Tarea 6

Matemáticas para las ciencias de la computación

Por: Miguel Angel Soto Hernandez

Fundamentos de los modelos de aprendizaje automático

Los modelos de aprendizaje automático son herramientas matemáticas que permiten descubrir representaciones sintéticas de eventos externos, con el fin de obtener una mejor comprensión y predecir el comportamiento futuro. A veces estos modelos sólo se han definidos desde un punto de vista teórico, pero los avances en la investigación nos permiten ahora aplicar conceptos de aprendizaje automático para comprender mejor el comportamiento de sistemas sistemas complejos, como las redes neuronales profundas. En este capítulo, vamos a introducir y discutir algunos elementos fundamentales. Es posible que los lectores expertos ya conozcan estos elementos, pero aquí ofrecemos varias interpretaciones y aplicaciones posibles.

Modelos y datos

Los modelos de aprendizaje automático trabajan con datos. Crean asociaciones, descubren relaciones, descubren patrones, generan nuevas muestras y mucho más, trabajando con conjuntos de datos bien definidos, que son colecciones homogéneas de puntos de datos (por ejemplo observaciones, imágenes o medidas) relacionados con un escenario específico (por ejemplo, la temperatura de una habitación muestreada cada 5 minutos, o los pesos de una población de individuos)

Desgraciadamente, a veces las suposiciones o condiciones impuestas a los modelos de aprendizaje automático no están claras, y un largo proceso de entrenamiento puede dar lugar a un fracaso total de la validación. Podemos pensar en un modelo como una caja gris (cierta transparencia está garantizada por la simplicidad de muchos algoritmos comunes), donde una entrada vectorial X extraída de un conjunto de datos se transforma en una salida vectorial Y

Estructura y propiedades de los conjuntos de datos

¿Cuál es la naturaleza de X e Y? Un problema de aprendizaje automático se centra en el aprendizaje de relaciones abstractas que permiten una generalización consistente cuando se proporcionan nuevas muestras. Más concretamente, podemos definir un proceso estocástico de generación de datos con una distribución de probabilidad conjunta asociada:

$$p_{data}(x, y) = p(x | y)p(x)$$

El proceso p_{data}

representa la expresión más amplia y abstracta del problema. Por ejemplo, un clasificador que debe distinguir entre retratos masculinos y femeninos se basará en un proceso de generación de datos que define teóricamente las probabilidades de todos los rostros posibles, con respecto al atributo binario masculino/femenino. Está claro que nunca podemos trabajar directamente con p_{data}

sólo es posible encontrar una fórmula bien definida que describa $p_{\it data}$

en algunos casos limitados (por ejemplo, la distribución de todas las imágenes pertenecientes a un conjunto de datos).

Características de un modelo de aprendizaje automático

Capacidad de aprendizaje

Para simplificar, supongamos que tenemos un algoritmo selector que puede buscar una hipótesis $\,h_i\,$ en un conjunto $\,H\,$

. Este elemento puede interpretarse de muchas maneras según el contexto. Por ejemplo, el conjunto de hipótesis podría corresponder al conjunto de parámetros razonables de un modelo o, en otro escenario, a un conjunto finito de algoritmos ajustados para resolver problemas específicos. Como la definición es general, no tenemos que preocuparnos por su estructura.

En el otro lado de este paisaje, está el conjunto de conceptos C que queremos aprender. Un concepto $c_i \in C$ es una instancia de un problema que pertenece a una clase definida. De nuevo, la estructura puede variar, pero para simplificar el lector puede asumir que un concepto está asociado a un conjunto de entrenamiento clásico que contiene un número finito de puntos de datos.

Capacidad de un modelo

:

Si consideramos un modelo supervisado como un conjunto de funciones parametrizadas, podemos definir la capacidad de representación como la capacidad intrínseca de una determinada función genérica para mapear un número relativamente grande de distribuciones de datos. Para entender este concepto, consideremos una función f(x)

que admite infinitas derivadas, y reescribámos
la como una expansión de Taylor alrededor de un punto de partida
 \mathbf{x}_0

$$f(x) = f(x_0) + \frac{f'(x_0)}{1!} (x - x_0) + \frac{f''(x_0)}{2!} (x - x_0)^2 + \dots = \sum_{n=0}^{\infty} \frac{f^{(n)}(x_0)}{n!} (x - x_0)^n$$

Podemos decidir tomar sólo los primeros n términos, para tener una función polinómica de n grados alrededor del punto de partida $x_0 = 0$:

$$f(x) \approx \theta_0 + \theta_1 x + \ldots + \theta_n x^n$$

Sesgo de un estimador

Consideremos ahora un modelo parametrizado con un único parámetro vectorial. Esto no es una limitación, sólo una elección didáctica:

$$p(X;\theta)\in C$$

El objetivo de un proceso de aprendizaje es estimar el parámetro $\Box\Box$ para, por ejemplo, maximizar la precisión de sus clasificaciones. Definimos el sesgo de un estimador en relación con un parámetro θ

$$Bias[\theta] = E_{x|\theta}[\theta] - \theta \Rightarrow (x \theta p(\theta)) - \theta$$

Varianza de un estimador

Al principio hemos definido el proceso de generación de datos pdata, y hemos supuesto que nuestro conjunto de datos X se ha extraído de esta distribución. Sin embargo, no queremos aprender las relaciones existentes limitadas a X; esperamos que nuestro modelo sea capaz de generalizar correctamente a cualquier otro subconjunto extraído de p_{data}

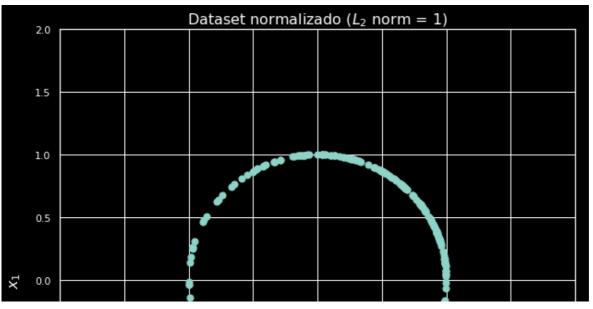
. Una buena medida de esta capacidad la proporciona la varianza del estimador:

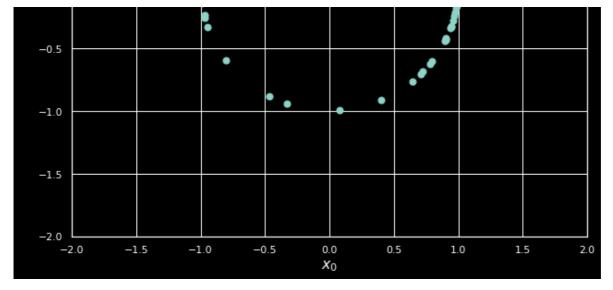
$$Var[\theta] = Stden[\theta]^2 = E[(\theta - E[\theta])^2]$$

Ejemplo: Normalización

```
In [ ]:
```

```
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import seaborn as sns
from sklearn.preprocessing import Normalizer
plt.style.use('dark background')
# Definimos una semilla random para poderlo reproducir despues
np.random.seed(1000)
numero muestras = 200
mu = [1.0, 1.0]
matriz covarianza = [[2.0, 0.0], [0.0, 0.8]]
if name == " main ":
  # Creamos el conjunto de datos
 X = np.random.multivariate normal(mean=mu, cov=matriz covarianza,
                                    size=numero muestras)
  # Realizar la normalizacion
  normalizador = Normalizer(norm='12')
  X nz = normalizador.fit transform(X)
  # Mostrar los resultados
  fig, ax = plt.subplots(figsize=(10, 10))
  ax.scatter(X_nz[:, 0], X_nz[:, 1], s=50)
  ax.set_xlim([-2, 2])
  ax.set_ylim([-2, 2])
  ax.set_xlabel(r'$x_0$', fontsize=16)
  ax.set_ylabel(r'$x_1$', fontsize=16)
  ax.set title(r'Dataset normalizado ($L 2$ norm = 1)', fontsize=16)
 plt.show()
  # Computar un ejemplo de prueba
  X \text{ test} = [
      [-4., 0.],
      [-1., 3.]
  ]
  Y test = normalizador.transform(X test)
  # Imprimir el grado (en radianes)
  print(f'Grado en radianes: {np.arccos(np.dot(Y test[0], Y test[1]))}')
```





Grado en radianes: 1.2490457723982544

Tal y como esperábamos, todos los puntos se sitúan ahora en un círculo unitario. Llegados a este punto, el lector podría preguntarse en qué puede ser útil este paso de preprocesamiento. En algunos contextos, como el Procesamiento del Lenguaje Natural (PLN), dos vectores de características son diferentes en proporción al ángulo que forman, mientras que son casi insensibles a la distancia euclidiana.

Funciones de pérdida y Regularización

Las funciones de pérdida son aproximaciones que nos permiten medir el error cometido por un modelo de aprendizaje automático. Definen la propia estructura del problema a resolver, y preparan el algoritmo para un paso de optimización destinado a maximizar o minimizar la función de pérdida función de pérdida. A través de este proceso, nos aseguramos de que todos nuestros parámetros se eligen para con el fin de reducir el error tanto como sea posible. En este capítulo, vamos a discutir las funciones de pérdida fundamentales y sus propiedades. También he incluido una sección dedicada sección dedicada al concepto de regularización; los modelos regularizados son más resistentes a la sobreadaptación, y pueden lograr resultados más allá de los límites de una función de pérdida simple.

Definición de las funciones de pérdida y coste

Muchos problemas de aprendizaje automático pueden expresarse a través de una función proxy que mide el error de entrenamiento. La suposición implícita obvia es que, al reducir tanto los errores de entrenamiento como los de validación, la precisión aumenta y el algoritmo alcanza su objetivo.

Si consideramos un escenario supervisado (muchas consideraciones valen también para los semisupervisados), con conjuntos de datos finitos X e Y:

$$X = \{X_0, X_1, \dots, X_N\} \text{ where } X_i \in \mathbb{R}^k$$

$$- - - - -$$

$$Y = \{Y_0, Y_1, \dots, Y_N\} \text{ where } Y_i \in \mathbb{R}^t$$

Podemos definir la función de pérdida genérica para un solo punto de datos como:

$$J(X_{\dot{p}}, Y_{\dot{p}}, \theta) = J(f(X_{\dot{p}}, \theta), Y_{\dot{p}}) = J(Y_{\dot{p}}, Y_{\dot{p}})$$

Regularización

Cuando un modelo está mal condicionado o es propenso al sobreajuste, la regularización ofrece algunas herramientas válidas para mitigar los problemas. Desde un punto de vista matemático, un regularizador es una penalización que se añade a la función de costes para imponer una condición adicional a la evolución de los parámetros:

$$L_R(X, Y, \theta) = L(X, Y, \theta) + \lambda(\theta)$$

El parámetro \square controla la fuerza de la regularización, que se expresa a través de la función $g(\square)$. Una condición fundamental en $g(\square)$ es que debe ser diferenciable para que la nueva función de coste compuesta pueda seguir siendo optimizada mediante algoritmos SGD. En general, se puede emplear cualquier función regular; sin embargo, normalmente necesitamos una función que pueda contrastar el crecimiento indefinido de los parámetros.

Ejemplo: Regularización

Si el conjunto de datos X contiene 1000 puntos $X_i \subset \mathbb{D}^p$

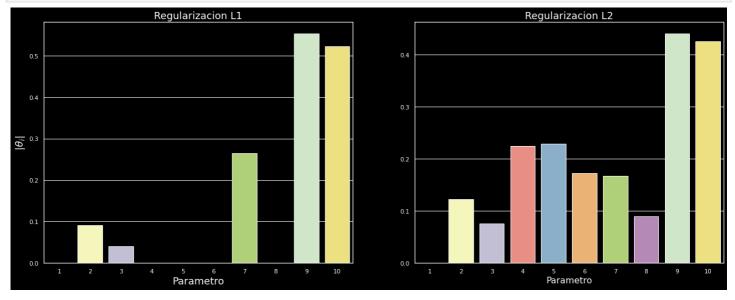
precisión óptima se alcanza con este tamaño de muestra cuando todas las características son informativas cuando k < p características son irrelevantes, necesitamos aproximadamente 1000 + O(log k) muestras. Esto es una simplificación del resultado original; por ejemplo, si p = 5000 y 500 características son irrelevantes, asumiendo el caso más simple, necesitamos aproximadamente 1000 + log 500 \approx 1007 puntos de datos.

