4.1.1. Justificación teórica

Teóricamente, el vector $w \neq 0$ va a minimizar y reducir los valores de y y z , es decir, siempre existe un $w \neq 0$ que logra menor costo. Además, un hiperplano necesita un vector normal distinto de cero para poder existir, pues si $w = 0$ ya no hay dirección y no hay nada que separe los puntos de A y B .

4.2. Determine el problema dual.

Partimos de la formulación primal extendida. Sean $\beta_+, \beta_- \in R$ y $w_+, w_- \in R^n$ tales que

$$\beta = \beta_+ - \beta_-, \quad w = w_+ - w_-.$$

El problema primal se escribe como:

$$\text{mín } 0 \cdot \beta_+ + 0 \cdot \beta_- + 0^\top w_+ + 0^\top w_- + \left(\frac{e_A}{m}\right)^\top y + \left(\frac{e_B}{p}\right)^\top z$$

sujeeto a

$$\begin{aligned} -e_A(\beta_+ - \beta_-) + A(w_+ - w_-) + y &\geq e_A, \\ -e_B(\beta_+ - \beta_-) + B(w_+ - w_-) - z &\leq -e_B, \\ \beta_+, \beta_-, w_+, w_-, y, z &\geq 0. \end{aligned}$$

Introducimos variables de holgura $r \in R^m$, $s \in R^p$ con $r, s \geq 0$. Así, el problema se reescribe como:

$$\text{mín } \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0^\top & 0^\top & \left(\frac{e_A}{m}\right)^\top & \left(\frac{e_B}{p}\right)^\top & 0^\top & 0^\top \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \beta_+ \\ \beta_- \\ w_+ \\ w_- \\ y \\ z \\ r \\ s \end{pmatrix}$$

s.a.

$$\begin{aligned} -e_A\beta_+ + e_A\beta_- + Aw_+ - Aw_- + y - r &= e_A, \\ -e_B\beta_+ + e_B\beta_- + Bw_+ - Bw_- - z + s &= -e_B, \\ \beta_+, \beta_-, w_+, w_-, y, z, r, s &\geq 0. \end{aligned}$$

En forma matricial:

$$\begin{pmatrix} -e_A & e_A & A & -A & I_m & O_{m \times p} & -I_m & O_{m \times p} \\ -e_B & e_B & B & -B & O_{p \times m} & -I_p & O_{p \times m} & I_p \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \beta_+ \\ \beta_- \\ w_+ \\ w_- \\ y \\ z \\ r \\ s \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} e_A \\ -e_B \end{pmatrix}.$$

4.2.1. Forma dual

Sean $u \in R^m$, $v \in R^p$. El problema dual es:

$$\text{máx } (e_A^\top \quad -e_B^\top) \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix}$$

s.a.

$$\begin{pmatrix} -e_A^\top & -e_B^\top \\ e_A^\top & e_B^\top \\ A^\top & B^\top \\ -A^\top & -B^\top \\ I_m & O_{m \times p} \\ O_{p \times m} & -I_p \\ -I_m & O_{m \times p} \\ O_{p \times m} & I_p \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} \leq \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ \frac{e_A}{m} \\ \frac{e_B}{p} \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}.$$

Aquí u, v son variables libres.

4.2.2. Forma simplificada del dual

La formulación equivalente es:

$$\text{máx } e_A^\top u - e_B^\top v$$

s.a.

$$\begin{aligned} -e_A^\top u - e_B^\top v &\leq 0, \\ e_A^\top u + e_B^\top v &\leq 0, \\ A^\top u + B^\top v &\leq 0, \\ -A^\top u - B^\top v &\leq 0, \\ u &\leq \frac{e_A}{m}, \\ -v &\leq \frac{e_B}{p}, \\ -u &\leq 0, \\ v &\leq 0. \end{aligned}$$

Estas restricciones implican:

$$e_A^\top u + e_B^\top v = 0, \quad A^\top u + B^\top v = 0, \quad 0 \leq u \leq \frac{e_A}{m}, \quad 0 \leq -v \leq \frac{e_B}{p}.$$

Definiendo $q = -v \in R^p$, se obtiene:

$$\text{máx } e_A^\top u + e_B^\top q$$

s.a.

$$\begin{aligned} e_A^\top u - e_B^\top q &= 0, \\ A^\top u - B^\top q &= 0, \\ 0 \leq u &\leq \frac{e_A}{m}, \\ 0 \leq q &\leq \frac{e_B}{p}. \end{aligned}$$

4.2.3. Dual estandarizado

Introduciendo $f \in R^m$, $g \in R^p$ con $f, g \geq 0$, la formulación equivalente es:

$$\text{mín } \begin{pmatrix} -e_A^\top & -e_B^\top & 0^\top & 0^\top \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u \\ q \\ f \\ g \end{pmatrix}$$

s.a.

$$\begin{pmatrix} e_A^\top & -e_B^\top & 0^\top & 0^\top \\ A^\top & -B^\top & 0_{n \times m} & 0_{n \times p} \\ I_m & O_{m \times p} & I_m & O_{m \times p} \\ O_{p \times m} & I_p & O_{p \times m} & I_p \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u \\ q \\ f \\ g \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \frac{e_A}{m} \\ \frac{e_B}{p} \end{pmatrix},$$

con $u, q, f, g \geq 0$.