Este resultado es muy importante porque a menudo es difícil y costoso obtener un gran número de muestras nuevas, en particular cuando se obtienen en contextos experimentales (por ejemplo, ciencias sociales, investigación farmacológica, etc.). Antes de continuar, consideremos un conjunto de datos sintético que

```
contiene 500 puntos X_i
\in \mathbb{R}^10
con sólo cinco características informativas:
```

In []:

```
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import pandas as pd
import seaborn as sns
from sklearn.datasets import make classification
from sklearn.linear model import LogisticRegression
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
plt.style.use('dark background')
# Establecer una semilla aleatoria para la reproducibilidad
np.random.seed(1000)
if name == ' main ':
  # Crear el conjunto de datos
 X, Y = make classification(n samples=500, n classes=2, n features=10,
                            n informative=5, n redundant=3,
                            n clusters per class=2, random state=1000)
 # Escalar el conjunto de datos
 ss = StandardScaler()
 X s = ss.fit transform(X)
 Ahora podemos ajustar dos instancias de regresión logística con todo el
 conjunto de datos: la primera utilizando la regularización L2 y la segunda
 utilizando L1. En ambos casos, la fuerza se mantiene fija:
  # Entrenar dos regresiones logísticas con penalizaciones L2 y L1
 1r 12 = LogisticRegression(solver='saga', penalty='12', C=0.25,
                            random state=1000)
 lr 12.fit(X s, Y)
 lr 11 = LogisticRegression(solver='saga', penalty='11', C=0.25,
                             random state=1000)
```



Introducción al aprendizaje semi-supervisado

El aprendizaje semisupervisado es una rama del aprendizaje automático que trata de resolver problemas que incluyen tanto datos etiquetados como no etiquetados, empleando conceptos que incluyen características de los métodos de agrupación y clasificación.

La gran disponibilidad de muestras sin etiquetar, y la dificultad de etiquetar correctamente enormes conjuntos de datos, llevó a muchos investigadores a investigar los mejores enfoques que permiten extender el conocimiento proporcionado por las muestras etiquetadas a una población mayor sin etiquetar, sin pérdida de precisión.

Escenario semisupervisado

El contexto del aprendizaje semisupervisado se define entonces por la unión de los dos conjuntos $\{X\!L,Y\!L\}$ y X_U

. Una suposición importante sobre las muestras no etiquetadas es que que se supone que sus etiquetas faltan al azar, sin ninguna correlación con la distribución real de las etiquetas. Se supone que el conjunto de datos no etiquetados tiene una distribución que no difiere drásticamente de la etiquetada en términos de equilibrio de clases (por ejemplo, no podemos esperar que el 90% de las muestras no etiquetadas pertenezcan a la misma clase y las restantes se repartan entre todas las clases restantes).

En un marco general, no hay restricciones sobre los valores de N y M; sin embargo un problema semisupervisado surge normalmente cuando el número de puntos no etiquetados es (mucho) mayor que la cardinalidad del conjunto etiquetado. Si podemos extraer N >> M puntos etiquetados de p_{data}

, probablemente sea inútil seguir trabajando con enfoques semisupervisados, y es probable que los métodos supervisados clásicos sean la mejor opción. La complejidad extra que necesitamos se justifica por M >> N, que es una condición común en todas aquellas situaciones en las que la cantidad de datos sin etiquetar disponibles es grande y el número de muestras correctamente etiquetadas es bastante menor.

Mezcla gaussiana generativa

El primer modelo que vamos a discutir se llama Generative Gaussian Mixture, y pretende modelar el proceso de generación de datos $p_{\rm data}$

utilizando una suma de distribuciones gaussianas ponderadas ponderadas. Como el modelo es generativo, su estructura nos permite no sólo agrupar el conjunto de datos existente en regiones bien definidas (representadas como gaussianas), sino también emitir la probabilidad de que cualquier punto de datos nuevo pertenezca a cada una de las clases. Este modelo es muy flexible, y puede aplicarse para resolver todos aquellos problemas en los que es necesario realizar una agrupación y una clasificación al mismo tiempo, obteniendo el vector de probabilidad de asignación que determina la probabilidad de que un punto de datos sea generado por una distribución gaussiana específica.

Autoformación

El autoentrenamiento es un enfoque muy intuitivo de la clasificación semisupervisada, que se basa en una amplia aplicación de los supuestos de suavidad y agrupación. El autoentrenamiento suele ser una opción válida cuando el conjunto de datos etiquetados contiene suficiente información sobre el proceso subyacente de generación de datos (es decir, un CV muestra una precisión relativamente alta) y se supone que la muestra no etiquetada sólo es responsable de un ajuste fino del algoritmo. Si no se cumple esta condición, no se puede optar por el autoentrenamiento, ya que depende en gran medida de la integridad de la muestra etiquetada.

Co-Training

El coentrenamiento es otro enfoque semisupervisado muy sencillo pero eficaz, propuesto por Blum y Mitchell (en Blum A., Mitchell T., Combining Labeled and Unlabeled Data with Co-Training, 11th Annual Conference on Computational Learning 1998) como estrategia alternativa cuando el conjunto de datos es multidimensional multidimensional, y diferentes grupos de características codifican aspectos diferentes pero de cada clase. El coentrenamiento sólo es eficaz en los casos en que los puntos de datos pueden teóricamente con sólo una parte de las características (incluso con una ligera pérdida de rendimiento). pérdida de rendimiento). Como vamos a ver, la redundancia resulta útil en de una muestra no etiquetada, para compensar la falta de conocimiento que un clasificador puede tener. Por el contrario, si cada punto de datos contiene características que no pueden dividirse en dos grupos separados y autónomos, este método es ineficaz.

Ejemplo:

```
In [ ]:
```

```
import numpy as np
from sklearn.datasets import load_wine
from sklearn.naive_bayes import GaussianNB
from sklearn.metrics import classification_report
from sklearn.utils import shuffle

# Definir una semilla random para poderlo reproducir despues
np.random.seed(1000)

if __name__ == "__main__":
    # Cargar dataset
    vino = load_wine()
    X, Y = shuffle(vino['data'], vino['target'], random_state=1000)

num_muestras = X.shape[0]
num_etiquetados = 20
num_sin_etiquetar = num_muestras - num_etiquetados
num_muestras_sin_etiquetar = 2
```

```
feature_cut = 7
X unlabeled = X[-num sin etiquetar:]
X_labeled = X[:num_etiquetados]
Y labeled = Y[:num etiquetados]
X labeled 1 = X labeled[:, 0:feature cut]
X_labeled_2 = X_labeled[:, feature_cut:]
# Entrenar un clasificador Naive-Bayes de prueba
nb0 = GaussianNB()
nb0.fit(X labeled, Y labeled)
# Informe de clasificación de NB único
print(classification report(Y, nb0.predict(X),
                            target names=vino['target names']))
# Realizar el procedimiento de Cotraining
nb1 = None
nb2 = None
while X labeled 1.shape[0] <= num muestras:</pre>
  nb1 = GaussianNB()
  nb1.fit(X_labeled_1, Y_labeled)
  nb2 = GaussianNB()
  nb2.fit(X labeled 2, Y labeled)
 if X labeled 1.shape[0] == num muestras:
   break
 probs1 = nb1.predict proba(X unlabeled[:, 0:feature cut])
  top confidence idxs1 = np.argsort(np.max(probs1, axis=1))[::-1]
  selected idxs1 = top confidence idxs1[0:num muestras sin etiquetar]
  probs2 = nb2.predict proba(X unlabeled[:, feature cut:])
  top_confidence_idxs2 = np.argsort(np.max(probs2, axis=1))[::-1]
  selected idxs2 = top confidence idxs2[0:num muestras sin etiquetar]
  selected_idxs = list(selected_idxs1) + list(selected_idxs2)
 X_new_labeled = X_unlabeled[selected_idxs]
  X new labeled 1 = X unlabeled[selected idxs1, 0:feature cut]
 X new labeled 2 = X unlabeled[selected idxs2, feature cut:]
 Y new labeled 1 = nb1.predict(X new labeled 1)
 Y new labeled 2 = nb2.predict(X new labeled 2)
 X labeled 1 = np.concatenate((X labeled 1, X new labeled[:, 0:feature cut]),
                               axis=0)
 X_labeled_2 = np.concatenate((X_labeled_2, X_new labeled[:, feature cut:]),
                               axis=0)
 Y labeled = np.concatenate((Y labeled, Y new labeled 1, Y new labeled 2),
                             axis=0)
  X_unlabeled = np.delete(X_unlabeled, selected idxs, axis=0)
# Imprimir los informes de clasificación de Cotraining
print(classification_report(Y, nb1.predict(X[:, 0:feature_cut]),
                            target_names=vino['target_names']))
print(classification_report(Y, nb2.predict(X[:, feature_cut:]),
                           target names=vino['target names']))
```

	precision	recall	f1-score	support
<pre>class_0 class_1 class_2</pre>	1.00 0.68 1.00	0.51 1.00 0.92	0.67 0.81 0.96	59 71 48
accuracy macro avg weighted avg	0.89 0.87	0.81 0.81	0.81 0.81 0.81	178 178 178

	precision	recall	fl-score	support
<pre>class_0 class_1 class_2</pre>	1.00 0.77 0.95	0.75 0.97 0.88	0.85 0.86 0.91	59 71 48
accuracy macro avg weighted avg	0.91 0.89	0.86 0.87	0.87 0.87 0.87	178 178 178
	precision	recall	f1-score	support
<pre>class_0 class_1 class_2</pre>	1.00 0.78 0.96	0.71 0.97 0.96	0.83 0.87 0.96	59 71 48
accuracy macro avg weighted avg	0.91 0.90	0.88	0.88 0.89 0.88	178 178 178

Clasificación avanzada semisupervisada

Estimación pesimista de la probabilidad contrastiva

La CPLE es capaz de superar los métodos de clasificación estándar con un coste computacional, que puede ser relativamente mayor debido a la reevaluación de la log-verosimilitud por la función de optimización. Sin embargo, la complejidad adicional es una condición normal en el aprendizaje semisupervisado y, en este punto, debería estar claro cuándo este coste es razonable y cuándo es preferible ceñirse a un conjunto de datos más pequeño y etiquetado, etiquetado. El lector puede probar otros ejemplos utilizando diferentes clasificadores, como SVM o Árboles de Decisión, y comprobar cuándo la CPLE permite obtener mayor precisión que otros algoritmos supervisados.

Máquinas de vectores de apoyo semisupervisadas ($S^3 VM$)

Cuando hablamos de la suposición de cluster, también definimos las regiones de baja densidad como límites y el problema correspondiente como separación de baja densidad. Un clasificador supervisado común basado en este concepto es una máquina de vectores de apoyo (SVM), cuyo objetivo es maximizar la distancia entre las regiones densas donde deben estar las muestras.

 $S^3 VM$

es un enfoque muy potente que ofrece una gran flexibilidad para adaptarse a diferentes escenarios. Es especialmente adecuado cuando la estructura de la muestra no etiquetada es parcialmente (o incluso completamente) desconocida, y la responsabilidad principal del etiquetado debe concederse a las muestras etiquetadas.

Máquinas de vectores de apoyo transductoras (TSVM)

Las TSVM son potentes modelos semisupervisados especialmente adecuados para escenarios en los que la estructura geométrica del conjunto de datos es fiable y todos los puntos proceden del mismo proceso de generación de datos. Si se cumplen estas condiciones, el algoritmo puede aprovechar la estructura del conjunto de datos para encontrar el etiquetado más adecuado para la muestra no etiquetada. Por otro lado, si la muestra sin etiquetar es ruidosa, o su estructura puede derivar de múltiples procesos, el TSVM no es una opción adecuada y podría dar resultados muy inexactos.

Ejemplo: TSVM

In []:

```
import numpy as np
import seaborn as sns
from scipy.optimize import minimize
from sklearn.datasets import make classification
plt.style.use('dark background')
Vamos a utilizar un conjunto de datos bidimensional similar al empleado en el
método anterior. Sin embargo, en este caso, impondremos 150 muestras sin
etiquetar de un total de 200 puntos:
# Establecer una semilla aleatoria para la reproducibilidad
np.random.seed(1000)
nb samples = 200
nb unlabeled = 150
# Crear conjunto de datos
X, Y = make_classification(n_samples=nb_samples, n_features=2, n_redundant=0,
                           random state=1000)
Y[Y==0] = -1
Y[nb_samples - nb_unlabeled:nb_samples] = 0
El procedimiento es similar al que usamos antes. En primer lugar, tenemos que
inicializar nuestras variables:
# Inicializar variables TSVM
w = np.random.uniform(-0.1, 0.1, size=X.shape[1])
eta labeled = np.random.uniform(0.0, 0.1, size=nb samples - nb unlabeled)
eta_unlabeled = np.random.uniform(0.0, 0.1, size=nb unlabeled)
y unlabeled = np.random.uniform(-1.0, 1.0, size=nb unlabeled)
b = np.random.uniform(-0.1, 0.1, size=1)
C labeled = 2.0
C unlabeled = 0.1
# Apilar todas las variables en un solo vector
theta0 = np.hstack((w, eta labeled, eta unlabeled, y unlabeled, b))
En este caso, también tenemos que definir el vector y unlabeled para las
etiquetas variables. También sugiero utilizar dos constantes C
(C labeled y C unlabeled), para poder ponderar la clasificación errónea de las
muestras etiquetadas y no etiquetadas de forma diferente. Usamos un valor de
2,0 para C labeled y 0,1 para C unlabeled, porque queremos aceptar la
orientación de las muestras etiquetadas más que la estructura de las no
etiquetadas. En otro ejemplo, compararemos los resultados con un escenario
opuesto.
def svm target(theta, Xd, Yd):
 wt = theta[0:2].reshape((Xd.shape[1], 1))
 s eta labeled = np.sum(theta[2:2 + nb samples - nb unlabeled])
 s_eta_unlabeled = np.sum(theta[2 + nb_samples - nb_unlabeled:2 + \
                                nb samples])
  return (C labeled * s eta labeled) + (C unlabeled * s eta unlabeled) + \
          (0.5 * np.dot(wt.T, wt))
# Mientras que las restricciones etiquetadas y no etiquetadas son las siguientes
def labeled constraint(theta, Xd, Yd, idx):
 wt = theta[0:2].reshape((Xd.shape[1], 1))
  c = Yd[idx] * (np.dot(Xd[idx], wt) + theta[-1]) + 
      theta[2:2 + nb samples - nb unlabeled][idx] - 1.0
  return int((c >= 0)[0])
```

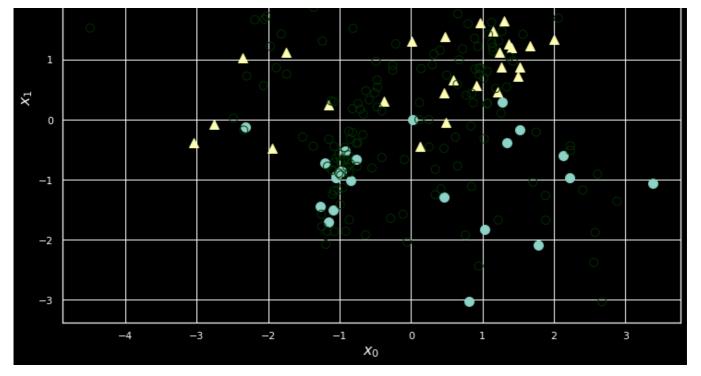
```
def unlabeled constraint(theta, Xd, idx):
 wt = theta[0:2].reshape((Xd.shape[1], 1))
  c = theta[2 + nb \ samples:2 + nb \ samples + nb \ unlabeled][idx - nb \ samples + \
            nb unlabeled] * (np.dot(Xd[idx], wt) + theta[-1]) + \
            theta[2 + nb \text{ samples} - nb \text{ unlabeled:} 2 + nb \text{ samples}][idx - \]
            nb samples + nb unlabeled] - 1.0
 return int((c >= 0)[0])
, , ,
En este ejemplo, queremos emplear el algoritmo SLSQP para optimizar el objetivo.
Este método calcula el jacobiano (es decir, la matriz que contiene las primeras
derivadas parciales) de todas las restricciones (incluidas las booleanas) y en
NumPy 1.8+ el operador de diferencia (-) entre matrices booleanas ha quedado
obsoleto y debe sustituirse por un XOR lógico.
Desafortunadamente, esto puede causar incompatibilidades con SciPy; ya que ese
es el caso, hemos transformado todas las salidas booleanas en valores enteros
(0 y 1). Esta sustitución no afecta ni al rendimiento ni al resultado final.
En este punto, podemos introducir las restricciones tanto para las muestras
etiquetadas como para las no etiquetadas:
def eta labeled constraint(theta, idx):
 return int(theta[2:2 + nb samples - nb unlabeled][idx] >= 0)
def eta unlabeled constraint(theta, idx):
  return int(theta[2 + nb samples - nb unlabeled:2 + nb samples]\
               [idx - nb samples + nb unlabeled] >= 0)
# Podemos crear el diccionario de restricciones que necesita SciPy:
   __name__ == '__ main ':
  # Mostrar el conjunto de datos inicial
  # sns.set()
 fig, ax = plt.subplots(figsize=(12, 9))
 ax.scatter(X[Y == -1, 0], X[Y == -1, 1], marker='o', s=100, label='Clase 0')
 ax.scatter(X[Y == 1, 0], X[Y == 1, 1], marker='^', s=100, label='Clase 1')
 ax.scatter(X[Y == 0, 0], X[Y == 0, 1], facecolor='none',
             edgecolor='#003200', marker='o', s=80, label='Sin etiquetar')
 ax.set xlabel(r'$x 0$', fontsize=16)
 ax.set ylabel(r'$x 1$', fontsize=16)
 ax.grid(True)
 ax.legend(fontsize=16)
  plt.show()
  # Configurar todas las restricciones
  svm constraints = []
  for i in range(nb samples - nb unlabeled):
      svm constraints.append({
          'type': 'ineq',
          'fun': labeled constraint,
          'args': (X, Y, i)
      })
      svm constraints.append({
          'type': 'ineq',
          'fun': eta labeled constraint,
          'args': (i,)
      })
  for i in range(nb samples - nb unlabeled, nb samples):
      svm constraints.append({
          'type': 'ineq',
          'fun': unlabeled constraint,
          'args': (X, i)
      } )
```

```
svm_constraints.append({
        'type': 'ineq',
        'fun': eta unlabeled constraint,
        'args': (i,)
    })
Después de haber definido todas las restricciones, podemos minimizar la
función objetivo utilizando el método='SLSQP' y la opción del diccionario
'maxiter': 2000. En general, la convergencia se logra en un número menor de
iteraciones, pero aquí hemos hecho suposiciones como si estuviéramos
trabajando en un escenario más general:
# Optimizar el objetivo
print('Optimizando...')
result = minimize(fun=svm target, x0=theta0, constraints=svm constraints,
                  args=(X, Y), method='SLSQP', tol=0.0001,
                  options={'maxiter': 2000})
111
Una vez completado el proceso, podemos calcular las etiquetas de las muestras
no etiquetadas y comparar los gráficos:
# Extraer los últimos parámetros
theta end = result['x']
w = theta end[0:2]
b = theta end[-1]
Xu = X[nb samples - nb unlabeled:nb samples]
yu = -np.sign(np.dot(Xu, w) + b)
# Mostrar las parcelas finales
fig, ax = plt.subplots(1, 2, figsize=(22, 9), sharey=True)
ax[0].scatter(X[Y == -1, 0], X[Y == -1, 1], marker='o', s=100,
              label='Clase 0')
ax[0].scatter(X[Y == 1, 0], X[Y == 1, 1], marker='^', s=100,
              label='Clase 1')
ax[0].scatter(X[Y == 0, 0], X[Y == 0, 1], facecolor='none',
              edgecolor='#003200', marker='o', s=100, label='Sin etiquetar')
ax[0].set xlabel(r'$x 0$', fontsize=16)
ax[0].set ylabel(r'$x 1$', fontsize=16)
ax[0].grid(False)
ax[0].legend(fontsize=16)
ax[1].scatter(X[Y == -1, 0], X[Y == -1, 1], c='r', marker='o',
              s=100, label='Clase etiquetada 0')
ax[1].scatter(X[Y == 1, 0], X[Y == 1, 1], c='b', marker='^', s=100,
              label='Clase etiquetada 1')
ax[1].scatter(Xu[yu == -1, 0], Xu[yu == -1, 1], c='r', marker='s', s=150,
              label='Clase 0 sin etiquetar')
ax[1].scatter(Xu[yu == 1, 0], Xu[yu == 1, 1], c='b', marker='v', s=150,
              label='Clase 1 sin etiquetar')
ax[1].set xlabel(r'$x 0$', fontsize=16)
ax[1].grid(False)
ax[1].legend(fontsize=16)
plt.show()
```

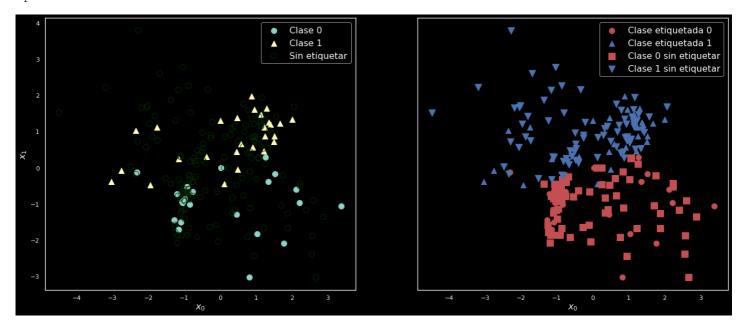
3

Clase 0 Clase 1

Sin etiquetar



Optimizando...



Aprendizaje semi-supervisado basado en gráficos

Los problemas que vamos a discutir pertenecen a dos categorías principales: la propagación de las etiquetas de clase a muestras no etiquetadas, y el uso de técnicas no lineales basadas en la suposición del múltiple para reducir la dimensionalidad del conjunto de datos original. En particular, este capítulo abarca los siguientes algoritmos de propagación:

- Propagación de etiquetas basada en la matriz de pesos
- Propagación de etiquetas en scikit-learn, basada en las probabilidades de transición
- Propagación de etiquetas
- Regularización laplaciana
- Propagación basada en paseos aleatorios de Markov

Propagación de etiquetas

La propagación de etiquetas es una familia de algoritmos semisupervisados que se basan en la representación gráfica de un conjunto de datos para explotar las relaciones existentes entre los nodos con el fin de propagar las etiquetas a los puntos no etiquetados. En concreto, si tenemos N puntos etiquetados (con etiquetas bipolares +1 y -1) y M puntos no etiquetados (denotados por y = 0), es posible construir un grafo no dirigido basado en una medida de afinidad geométrica entre las muestras.

Dispersión de etiquetas

Otro algoritmo (propuesto por Zhou et al.) que debemos analizar es el denominado propagación de etiquetas, que ofrece una ligera mayor estabilidad cuando el conjunto de datos es muy ruidoso o denso. En estos casos, la propagación de etiquetas estándar podría sufrir una pérdida de precisión debido a la cercanía de los puntos con diferentes etiquetas. Por el contrario, la propagación de etiquetas es más robusta porque el laplaciano está normalizado y las transiciones bruscas se penalizan más (todos los detalles matemáticos son bastante complejos, pero el lector puede encontrar todos los detalles en Biyikoglu T., Leydold J., Stadler P. F., Laplacian Eigenvectors of Graphs, Springer, 2007).

El algoritmo se basa en el laplaciano normalizado del grafo, definido como

$$L = D^{\frac{1}{2}} WD^{\frac{1}{2}}$$

Considerándola en forma de matriz, tiene un elemento diagonal \mathcal{Z}_{ij} igual a 1, si el grado deg \mathcal{Z}_{ij}

> 0 (0 en caso contrario), y todos los demás elementos iguales a:

$$\mathcal{I}_{ij} = -\frac{\frac{1}{\sqrt{degv_i}\sqrt{degv_j}}}{\text{if } v_i \in \textit{neighbors}(v_j)}$$

Este operador es un caso particular de un laplaciano gráfico genérico:

$$L = D - W$$

Propagación de etiquetas basada en Markov paseos aleatorios

El objetivo de este algoritmo propuesto por Zhu y Ghahramani es encontrar la distribución de probabilidad de las etiquetas objetivo para muestras no etiquetadas dado un conjunto de datos mixto. Este objetivo se consigue mediante la simulación de un proceso estocástico, en el que cada muestra no etiquetada recorre el gráfico hasta alcanzar un estado estacionario de absorción. Esta simulación se lleva a cabo mediante un proceso estocástico en el que cada muestra no etiquetada recorre el grafo hasta alcanzar un estado estacionario de absorción, una muestra etiquetada, en el que deja de adquirir la etiqueta correspondiente. La principal diferencia con otros enfoques similares es que en este caso se considera la probabilidad de alcanzar una muestra etiquetada. De este modo, el problema adquiere una forma forma cerrada y puede resolverse fácilmente.