5. Resultados

El modelo de separación lineal determinó un hiperplano en el espacio R^{30} capaz de separar las 212 observaciones correspondientes a tumores malignos de las 357 observaciones benignas. A continuación, se presentan los resultados numéricos y las gráficas obtenidas en la ejecución del método *simplex* tanto para el problema primal como para su dual.

5.1. Gráficas de los vectores

En las gráficas $Aw+y$ y $Bw-z$, el eje horizontal es simplemente el *índice* de cada observación en el subconjunto correspondiente (A = malignos, B = benignos), en el orden en que aparecen en la matriz de datos; no tiene unidades físicas. El eje vertical muestra el valor de la expresión evaluada ($Aw+y$ o $Bw-z$) para cada muestra, lo que permite verificar de forma directa el cumplimiento de las restricciones del primal.

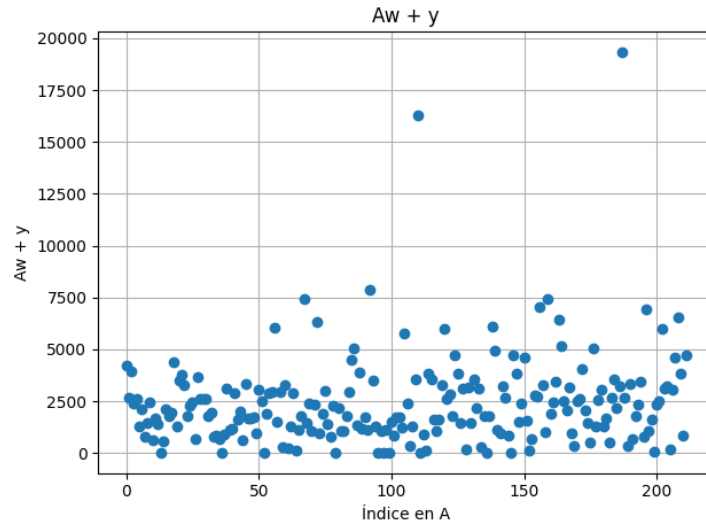


Figura 1: Factibilidad del conjunto maligno.

La Figura 1 evalúa las restricciones del conjunto maligno A en el modelo primal. Cada punto representa el valor de $Aw + y$ para una observación, evidenciando el cumplimiento de las desigualdades $Aw + y \geq e_A(\beta + 1)$. Los puntos cercanos a 1 indican observaciones en el margen, mientras que valores mayores corresponden a restricciones no activas.

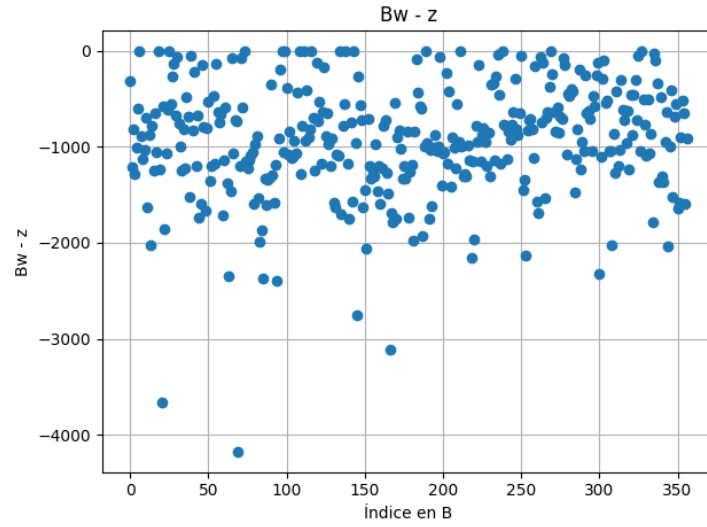


Figura 2: Factibilidad del conjunto benigno.

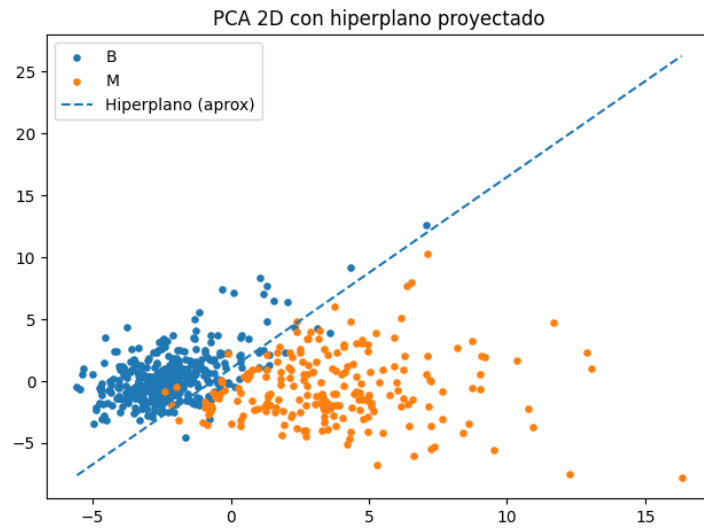


Figura 3: Proyección en dos dimensiones mediante Análisis de Componentes Principales (PCA). Los puntos benignos y malignos se distribuyen a cada lado de la frontera lineal proyectada.