Aprendizaje múltiple

Ya hemos hablado de la suposición de los manifiestos, según la cual los datos de alta dimensión se encuentran normalmente en manifiestos de baja dimensión. Por supuesto, esto no es un teorema, pero en muchos casos reales, se ha demostrado que la suposición es correcta, y nos permite trabajar con algoritmos de reducción de la dimensionalidad no lineales que, de otro modo, serían inaceptables. En esta sección, vamos a analizar algunos de estos algoritmos. Todos ellos están implementados en scikit-learn, por lo que es fácil probarlos con conjuntos de datos complejos.

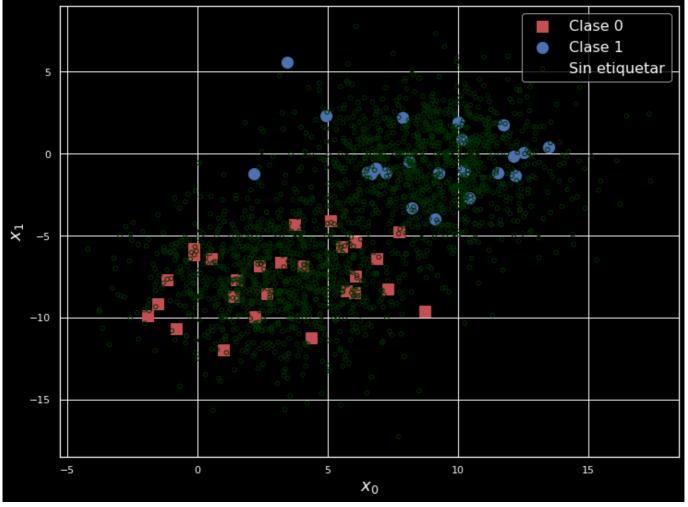
Ejemplo: Propagación de etiquetas basada en paseos aleatorios de Markov

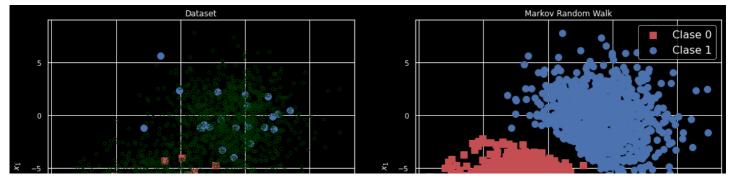
```
In [ ]:
```

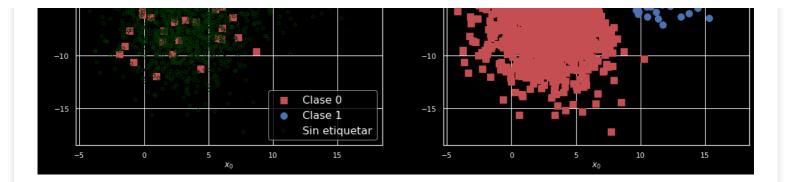
```
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import seaborn as sns
from sklearn.datasets import make_blobs
from sklearn.neighbors import kneighbors_graph
plt.style.use('dark_background')
```

```
Para este ejemplo en Python de propagación de etiquetas basado en paseos
aleatorios de Markov, vamos a utilizar un conjunto de datos bidimensional que
contiene 50 puntos etiquetados pertenecientes a dos clases diferentes, y 1.950
sin etiquetar:
# Establecer una semilla aleatoria para la reproducibilidad
np.random.seed(1000)
nb samples = 2000
nb unlabeled = 1950
nb classes = 2
if name == ' main ':
  X, Y = make blobs(n_samples=nb_samples, n_features=2, centers=nb_classes,
                    cluster std=2.5, random state=1000)
  Y[Y == 0] = -1
  Y[nb samples - nb unlabeled:nb samples] = 0
  # Mostrar el conjunto de datos original
  fig, ax = plt.subplots(figsize=(12, 9))
  ax.scatter(X[Y == -1, 0], X[Y == -1, 1], color='r', marker='s', s=150,
            label="Clase 0")
  ax.scatter(X[Y == 1, 0], X[Y == 1, 1], color='b', marker='o', s=150,
            label="Clase 1")
  ax.scatter(X[Y == 0, 0], X[Y == 0, 1], marker='o', facecolor='none',
             edgecolor='#003200', s=20, label="Sin etiquetar")
  ax.set xlabel(r'$x 0$', fontsize=18)
  ax.set ylabel(r'$x 1$', fontsize=18)
  ax.legend(fontsize=16)
  ax.grid(True)
 plt.show()
 Ahora podemos crear el gráfico (utilizando n_vecinos=15) y la matriz de pesos:
  # Computar W
  W = kneighbors graph(X, n neighbors=15, mode='connectivity',
                       include self=True).toarray()
  111
 Ahora, necesitamos calcular la parte no etiquetada del laplaciano del grafo
 no normalizado y la parte no etiquetada de la matriz W:
  D = np.diag(np.sum(W, axis=1))
  Luu = L[nb samples - nb unlabeled:, nb samples - nb unlabeled:]
 Wul = W[nb samples - nb unlabeled:, 0:nb samples - nb unlabeled, ]
 Yl = Y[0:nb samples - nb unlabeled]
  ,,,
 En este punto, es posible resolver el sistema lineal utilizando la función
 NumPy np.linalg.solve(), que acepta como parámetros la matriz A y el vector
 b^- de un sistema genérico de la forma Ax = bb^- . Cuando la matriz A es muy
  grande, el sistema podría estar mal condicionado. Se sugiere comprobar el
 número de condición 🕮 antes de resolver el sistema. Si es grande (por
 ejemplo, \square « 1) , es preferible utilizar uno de los otros métodos
 anteriormente comentados. Una vez que tenemos la solución, podemos fusionar
 las nuevas etiquetas con las originales (donde las muestras no etiquetadas
 se han marcado con -1). En este caso, no necesitamos convertir las
 probabilidades, porque estamos usando 0 y 1 como etiquetas. En general, es
 necesario utilizar un umbral (0,5) para seleccionar la etiqueta correcta:
 Yu = np.round(np.linalg.solve(Luu, np.dot(Wul, Yl)))
  Y final = Y.copy()
  Y final[nb samples - nb unlabeled:] = Yu.copy()
  # Mostrar el resultado final
```

```
fig, ax = plt.subplots(1, 2, figsize=(18, 8))
ax[0].scatter(X[Y == -1, 0], X[Y == -1, 1], color='r', marker='s', s=100,
              label="Clase 0")
ax[0].scatter(X[Y == 1, 0], X[Y == 1, 1], color='b', marker='o', s=100,
              label="Clase 1")
ax[0].scatter(X[Y == 0, 0], X[Y == 0, 1], marker='o', facecolor='none',
              edgecolor='#003200', s=20, label="Sin etiquetar")
ax[0].set xlabel(r'$x 0$')
ax[0].set_ylabel(r'$x_1$')
ax[0].set title('Dataset')
ax[0].legend(fontsize=16)
ax[0].grid(True)
ax[1].scatter(X[Y final == -1, 0], X[Y final == -1, 1], color='r', marker='s',
              s=100, label="Clase 0")
ax[1].scatter(X[Y_final == 1, 0], X[Y_final == 1, 1], color='b', marker='o',
              s=100, label="Clase 1")
ax[1].set_xlabel(r'$x_0$')
ax[1].set_ylabel(r'$x_1$')
ax[1].set_title('Markov Random Walk')
ax[1].legend(fontsize=16)
ax[1].grid(True)
plt.show()
```







Clustering y Modelos no supervisados

Vamos a presentar algunos algoritmos fundamentales de clustering y discutiremos sus puntos fuertes y débiles. El campo del aprendizaje no supervisado, así como como cualquier otro enfoque de aprendizaje automático, debe basarse siempre en el concepto de la navaja de Occam. Siempre se debe preferir la simplicidad, siempre que el rendimiento del el modelo cumpla con sus requisitos. Sin embargo, en este caso, la verdad básica puede ser desconocida. Cuando un algoritmo de clustering Cuando se adopta un algoritmo de agrupación como herramienta de exploración, sólo podemos suponer que el conjunto de datos representa un proceso preciso de generación de datos. Si esta suposición es correcta, la mejor estrategia es determinar el número de conglomerados para maximizar la cohesión interna (densidad) y la separación externa. Esto significa que esperamos encontrar manchas (o islotes) cuyas muestras comparten algunas características comunes y parcialmente únicas.

Vecinos más cercanos K

Este algoritmo pertenece a una familia particular denominada algoritmos basados en instancias (la metodología se llama aprendizaje basado en instancias).

Se diferencia de otros enfoques porque no trabaja con un modelo matemático real. Por el contrario, la inferencia se realiza mediante la comparación directa de las nuevas muestras con las existentes (que se definen como instancias). KNN es un enfoque que puede emplearse fácilmente para resolver problemas de agrupación, clasificación y regresión (aunque, en este caso, vamos a considerar sólo la primera técnica). La idea principal del algoritmo de clustering es muy sencilla. Consideremos un proceso de generación de datos p_{data} y finito un conjunto de datos extraídos de esta distribución:

$$X = X_1, X_2, \dots, X_n \text{ donde } X_1 \in \mathbb{R}^N$$

Cada punto tiene una dimensionalidad igual a N. Ahora podemos introducir una función de distancia $d(x_1, x_2)$, que en la mayoría de los casos puede generalizarse con la distancia de Minkowski:

$$-\sum_{\substack{-\\ d_p(X_1, X_2) = (j=1 \mid X_1^{-j} - X_2^{-j} \mid P)^p}}^{N}$$

Cuando p = 2, dp (\bar{x} 1, \bar{x} 2) representa la distancia euclidiana clásica, que normalmente es la elección por defecto en casi cualquier escenario. En casos particulares, puede ser útil emplear otras variantes, como p = 1 (que también se conoce como distancia Manhattan) o p > 2. Aunque todas las propiedades de una función métrica permanezcan inalteradas, diferentes valores de p producen resultados que pueden ser semánticamente diversos.

K-means

Cuando hablamos del algoritmo de la mezcla gaussiana, lo definimos como K-means suave. La razón es que cada cluster estaba representado por tres elementos: media, varianza y peso. Cada muestra pertenece siempre a todos los clusters con una probabilidad proporcionada por las distribuciones gaussianas. Este enfoque puede ser muy útil cuando es posible manejar las probabilidades como pesos, pero en muchas otras situaciones es preferible determinar un solo cluster por muestra.

Este anfaque se denomina clustarina dura y los K-means nueden considerarse la versión dura de una mezola

Late emoque se denomina clustering durby los remeans pueden considerarse la version dura de una mezcia gaussiana. De hecho, cuando todas las varianzas $\Sigma i \to 0$, las distribuciones degeneran en deltas de Dirac $\Box (x-x_0)$

, que representan picos perfectos centrados en un punto específico (aunque no sean funciones reales sino distribuciones). En este escenario, la única posibilidad de determinar el clúster más adecuado es encontrar la distancia más corta entre un punto de la muestra y todos los centros (a partir de ahora, vamos a llamarlos centroides). Este enfoque se basa también en un doble principio importante que debe tenerse en cuenta en todo algoritmo de clustering. Los clusters deben establecerse para maximizar

- La cohesión intraclúster
- La separación entre clusters

Métricas de evaluación

En muchos casos, es imposible evaluar el rendimiento de un algoritmo de clustering utilizando sólo una inspección visual. Además, es importante utilizar métricas objetivas estándar que nos permitan comparar diferentes enfoques.

A continuación vamos a presentar algunos métodos basados en el conocimiento de la verdad de base (la asignación correcta para cada punto de datos) y una estrategia común empleada cuando se desconocen las verdaderas etiquetas.

Antes de hablar de las funciones de puntuación, debemos introducir una notación estándar. Si hay k clusters, definimos las etiquetas verdaderas como:

$$Y_{true} = \{y_1^{true}, y_2^{true}, \dots, y_M^{true}\} \text{ donde } y_i^{true} \in \{1, 2, \dots, k\}$$

Del mismo modo, podemos definir las etiquetas previstas:

$$Y_{pred} = \{y_1^{pred}, y_2^{pred}, \dots, y_M^{pred}\} \text{ donde } y_i^{pred} \in \{1, 2, \dots, k\}$$

Ambos conjuntos pueden considerarse como muestras de dos variables aleatorias discretas (para simplificar, las denotamos con los mismos nombres, cuyas funciones de masa de probabilidad son $P_{\it true}$

- (y) y P_{pred}
- (y) con un y genérico $\in \{y_1, y_1, y_2, \dots, y_k\}$ (yi representa el índice del ith cluster). Estas dos probabilidades pueden aproximarse con un recuento de frecuencias; así, por ejemplo, la probabilidad P_{me}
- (1) se calcula como el número de puntos de datos cuya etiqueta verdadera es una $n_{\it true}$
- (1) sobre el número total de puntos de datos M.

Ejemplo: K-Means

```
In [ ]:
```

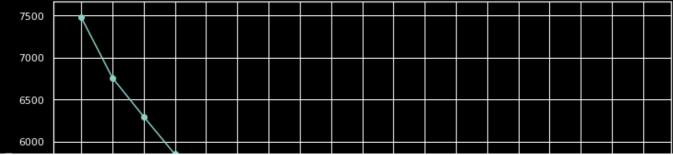
```
import matplotlib.pyplot as plt
import matplotlib.cm as cm
import numpy as np
import seaborn as sns
from sklearn.datasets import load_digits
from sklearn.cluster import KMeans
from sklearn.manifold import TSNE
plt.style.use('dark_background')

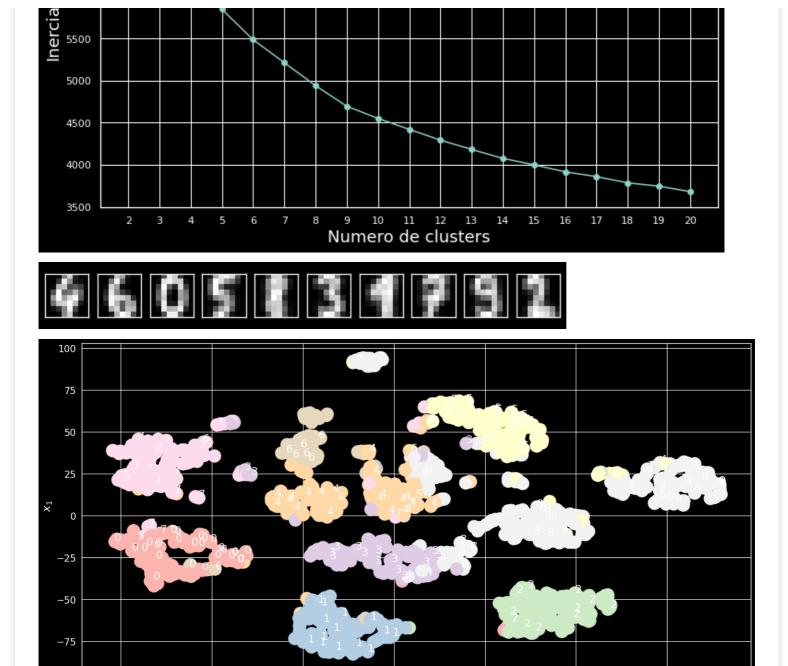
# Establecer una semilla aleatoria para la reproducibilidad
np.random.seed(1000)

min_nb_clusters = 2
max_nb_clusters = 20

if __name__ == '__main__':
    # Cargar el conjunto de datos
    digits = load_digits()
```

```
X_train = digits['data'] / np.max(digits['data'])
# Calcular las inercias
inertias = np.zeros(shape=(max nb clusters - min nb clusters + 1,))
for i in range(min nb clusters, max nb clusters + 1):
  km = KMeans(n clusters=i, random state=1000)
  km.fit(X train)
  inertias[i - min nb clusters] = km.inertia
# Trazar las inercias
# sns.set()
fig, ax = plt.subplots(figsize=(12, 7))
ax.plot(np.arange(2, max nb clusters + 1), inertias, "o-")
ax.set_xlabel("Numero de clusters", fontsize=18)
ax.set_ylabel("Inercia", fontsize=18)
ax.set xticks(np.arange(2, max nb clusters + 1))
ax.grid(True)
plt.show()
# Realizar K-Means con 10 clusters
km = KMeans(n clusters=10, random state=1000)
Y = km.fit_predict(X_train)
# Mostrar los centroides
fig, ax = plt.subplots(1, 10, figsize=(10, 10))
for i in range(10):
  c = km.cluster centers [i]
  ax[i].matshow(c.reshape(8, 8) * 255.0, cmap='gray')
  ax[i].set xticks([])
  ax[i].set yticks([])
plt.show()
# Realice el t-SNE en el conjunto de datos agrupados
tsne = TSNE(n_components=2, perplexity=10.0, random_state=1000)
X tsne = tsne.fit transform(X train)
fig, ax = plt.subplots(figsize=(20, 10))
# Mostrar el conjunto de datos agrupados t-SNE
for i in range(X tsne.shape[0]):
  ax.scatter(X tsne[i, 0], X tsne[i, 1], marker='o', color=cm.Pastel1(Y[i]),
  if i % 10 == 0:
    ax.annotate('%d' % Y[i], xy=(X tsne[i, 0], X tsne[i, 1]), fontsize=18)
ax.set xlabel(r'$x 0$', fontsize=18)
ax.set ylabel(r'$x 1$', fontsize=18)
for t in ax.xaxis.get major ticks():
  t.label.set fontsize(16)
for t in ax.yaxis.get major ticks():
  t.label.set fontsize(16)
ax.grid(True)
plt.show()
```





Clustering avanzado y modelos no supervisados

-25

Seguiremos analizando los algoritmos de clustering, centrando nuestra atención en modelos más complejos que pueden resolver problemas en los que K-means falla. Estos algoritmos son extremadamente útiles en contextos específicos (por ejemplo, la segmentación geográfica) en los que la estructura de los datos es muy poco lineal y cualquier aproximación conduce a una caída sustancial del rendimiento.

C-means difuso

-75

Ya hemos hablado de la diferencia entre clustering duro y blando, comparando K-means con las mezclas gaussianas. Otra forma de abordar este problema se basa en el concepto de lógica difusa, que fue propuesto por primera vez por Lotfi Zadeh en 1965. Los conjuntos lógicos clásicos se basan en la ley del medio excluido,

que en un escenario de clustering puede expresarse diciendo que un punto \mathbf{x}_i sólo puede pertenecer a un único cluster \mathbf{c}_i

Hablando en términos más generales, si dividimos nuestro universo en particiones etiquetadas, un enfoque de clustering duro asignaría una etiqueta a cada muestra, mientras que un enfoque difuso (o suave) permitiría la gestión de un grado de pertenencia (en las mezclas gaussianas, se trata de una probabilidad real) w_{ii}

```
, que expresa lo fuerte que es la relación entre el punto \ ^{X}_{i} y el cluster c_{j}
```

A diferencia de otros métodos, al emplear la lógica difusa es posible definir conjuntos asimétricos que no son representables con funciones continuas (como como los trapecios). Esto permite una mayor flexibilidad y una mayor capacidad de adaptación a geometrías más complejas.

Agrupación espectral

Uno de los problemas más comunes de K-means y otros algoritmos similares es la suposición de que sólo tenemos clusters hiperesféricos. De hecho, K-means es insensible al ángulo y asigna una etiqueta sólo en función de la distancia más cercana entre un punto y los centroides. La geometría resultante se basa en hiperesferas donde todos los puntos comparten la misma condición de estar más cerca del mismo centroide. Esta condición puede ser aceptable cuando el conjunto de datos se divide en manchas que pueden ser fácilmente en una estructura geométrica regular. Sin embargo, falla cuando los conjuntos no son separables mediante formas regulares.

DBSCAN

La mayoría de los métodos de clustering discutidos hasta ahora se basan en suposiciones sobre la estructura geométrica del conjunto de datos. Por ejemplo, K-means puede encontrar los centroides de regiones hiperesféricas, mientras que el clustering espectral tiene menos limitaciones (en particular utilizando una matriz de afinidad KNN), pero requiere conocer el número deseado de clusters y dicha elección condiciona el resultado. Por otro lado, el clustering espectral espectral, así como el DBSCAN (que significa Density-Based Spatial Clustering de Aplicaciones con Ruido), pueden trabajar con clusters no convexos, mientras que K-means requiere tal condición.

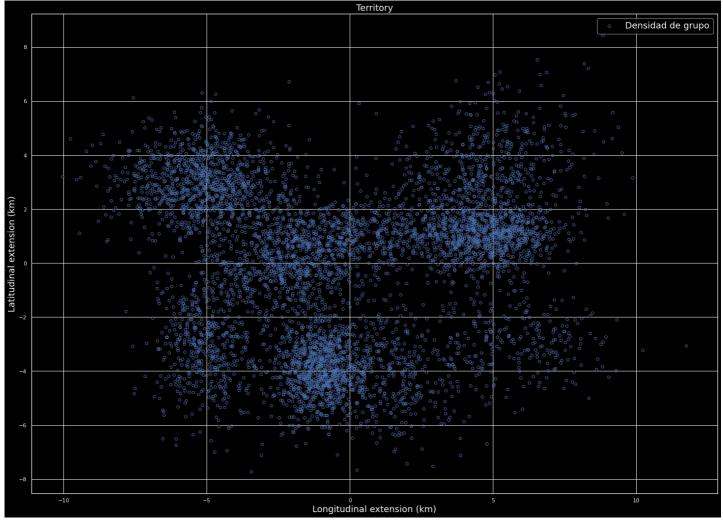
DBSCAN es un algoritmo propuesto por Ester para superar todas estas limitaciones.

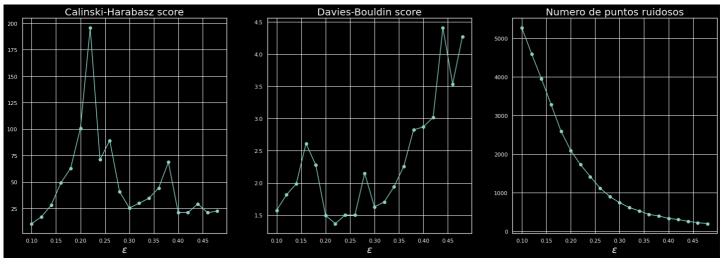
Ejemplo: DBSCAN

```
In [ ]:
```

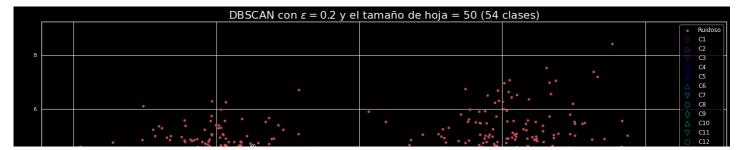
```
import matplotlib.cm as cm
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import seaborn as sns
from sklearn.cluster import DBSCAN
from sklearn.metrics import calinski harabasz score, davies bouldin score
plt.style.use('dark background')
# Establecer una semilla aleatoria para la reproducibilidad
np.random.seed(1000)
if __name__ == " main ":
  # Crear el conjunto de datos
 mus = [[-5, -3], [-5, 3], [-1, -4], [1, -4], [-2, 0],
        [0, 1], [4, 2], [6, 4], [5, 1], [6, -3], [-5, 3]]
  Xts = []
  for mu in mus:
   n = np.random.randint(100, 1000)
    covm = np.diag(np.random.uniform(0.2, 3.5, size=(2,)))
   Xt = np.random.multivariate normal(mu, covm,
                                       size=(n,))
   Xts.append(Xt)
  X = np.concatenate(Xts)
  # Mostrar el conjunto de datos original
```