La Figura 2 evalúa las restricciones del conjunto benigno B en el modelo primal. Cada punto representa el valor de $Bw - z$ para una observación, cumpliendo $Bw - z \leq e_B(\beta - 1)$. Los puntos cercanos a -1 corresponden a observaciones en el margen, mientras que los más negativos indican restricciones alejadas del hiperplano.

La Figura 3 representa la proyección PCA del hiperplano. La línea punteada representa la proyección del hiperplano separador obtenido mediante programación lineal. Los puntos naranjas (M) corresponden a tumores malignos y los azules (B) a benignos. Aunque el modelo se entrenó en 30 dimensiones, la proyección permite visualizar la frontera lineal en el plano definido por las dos componentes principales.

5.2. Resultados numéricos

Variable	Primal	Dual
Éxito de la optimización	<i>True</i>	<i>True</i>
Mensaje del solver	<i>Optimization terminated successfully.</i>	
Número de iteraciones	3492	1313
Tiempo de CPU (s)	20.087	6.648
Valor óptimo de la función objetivo	0.0	-9.49×10^{-15}
Brecha de dualidad	9.49×10^{-15}	

Los resultados muestran que tanto el modelo primal como el dual convergieron exitosamente, alcanzando valores óptimos prácticamente idénticos. La brecha de dualidad $|\text{primal} - \text{dual}| = 9.49 \times 10^{-15}$ es del orden de la precisión numérica de la máquina, lo que indica que se obtuvo una solución óptima y estable. El tiempo de cómputo fue de aproximadamente 20s para el primal y 6.6s para el dual, lo cual es razonable considerando la dimensión del problema ($n = 30$ variables y más de 500 restricciones).

5.3. Validación de las condiciones de KKT

En la Tabla 5.3 se muestran las métricas calculadas para verificar la satisfacción de las condiciones de Karush–Kuhn–Tucker (KKT), las cuales comprueban la optimalidad de la solución.

Condición KKT	Valor numérico
Complementariedad	-9.49×10^{-15}
Factibilidad primal	8.72×10^{-9}
Estacionariedad	0.0
No negatividad (primal)	0.0
No negatividad (holgura dual)	-3.14×10^{-14}

Los resultados confirman que las condiciones KKT se satisfacen con buena precisión numérica:

- La **complementariedad** próxima a cero (-9.49×10^{-15}) indica que las restricciones activas se encuentran correctamente emparejadas con sus multiplicadores duales.
- La **factibilidad primal** del orden de 10^{-9} demuestra que las desigualdades originales se cumplen casi exactamente.
- La **estacionariedad** y la **no negatividad primal** son exactamente cero, confirmando que el gradiente del lagrangiano se anula y las variables básicas son válidas.
- Finalmente, la **no negatividad de las holguras duales** toma un valor de -3.14×10^{-14} , el cual puede considerarse nulo dentro de la tolerancia numérica del solver.

Estas métricas confirman que el modelo cumple las condiciones esperadas para este problema.

6. Conclusiones

Notemos que tanto para el primal como el dual se llegó a prácticamente el mismo valor óptimo, con una diferencia mínima de 9.49×10^{-15} por lo que podemos concluir que ambos logran realizar adecuadamente el problema. Sin embargo, el Dual es considerablemente más efectivo, ya que, el primal tuvo que hacer 3 veces más iteraciones y tardó más del triple en encontrar la solución. Por otro lado, las condiciones de KKT se satisfacen prácticamente por completo, ya que, estrictamente la no negatividad de las holguras duales se viola, pero por tolerancia numérica se puede considerar como nulo.

Por todo lo anterior, sabemos que simplex clásico es un método que logra resolver el problema planteado, sin embargo, proponemos el método HiGHS (que también usa el simplex) para hacer más efectivo el proceso y ahorrar tiempo y energía.

En definitiva, el hiperplano planteado logra separar las muestras de manera efectiva en malignos y benignos. Con estos resultados, los médicos podrían guiarse para llegar a una estimación de diagnóstico, optimizando su tiempo y salvando vidas.

Referencias

- [1] Antolín Camarena, O. (s. f.). *Introduction to the simplex method*. Universidad Nacional Autónoma de México. Recuperado el 6 de octubre de 2025, de <https://www.matem.unam.mx/~omar/math340/simplex-intro.html>
- [2] scikit-learn. (s. f.). *PCA. Scikit-learn 1.7.2 documentation*. Recuperado el 6 de octubre de 2025, de <https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.decomposition.PCA.html>
- [3] Tibshirani, R. (2018). *Karush–Kuhn–Tucker Conditions (lecture notes, Convex Optimization 10-725)*. Carnegie Mellon University. <https://www.stat.cmu.edu/~ryantibs/convexopt-F18/lectures/kkt.pdf>