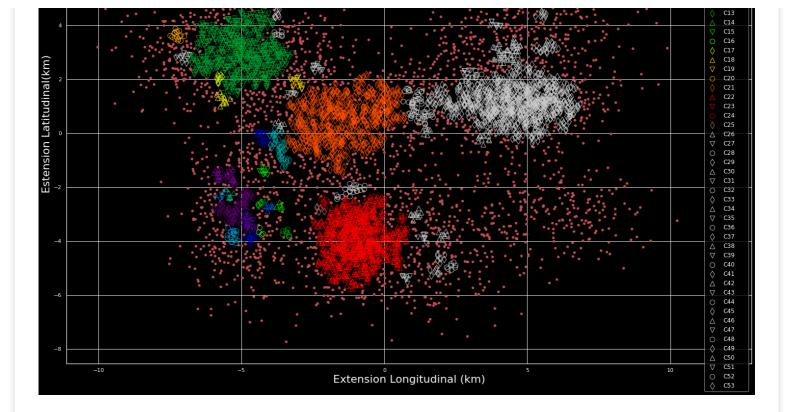
```
# sns.set()
  fig, ax = plt.subplots(figsize=(25, 18))
 ax.scatter(X[:, 0], X[:, 1], facecolor='none', edgecolor='b', marker='o', s=30, label=
"Densidad de grupo")
 ax.set xlabel("Longitudinal extension (km)", fontsize=18)
 ax.set ylabel("Latitudinal extension (km)", fontsize=18)
 ax.set title("Territory", fontsize=18)
 ax.legend(fontsize=18)
 ax.grid(True)
 plt.show()
  # Computar los scores
  ch = []
  db = []
  no = []
  for e in np.arange(0.1, 0.5, 0.02):
   dbscan = DBSCAN(eps=e, min samples=8, leaf size=50)
   Y = dbscan.fit_predict(X)
    ch.append(calinski harabasz score(X, Y))
    db.append(davies bouldin score(X, Y))
    no.append(np.sum(Y == -1))
  # Plotear los resultados
  fig, ax = plt.subplots(1, 3, figsize=(25, 8))
  x = np.arange(0.1, 0.5, 0.02)
  ax[0].plot(x, ch, "o-")
  ax[0].set xlabel(r"$\epsilon$", fontsize=20)
  ax[0].set title("Calinski-Harabasz score", fontsize=20)
 ax[1].plot(x, db, "o-")
  ax[1].set xlabel(r"$\epsilon$", fontsize=20)
  ax[1].set_title("Davies-Bouldin score", fontsize=20)
 ax[2].plot(x, no, "o-")
 ax[2].set_xlabel(r"$\epsilon$", fontsize=20)
 ax[2].set title("Numero de puntos ruidosos", fontsize=20)
 plt.show()
  # Realizar el clustering
  dbscan = DBSCAN(eps=0.2, min samples=8, leaf size=50)
 Y = dbscan.fit predict(X)
 print("No. clusters: {}".format(np.unique(dbscan.labels).shape))
  print("No. puntos ruidosos: {}".format(np.sum(Y == -1)))
  print("CH = {}".format(calinski harabasz score(X, Y)))
 print("DB = {}".format(davies bouldin score(X, Y)))
  # Mostrar el resultado final
  fig, ax = plt.subplots(figsize=(25, 18))
 ms = ['o', 'd', '^', 'v']
  for i, y in enumerate(np.unique(dbscan.labels)):
   label = "C{}".format(y + 1) if y != -1 else "Ruidoso"
   m = ms[i % 4]
   if y != -1:
     ax.scatter(X[Y == y, 0], X[Y == y, 1], marker=m, facecolor='none', edgecolor=cm.n
ipy\_spectral((y + 1) * 10),
                   s=100, label=label)
   else:
      ax.scatter(X[Y == y, 0], X[Y == y, 1], marker='o', color="r", s=20, label=label)
  ax.set xlabel("Extension Longitudinal (km)", fontsize=22)
  ax.set ylabel("Estension Latitudinal(km)", fontsize=22)
  ax.set_title(r"DBSCAN con $\epsilon=0.2$ y el tamaño de hoja = 50 ({} clases)".format(l
```





No. clusters: (54,)
No. puntos ruidosos: 2098
CH = 100.91669074221588
DB = 1.494946886124201





Introducción al análisis de series temporales

Una serie temporal es simplemente una secuencia de valores producidos por un sistema estocástico a lo largo del tiempo. A diferencia de la regresión, que suele opera con sistemas sin estado, las series temporales se basan en una evolución en la memoria del proceso subyacente. Por ejemplo, el nivel de agua en un depósito puede modelarse mediante una serie temporal porque los cambios pueden describirse completamente sólo conocer las condiciones iniciales (por ejemplo, si el tanque está medio lleno, podría haber haber estado vacío y luego medio lleno, o lleno y luego medio vacío).

Series temporales

El concepto principal se refiere a la estructura de una serie temporal. Suponemos que trabajamos con series univariantes de la forma:

$$y_1, y_2, \ldots, y_t, \ldots$$

Cada valor yi depende implícitamente del tiempo (es decir, yi = y(i)); por tanto, la serie no se puede barajar sin perder información. Si los valores y_t

están completamente determinados por una ley (como \boldsymbol{y}_t

 $=t^2$

), el proceso subyacente se describe como determinista. Este es el caso de muchas leyes físicas, pero es casi inútil para nosotros porque el futuro no se puede predecir sin incertidumbre. Por otro lado, si cada yi es una variable aleatoria, el proceso es estocástico, y necesitamos encontrar buenas aproximaciones para pronosticar valores no contenidos en el conjunto de entrenamiento. Los elementos fundamentales de los procesos estocásticos que vamos a emplear son:

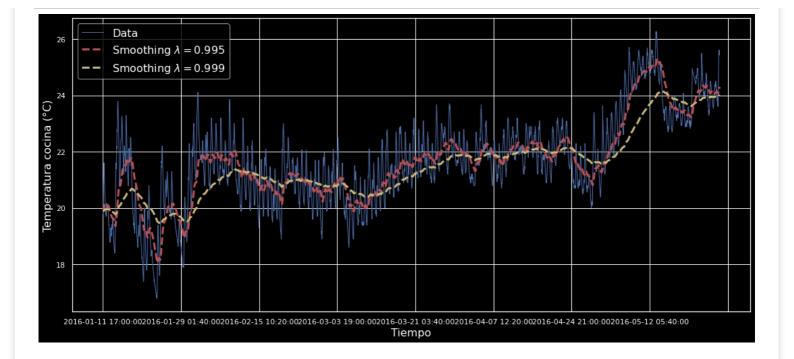
- El proceso se denota genéricamente con y_t o y(t).
- Al fijar un valor t se transforma el proceso en una variable aleatoria que, por simplicidad, vamos a definir como y_t
 - $\sim D$. Se supone que la distribución D que es la misma para todas las realizaciones yt .
- La media temporal del proceso es \Box_t
 - = E[y(t)] . De forma análoga, la varianza temporal es \Box_t^2
 - $= E[(y(t) E[y(t)])^2$
 -].
- La función de autocovarianza se define como: $c_{y}(t_{1},t_{2})$
 - = Effwit.

```
) - E[y( t<sub>1</sub>)])(y(t<sub>2</sub>) - E[y( t<sub>2</sub>)]].
```

- El proceso es fuertemente estacionario si la distribución de probabilidad conjunta completa es invariante a los desplazamientos temporales. Esta condición puede ser extremadamente difícil de cumplir y comprobar; por lo tanto, a menudo nos referimos a procesos débilmente estacionarios, caracterizados por una media y varianza temporal constante y $c_{\nu}(t_1,t_2) = c_{\nu}(t_2-t_1) = c_{\nu}(\Box)$
 - . La estacionariedad fuerte implica la estacionariedad débil, pero lo contrario es cierto sólo para los procesos gaussianos, ya que están totalmente definidos por los dos primeros momentos.
- Si la media vertical (la media obtenida después de haber fijado un instante temporal) es igual a la media temporal, se dice que el proceso es ergódico.
- Un proceso de ruido blanco es un proceso gaussiano (aunque no sea un requisito fundamental requisito), con media nula, varianza fija y realizaciones no correlacionadas (es decir, $Cov[y_t, y_q] = 0 \ \forall t, q$).

Ejemplo: Smoothing

```
In [ ]:
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import pandas as pd
import seaborn as sns
plt.style.use('dark background')
# Establecer una semilla aleatoria para la reproducibilidad
np.random.seed(1000)
data file = 'https://raw.githubusercontent.com/PacktPublishing/Mastering-Machine-Learning
-Algorithms-Second-Edition/master/Chapter05/energydata complete.csv'
if name == " main ":
  # Leer el conjunto de datos
  df = pd.read csv(data file, header=0, index col="date")
  # Realizar el smoothing
  Y = df["T1"].values
  11 = 0.995
  12 = 0.999
  skt = np.zeros((Y.shape[0], 2))
  skt[0, 0] = Y[0]
  skt[0, 1] = Y[0]
  for i in range(1, skt.shape[0]):
    skt[i, 0] = ((1 - 11) * Y[i]) + (11 * skt[i - 1, 0])
    skt[i, 1] = ((1 - 12) * Y[i]) + (12 * skt[i - 1, 1])
  # Mostrar los resultados
  # sns.set()
  fig, ax = plt.subplots(figsize=(18, 8))
  df["T1"].plot(label="Data", linewidth=1., color='b')
  ax.plot(skt[:, 0], linewidth=3.0, linestyle="dashed", color="r",
          label=r"Smoothing $\lambda=0.995$")
  ax.plot(skt[:, 1], linewidth=3.0, linestyle="dashed", color="y",
          label="Smoothing $\lambda=0.999$")
  ax.set_xlabel("Tiempo", fontsize=16)
  ax.set_ylabel("Temperatura cocina (°C)", fontsize=16)
  ax.legend(fontsize=16)
  plt.show()
```



Autocodificadores

Los autocodificadores ofrecen un enfoque diferente a problemas clásicos como la reducción de la dimensionalidad o el aprendizaje de diccionarios; sin embargo, a diferencia de muchos otros algoritmos, no sufren las limitaciones de capacidad que afectan a muchos modelos famosos. Además, pueden explotar capas neuronales específicas (como las convoluciones) para extraer piezas de información basadas en criterios especializados. De este modo, las representaciones internas pueden ser más robustas a diferentes tipos de distorsión, y mucho más eficientes en cuanto a la cantidad de información que pueden procesar.

Autoencoders

Como la complejidad de un modelo es proporcional a la dimensionalidad de los datos de entrada se han analizado y optimizado muchas técnicas para reducir el número real de número de componentes válidos. Por ejemplo, el PCA selecciona las características en función de su varianza relativa explicada, mientras que el ICA y las técnicas genéricas de aprendizaje de diccionarios buscan átomos básicos que puedan combinarse para reconstruir las muestras originales. A continuación, vamos a analizar una familia de modelos basados en un enfoque ligeramente pero cuyas capacidades se incrementan drásticamente por el empleo de métodos de de métodos de aprendizaje profundo. Un autoencoder genérico es un modelo que se divide en dos componentes separados (pero no completamente autónomos) llamados un codificador y un decodificador. La tarea del codificador es transformar una muestra de entrada en un vector de características vector de características codificado, mientras que la tarea del decodificador es la contraria: reconstruir la muestra original original utilizando el vector de características como entrada.

Autocodificadores de eliminación de ruido

Los autocodificadores pueden utilizarse para determinar las representaciones incompletas de un conjunto de datos. Sin embargo, Bengio et al. (en Vincent P., Larochelle H., Lajoie I., Bengio Y., Manzagol P., Stacked Denoising Autoencoders: Learning Useful Representations in a Deep Network with a Local Denoising Criterion, del Journal of Machine Learning Research, 11/2010) propusieron utilizar autocodificadores para denotar las muestras de entrada en lugar de aprender la representación exacta de una muestra para reconstruirla a partir de un código de baja dimensión. Esta idea no es nueva, ya que, por ejemplo, las redes de Hopfield (propuestas hace unas décadas) tenían el mismo propósito, pero sus limitaciones en términos de capacidad llevaron a los investigadores a buscar métodos diferentes. Hoy en día, los autocodificadores profundos pueden manejar fácilmente datos de alta dimensión (como las imágenes) con el consiguiente requerimiento de espacio. Por eso, muchos se están replanteando la idea de enseñar a una red a reconstruir una imagen de muestra partiendo de una corrupta. Formalmente, no hay muchas diferencias entre los autocodificadores de denoising y los autocodificadores estándar. Sin embargo, en este caso, el codificador debe trabajar con muestras ruidosas:

La función de coste del descodificador sigue siendo la misma. Si el ruido se muestrea en cada lote, la repetición del proceso durante un número suficientemente grande de iteraciones permite al autocodificador aprender a reconstruir la imagen original cuando faltan algunos fragmentos o están corruptos. Para lograr este objetivo, los autores sugieren diferentes tipos de ruido posibles. La opción más común es muestrear el ruido gaussiano, que tiene algunas características útiles y es coherente con muchos procesos ruidosos del mundo real:

$$Z_i = e(X_i + I_i(t); \theta_e)$$
 donde $X_i \in Xy^{I_i}(t) \sim N(0, \Sigma)$

Autocodificadores dispersos

En general, los autocodificadores estándar producen representaciones internas densas. Esto significa que la mayoría de los valores son diferentes de cero. En algunos casos, sin embargo, es más útil tener un código disperso que pueda representar mejor los átomos que pertenecen a un diccionario. En este caso, si

$$Z_{i} = (0, 0, \dots, Z_{i}^{Z}, 0, 0, \dots, Z_{i}^{Z}, \dots, 0, 0)$$

, podemos considerar cada muestra como la superposición de átomos específicos ponderados en consecuencia. Para lograr este objetivo, podemos simplemente aplicar una penalización L_1 a la capa de código. La función de pérdida para una sola muestra, por lo tanto, se convierte en lo siguiente:

$$\hat{L}(X_{i}; \theta_{o}, \theta_{d}) = L(X_{i}; \theta_{o}, \theta_{d}) + \alpha ||Z_{i}||_{i}$$

En este caso, hay que tener en cuenta el hiperparámetro adicional α , que debe ajustarse para aumentar la dispersión sin un impacto negativo en la precisión. Como regla general, sugiero empezar con un valor igual a 0,01 y luego reducirlo hasta conseguir el resultado deseado. En la mayoría de los casos, los valores más altos producen un rendimiento muy pobre, por lo que generalmente se evitan.

Autocodificadores variacionales

Un autoencodificador variacional (VAE) es un modelo generativo propuesto por Kingma y Wellin (en su trabajo Kingma D. P., Wellin M., Auto Encoding Variational Bayes, arXiv:1312.6114 [stat.ML]) que se parece parcialmente a un autoencodificador estándar, pero tiene algunas diferencias internas fundamentales. El objetivo, de hecho, no es encontrar una representación codificada de un conjunto de datos, sino determinar los parámetros de un proceso generativo que sea capaz de producir todas las salidas posibles dado un proceso generador de datos de entrada.

Tomemos el ejemplo de un modelo basado en un vector de parámetros aprendibles \mathbb{I} y un conjunto de variables latentes \overline{z} que tienen una función de densidad de probabilidad $p(\overline{z}; \mathbb{I})$. Nuestro objetivo puede, por tanto, definirse como la búsqueda de los parámetros de \mathbb{I} que maximizan la probabilidad de la distribución marginada $p(\overline{x}; \mathbb{I})$ (obtenida a través de la integración de la probabilidad conjunta $p(\overline{x}, \overline{z}; \mathbb{I})$):

$$p(X, \theta) = \int p(X, Z, \theta) dZ = \int p(X \mid Z, \theta) p(Z; \theta) dZ$$

Ejemplo: Autocodificador variacional

```
In [ ]:
```

```
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
import numpy as np
import tensorflow as tf
plt.style.use('dark_background')

# Establecer una semilla aleatoria para la reproducibilidad
np.random.seed(1000)
tf.random.set_seed(1000)
```

```
nb samples = 1000
nb epochs = 400
batch size = 200
code length = 256
class DAC(tf.keras.Model):
  def init (self, width, height):
    super(DAC, self).__init__()
    self.width = width
    self.height = height
    self.c1 = tf.keras.layers.Conv2D(filters=32, kernel size=(3, 3),
                        strides=(2, 2), activation=tf.keras.activations.relu,
                        padding='same')
    self.c2 = tf.keras.layers.Conv2D(filters=64, kernel_size=(3, 3),
                        activation=tf.keras.activations.relu, padding='same')
    self.c3 = tf.keras.layers.Conv2D(filters=128, kernel size=(3, 3),
                        activation=tf.keras.activations.relu, padding='same')
    self.flatten = tf.keras.layers.Flatten()
    self.code mean = tf.keras.layers.Dense(units=width * height)
    self.code log variance = tf.keras.layers.Dense(units=width * height)
    self.dc0 = tf.keras.layers.Conv2DTranspose(filters=63, kernel size=(3, 3),
                        strides=(2, 2),activation=tf.keras.activations.relu,
                        padding='same')
    self.dc1 = tf.keras.layers.Conv2DTranspose(filters=32, kernel size=(3, 3),
                        strides=(2, 2),activation=tf.keras.activations.relu,
                        padding='same')
    self.dc2 = tf.keras.layers.Conv2DTranspose(filters=1, kernel_size=(3, 3),
                                              padding='same')
  def r images(self, x):
   return tf.image.resize(x, (32, 32))
 def encoder(self, x):
   c1 = self.c1(self.r images(x))
   c2 = self.c2(c1)
   c3 = self.c3(c2)
   code input = self.flatten(c3)
   mu = self.code_mean(code input)
   sigma = self.code_log_variance(code_input)
   code std = tf.sqrt(tf.exp(sigma))
   normal samples = tf.random.normal(mean=0.0, stddev=1.0,
                                      shape=(batch size, width * height))
    z = (normal samples * code std) + mu
   return z, mu, code std
  def decoder(self, z):
   decoder input = tf.reshape(z, (-1, 7, 7, 16))
    dc0 = self.dc0(decoder input)
   dc1 = self.dc1(dc0)
    dc2 = self.dc2(dc1)
    return dc2, tf.keras.activations.sigmoid(dc2)
  def call(self, x):
    code, cm, cs = self.encoder(x)
   logits, xhat = self.decoder(code)
   return logits, cm, cs, xhat
# Cargar el conjunto de datos
(X_train, _), (_, _) = tf.keras.datasets.fashion_mnist.load_data()
```

```
X_train = X_train.astype(np.float32)[0:nb_samples] / 255.0
width = X train.shape[1]
height = X train.shape[2]
# crear el modelo
model = DAC(width, height)
# Definir el optimizador y la función de pérdida del entrenamiento
optimizer = tf.keras.optimizers.Adam(0.001)
train loss = tf.keras.metrics.Mean(name='train loss')
@tf.function
def train(images):
  with tf.GradientTape() as tape:
    logits, cm, cs, _ = model(images)
    loss r = \
        tf.nn.sigmoid_cross_entropy_with_logits(logits=logits, labels=images)
    kl_divergence = 0.5 * tf.reduce_sum(tf.math.square(cm) + tf.math.square(cs)\
       - tf.math.log(1e-8 + tf.math.square(cs)) - 1, axis=1)
    loss = tf.reduce_sum(loss_r) + kl_divergence
  gradients = tape.gradient(loss, model.trainable variables)
  optimizer.apply gradients(zip(gradients, model.trainable variables))
  train loss(loss)
   name == ' main ':
  X train g = tf.data.Dataset.from tensor slices(
      np.expand dims(X train, axis=3)).shuffle(1000).batch(batch size)
  # Entrenar el modelo
  for e in range(nb epochs):
    for xi in X train g:
      train(xi)
    # print("Epoca {}: Perdida: {:.3f}".format(e + 1, train_loss.result()))
    train loss.reset states()
  # Mostrar algunos ejemplos
  Xs = np.reshape(X train[0:batch size],
                  (batch size, width, height, 1))
     _{\prime} _{\prime} Ys = model(Xs)
  \overline{Y}s = np.squeeze(Ys * 255.0)
  # Mostrar los resultadosShow the results
  # sns.set()
  fig, ax = plt.subplots(2, 10, figsize=(18, 4))
  for i in range (10):
    ax[0, i].imshow(np.squeeze(Xs[i]), cmap='gray')
    ax[0, i].set xticks([])
    ax[0, i].set yticks([])
    ax[1, i].imshow(Ys[i + 10], cmap='gray')
    ax[1, i].set xticks([])
    ax[1, i].set_yticks([])
  plt.show()
Epoca 1: Perdida: 102546.227
Epoca 2: Perdida: 82758.391
Epoca 3: Perdida: 70677.266
Epoca 4: Perdida: 64029.207
Epoca 5: Perdida: 59810.352
```

Epoca 6: Perdida: 56944.488 Epoca 7: Perdida: 54189.543 Epoca 8: Perdida: 51522.184 Epoca 9: Perdida: 49801.715 Epoca 10: Perdida: 48660.449

```
Epoca 11: Perdida: 47749.273
Epoca 12: Perdida: 46960.391
Epoca 13: Perdida: 46433.504
Epoca 14: Perdida: 45953.574
Epoca 15: Perdida: 45490.781
Epoca 16: Perdida: 45141.562
Epoca 17: Perdida: 44824.105
Epoca 18: Perdida: 44715.812
Epoca 19: Perdida: 44335.312
Epoca 20: Perdida: 44120.367
Epoca 21: Perdida: 43837.699
Epoca 22: Perdida: 43627.516
Epoca 23: Perdida: 43443.199
Epoca 24: Perdida: 43444.887
Epoca 25: Perdida: 43227.949
Epoca 26: Perdida: 43072.586
Epoca 27: Perdida: 42990.945
Epoca 28: Perdida: 42843.223
Epoca 29: Perdida: 42646.254
Epoca 30: Perdida: 42536.262
Epoca 31: Perdida: 42402.441
Epoca 32: Perdida: 42333.508
Epoca 33: Perdida: 42250.098
Epoca 34: Perdida: 42117.945
Epoca 35: Perdida: 42067.035
Epoca 36: Perdida: 41986.113
Epoca 37: Perdida: 41871.984
Epoca 38: Perdida: 41779.121
Epoca 39: Perdida: 41733.625
Epoca 40: Perdida: 41642.395
Epoca 41: Perdida: 41555.914
Epoca 42: Perdida: 41499.641
Epoca 43: Perdida: 41544.727
Epoca 44: Perdida: 41531.930
Epoca 45: Perdida: 41381.301
Epoca 46: Perdida: 41307.785
Epoca 47: Perdida: 41238.922
Epoca 48: Perdida: 41165.910
Epoca 49: Perdida: 41119.660
Epoca 50: Perdida: 41070.000
Epoca 51: Perdida: 41035.242
Epoca 52: Perdida: 40981.129
Epoca 53: Perdida: 40939.789
Epoca 54: Perdida: 40889.730
Epoca 55: Perdida: 40814.852
Epoca 56: Perdida: 40793.828
Epoca 57: Perdida: 40944.949
Epoca 58: Perdida: 40807.695
Epoca 59: Perdida: 40713.402
Epoca 60: Perdida: 40648.473
Epoca 61: Perdida: 40639.863
Epoca 62: Perdida: 40579.664
Epoca 63: Perdida: 40576.586
Epoca 64: Perdida: 40564.277
Epoca 65: Perdida: 40536.324
Epoca 66: Perdida: 40466.492
Epoca 67: Perdida: 40425.699
Epoca 68: Perdida: 40369.441
Epoca 69: Perdida: 40359.863
Epoca 70: Perdida: 40322.973
Epoca 71: Perdida: 40288.457
Epoca 72: Perdida: 40295.332
Epoca 73: Perdida: 40304.426
Epoca 74: Perdida: 40256.059
Epoca 75: Perdida: 40199.805
Epoca 76: Perdida: 40148.223
Epoca 77: Perdida: 40112.129
Epoca 78: Perdida: 40081.875
Epoca 79: Perdida: 40061.297
Epoca 80: Perdida: 40100.348
Epoca 81: Perdida: 40108.254
Epoca 82: Perdida: 40092.848
```

```
Epoca 83: Perdida: 40019.027
Epoca 84: Perdida: 40004.871
Epoca 85: Perdida: 39951.672
Epoca 86: Perdida: 39931.504
Epoca 87: Perdida: 39921.930
Epoca 88: Perdida: 39899.945
Epoca 89: Perdida: 39868.031
Epoca 90: Perdida: 39844.691
Epoca 91: Perdida: 39824.078
Epoca 92: Perdida: 39797.500
Epoca 93: Perdida: 39810.672
Epoca 94: Perdida: 39810.719
Epoca 95: Perdida: 39821.457
Epoca 96: Perdida: 39881.168
Epoca 97: Perdida: 39856.199
Epoca 98: Perdida: 39776.840
Epoca 99: Perdida: 39760.531
Epoca 100: Perdida: 39726.930
Epoca 101: Perdida: 39725.414
Epoca 102: Perdida: 39678.406
Epoca 103: Perdida: 39661.684
Epoca 104: Perdida: 39644.508
Epoca 105: Perdida: 39641.023
Epoca 106: Perdida: 39683.270
Epoca 107: Perdida: 39688.352
Epoca 108: Perdida: 39674.125
Epoca 109: Perdida: 39638.691
Epoca 110: Perdida: 39585.129
Epoca 111: Perdida: 39562.629
Epoca 112: Perdida: 39539.977
Epoca 113: Perdida: 39529.535
Epoca 114: Perdida: 39513.125
Epoca 115: Perdida: 39500.230
Epoca 116: Perdida: 39483.648
Epoca 117: Perdida: 39465.223
Epoca 118: Perdida: 39452.906
Epoca 119: Perdida: 39440.184
Epoca 120: Perdida: 39441.129
Epoca 121: Perdida: 39441.145
Epoca 122: Perdida: 39436.828
Epoca 123: Perdida: 39421.668
Epoca 124: Perdida: 39405.637
Epoca 125: Perdida: 39387.949
Epoca 126: Perdida: 39385.996
Epoca 127: Perdida: 39376.945
Epoca 128: Perdida: 39370.352
Epoca 129: Perdida: 39345.465
Epoca 130: Perdida: 39343.004
Epoca 131: Perdida: 39332.703
Epoca 132: Perdida: 39318.648
Epoca 133: Perdida: 39324.539
Epoca 134: Perdida: 39325.930
Epoca 135: Perdida: 39321.230
Epoca 136: Perdida: 39341.520
Epoca 137: Perdida: 39356.887
Epoca 138: Perdida: 39328.781
Epoca 139: Perdida: 39349.758
Epoca 140: Perdida: 39338.855
Epoca 141: Perdida: 39340.492
Epoca 142: Perdida: 39320.285
Epoca 143: Perdida: 39288.121
Epoca 144: Perdida: 39266.090
Epoca 145: Perdida: 39266.117
Epoca 146: Perdida: 39231.230
Epoca 147: Perdida: 39218.336
Epoca 148: Perdida: 39208.672
Epoca 149: Perdida: 39198.102
Epoca 150: Perdida: 39191.023
Epoca 151: Perdida: 39188.539
Epoca 152: Perdida: 39173.281
Epoca 153: Perdida: 39173.723
Epoca 154: Perdida: 39169.191
```

```
Epoca 155: Perdida: 39159.707
Epoca 156: Perdida: 39145.445
Epoca 157: Perdida: 39139.762
Epoca 158: Perdida: 39139.875
Epoca 159: Perdida: 39144.344
Epoca 160: Perdida: 39139.680
Epoca 161: Perdida: 39155.680
Epoca 162: Perdida: 39128.367
Epoca 163: Perdida: 39109.316
Epoca 164: Perdida: 39125.020
Epoca 165: Perdida: 39134.625
Epoca 166: Perdida: 39145.711
Epoca 167: Perdida: 39153.258
Epoca 168: Perdida: 39113.336
Epoca 169: Perdida: 39101.207
Epoca 170: Perdida: 39091.668
Epoca 171: Perdida: 39097.871
Epoca 172: Perdida: 39080.297
Epoca 173: Perdida: 39068.430
Epoca 174: Perdida: 39061.355
Epoca 175: Perdida: 39058.199
Epoca 176: Perdida: 39053.535
Epoca 177: Perdida: 39052.738
Epoca 178: Perdida: 39044.555
Epoca 179: Perdida: 39052.945
Epoca 180: Perdida: 39037.914
Epoca 181: Perdida: 39025.180
Epoca 182: Perdida: 39010.324
Epoca 183: Perdida: 39010.809
Epoca 184: Perdida: 39002.590
Epoca 185: Perdida: 38994.711
Epoca 186: Perdida: 38995.477
Epoca 187: Perdida: 38995.773
Epoca 188: Perdida: 38988.051
Epoca 189: Perdida: 38988.281
Epoca 190: Perdida: 38986.988
Epoca 191: Perdida: 39001.266
Epoca 192: Perdida: 38985.848
Epoca 193: Perdida: 38974.312
Epoca 194: Perdida: 38969.895
Epoca 195: Perdida: 38965.703
Epoca 196: Perdida: 38952.480
Epoca 197: Perdida: 38955.461
Epoca 198: Perdida: 38954.387
Epoca 199: Perdida: 38944.941
Epoca 200: Perdida: 38939.172
Epoca 201: Perdida: 38933.707
Epoca 202: Perdida: 38928.984
Epoca 203: Perdida: 38917.023
Epoca 204: Perdida: 38909.910
Epoca 205: Perdida: 38914.273
Epoca 206: Perdida: 38910.844
Epoca 207: Perdida: 38906.465
Epoca 208: Perdida: 38912.410
Epoca 209: Perdida: 38899.961
Epoca 210: Perdida: 38906.676
Epoca 211: Perdida: 38924.832
Epoca 212: Perdida: 38965.586
Epoca 213: Perdida: 38977.297
Epoca 214: Perdida: 38966.867
Epoca 215: Perdida: 38927.984
Epoca 216: Perdida: 38922.359
Epoca 217: Perdida: 38900.344
Epoca 218: Perdida: 38887.375
Epoca 219: Perdida: 38903.789
Epoca 220: Perdida: 38903.934
Epoca 221: Perdida: 38884.633
Epoca 222: Perdida: 38883.762
Epoca 223: Perdida: 38861.301
Epoca 224: Perdida: 38850.863
Epoca 225: Perdida: 38842.438
Epoca 226: Perdida: 38841.539
```

```
Epoca 227: Perdida: 38845.480
Epoca 228: Perdida: 38834.848
Epoca 229: Perdida: 38831.508
Epoca 230: Perdida: 38821.309
Epoca 231: Perdida: 38820.383
Epoca 232: Perdida: 38820.629
Epoca 233: Perdida: 38810.883
Epoca 234: Perdida: 38809.566
Epoca 235: Perdida: 38808.395
Epoca 236: Perdida: 38805.090
Epoca 237: Perdida: 38808.504
Epoca 238: Perdida: 38820.941
Epoca 239: Perdida: 38812.449
Epoca 240: Perdida: 38799.219
Epoca 241: Perdida: 38793.309
Epoca 242: Perdida: 38788.953
Epoca 243: Perdida: 38780.957
Epoca 244: Perdida: 38779.719
Epoca 245: Perdida: 38773.113
Epoca 246: Perdida: 38771.441
Epoca 247: Perdida: 38770.328
Epoca 248: Perdida: 38759.469
Epoca 249: Perdida: 38764.746
Epoca 250: Perdida: 38754.285
Epoca 251: Perdida: 38756.500
Epoca 252: Perdida: 38754.762
Epoca 253: Perdida: 38751.652
Epoca 254: Perdida: 38750.328
Epoca 255: Perdida: 38746.641
Epoca 256: Perdida: 38745.301
Epoca 257: Perdida: 38740.496
Epoca 258: Perdida: 38740.102
Epoca 259: Perdida: 38735.078
Epoca 260: Perdida: 38733.711
Epoca 261: Perdida: 38729.566
Epoca 262: Perdida: 38730.379
Epoca 263: Perdida: 38731.895
Epoca 264: Perdida: 38734.863
Epoca 265: Perdida: 38720.035
Epoca 266: Perdida: 38721.277
Epoca 267: Perdida: 38722.359
Epoca 268: Perdida: 38716.625
Epoca 269: Perdida: 38715.641
Epoca 270: Perdida: 38712.305
Epoca 271: Perdida: 38711.109
Epoca 272: Perdida: 38703.855
Epoca 273: Perdida: 38717.031
Epoca 274: Perdida: 38709.234
Epoca 275: Perdida: 38700.180
Epoca 276: Perdida: 38698.355
Epoca 277: Perdida: 38703.953
Epoca 278: Perdida: 38702.426
Epoca 279: Perdida: 38714.773
Epoca 280: Perdida: 38699.527
Epoca 281: Perdida: 38690.703
Epoca 282: Perdida: 38691.559
Epoca 283: Perdida: 38684.668
Epoca 284: Perdida: 38677.414
Epoca 285: Perdida: 38681.047
Epoca 286: Perdida: 38688.273
Epoca 287: Perdida: 38673.199
Epoca 288: Perdida: 38668.805
Epoca 289: Perdida: 38677.355
Epoca 290: Perdida: 38681.793
Epoca 291: Perdida: 38675.695
Epoca 292: Perdida: 38665.641
Epoca 293: Perdida: 38662.609
Epoca 294: Perdida: 38658.500
Epoca 295: Perdida: 38660.102
Epoca 296: Perdida: 38648.125
Epoca 297: Perdida: 38646.055
Epoca 298: Perdida: 38647.789
```

```
Epoca 299: Perdida: 38638.672
Epoca 300: Perdida: 38640.039
Epoca 301: Perdida: 38636.152
Epoca 302: Perdida: 38628.430
Epoca 303: Perdida: 38633.496
Epoca 304: Perdida: 38636.164
Epoca 305: Perdida: 38630.711
Epoca 306: Perdida: 38628.285
Epoca 307: Perdida: 38647.508
Epoca 308: Perdida: 38638.797
Epoca 309: Perdida: 38648.266
Epoca 310: Perdida: 38644.066
Epoca 311: Perdida: 38622.945
Epoca 312: Perdida: 38624.832
Epoca 313: Perdida: 38614.340
Epoca 314: Perdida: 38614.152
Epoca 315: Perdida: 38607.477
Epoca 316: Perdida: 38605.449
Epoca 317: Perdida: 38601.070
Epoca 318: Perdida: 38600.754
Epoca 319: Perdida: 38612.820
Epoca 320: Perdida: 38608.254
Epoca 321: Perdida: 38614.535
Epoca 322: Perdida: 38615.812
Epoca 323: Perdida: 38609.086
Epoca 324: Perdida: 38608.309
Epoca 325: Perdida: 38602.766
Epoca 326: Perdida: 38594.777
Epoca 327: Perdida: 38590.539
Epoca 328: Perdida: 38585.957
Epoca 329: Perdida: 38592.922
Epoca 330: Perdida: 38593.480
Epoca 331: Perdida: 38583.992
Epoca 332: Perdida: 38591.023
Epoca 333: Perdida: 38574.207
Epoca 334: Perdida: 38592.129
Epoca 335: Perdida: 38580.367
Epoca 336: Perdida: 38571.145
Epoca 337: Perdida: 38569.988
Epoca 338: Perdida: 38570.086
Epoca 339: Perdida: 38565.984
Epoca 340: Perdida: 38559.785
Epoca 341: Perdida: 38566.410
Epoca 342: Perdida: 38573.402
Epoca 343: Perdida: 38580.719
Epoca 344: Perdida: 38568.844
Epoca 345: Perdida: 38572.820
Epoca 346: Perdida: 38559.672
Epoca 347: Perdida: 38555.004
Epoca 348: Perdida: 38548.922
Epoca 349: Perdida: 38547.824
Epoca 350: Perdida: 38545.328
Epoca 351: Perdida: 38542.543
Epoca 352: Perdida: 38554.965
Epoca 353: Perdida: 38545.754
Epoca 354: Perdida: 38542.312
Epoca 355: Perdida: 38536.816
Epoca 356: Perdida: 38540.484
Epoca 357: Perdida: 38545.977
Epoca 358: Perdida: 38542.512
Epoca 359: Perdida: 38541.605
Epoca 360: Perdida: 38528.719
Epoca 361: Perdida: 38532.609
Epoca 362: Perdida: 38525.617
Epoca 363: Perdida: 38521.824
Epoca 364: Perdida: 38521.457
Epoca 365: Perdida: 38525.898
Epoca 366: Perdida: 38519.672
Epoca 367: Perdida: 38519.777
Epoca 368: Perdida: 38538.574
Epoca 369: Perdida: 38530.602
Epoca 370: Perdida: 38531.672
```

```
Epoca 371: Perdida: 38535.539
Epoca 372: Perdida: 38525.129
Epoca 373: Perdida: 38520.051
Epoca 374: Perdida: 38515.414
Epoca 375: Perdida: 38509.867
Epoca 376: Perdida: 38509.258
Epoca 377: Perdida: 38509.152
Epoca 378: Perdida: 38517.020
Epoca 379: Perdida: 38506.422
Epoca 380: Perdida: 38504.137
Epoca 381: Perdida: 38511.867
Epoca 382: Perdida: 38514.211
Epoca 383: Perdida: 38514.641
Epoca 384: Perdida: 38512.422
Epoca 385: Perdida: 38503.570
Epoca 386: Perdida: 38493.859
Epoca 387: Perdida: 38499.586
Epoca 388: Perdida: 38500.059
Epoca 389: Perdida: 38499.754
Epoca 390: Perdida: 38487.961
Epoca 391: Perdida: 38485.367
Epoca 392: Perdida: 38490.047
Epoca 393: Perdida: 38495.559
Epoca 394: Perdida: 38488.449
Epoca 395: Perdida: 38489.836
Epoca 396: Perdida: 38490.672
Epoca 397: Perdida: 38489.066
Epoca 398: Perdida: 38485.426
Epoca 399: Perdida: 38487.770
Epoca 400: Perdida: 38481.719
```



In []: