Pakpoom khamchuai
CPE 261754 Advanced Pattern Recognition, Term 1, Academic year 2023/2566
September 21, 2023

Computer Assignment 2.2: String Grammar Hard C-Means

Link to assignment

1. Details of theories or methods used

String Grammar Hard C-Means (sgHCM) is an algorithm that perform a clustering of string data (text). The algorithm is very similar to k-Nearest Neighbors (KNN) algorithm as it tries to find k predefined cluster centers (centroids, prototypes), and assign the data points to a center based on the distances to the prototypes. The distinct difference of sgHCM from KNN is that the Euclidean distance used in KNN cannot be used the quantify distances between two text string. As the result, the Levenshtein distance or edit distance is utilized instead.

The Levenshtein distance is $\delta_{Lev}(w_1, w_2)$ is the smallest number of transformation needed to be taken to alter the string w_1 to string w_2 for $w_1, w_2 \in V_T^*$, which is defined as

$$
\delta_{Lev}(w_1, w_2) = \begin{cases} |w_1| & \text{if} |w_2| = 0 \\ |w_2| & \text{if } |w_1| = 0 \\ \delta_{Lev}(\text{tail}(w_1), \text{tail}(w_2)) & \text{if } w_1[1] = w_2[1] \\ 1 + \min \begin{cases} \delta_{Lev}(tail(w_1), w_2) \\ \delta_{Lev}(w_1, tail(w_2)) & \text{otherwise} \\ \delta_{Lev}(tail(w_1), tail(w_2)) \end{cases} \end{cases}
$$

where $|x|$ is the length of the string x, $tail$ of string x is the string x itself omitting the first character, and $x[n]$ is the nth character of x starting from 1. The transformations are consisted of:

- Substitution: $w_1 a w_2 \to w_1 b w_2 \ \forall a, b \in V_T$ and $a \neq b$
- Deletion: $w_1 a w_2 \to w_1 w_2 \ \forall a \in V_T$
- Insertion: $w_1 w_2 \to w_1 a w_2 \ \forall a \in V_T$

The sgHCM algorithm mainly involves the iterative computation for the prototypes. For N finite strings $X = \alpha_k | k = 1, ..., N$, (user-given) number of clusters C, for $1 \leq C \leq N$, maximum number of iteration T, and terminal measure $\varepsilon_t = \|V_t - V_{t-1}\|$, where ε is set to be very high at the beginning, the algorithm first randomly draw k initial string prototype $V_0 = (\alpha'_{1,0}, ..., \alpha'_{C,0})$ where $\alpha'_{i,0} \in X$ and $i = 1, ..., C$. Then it computes $D_{ik,t} = \delta_{Lev}^2(\alpha_k, \alpha'_{i,t-1})$ which is the distance between string α_k to the prototype.

The algorithm then populates the matrix $u_{ik,t}$ as a membership matrix of α_k in cluster i, defined as

$$
u_{ik,t} = \begin{cases} 1 & \text{if } D_{ik,t} \leq D_{jk,t}, \text{ for } j \neq i \\ 0 & \text{else} \end{cases}
$$

And define $n_{it} = n_{it} + u_{ik,t}$. At this stage, the strings X are assigned to the nearest prototypes, that is, has the closest Levenshtein distance to it.

Next, the new prototypes $\alpha'_{i,t}$ are calculated, for cluster $i = 1, ..., C$, as $\alpha'_{i,t} = \alpha_q$, where

$$
q = \underset{1 \leq j \leq n_{i,t}}{\operatorname{argmin}} \left\{ c_{ij} = \sum_{s=1}^{N} \left(\frac{\delta(u_{ij,t} \alpha_t, u_{is,t} \alpha_s)}{n_{i,t}} \right) \right\}
$$

meaning the string that has the minimum c_{ij} is chosen to be the new prototype for each cluster. After that the process commences again until the maximum number of iteration T is reached, or the value of terminal measure ε_t gets smaller than ε.

2. Algorithm

The algorithm is presented below. The main code is the `for` loop of 10-fold cross validation (10% cross validation) follows the Algorithm 1. In each fold/loop, the class `sgHCM` is initialized and fit for k prototypes using the training data (Algorithm 2). Then the test data is input into the class `sgHCM` for the prediction of the nearest prototype (Algorithm 3). The accuracy and the distance to the predicted prototype are calculated in the process.

Algorithm 1 10-fold Cross Validation

  Input:
- Data: training data and test data
- k: Number of clusters
- j: Number of fold

  Output:
- Average accuracy, average distance from the predicted prototype

  repeat
    Split data for the fold
    Initialize `sgHCM` class, input training data for fitting (Algorithm 2)
    repeat
      Input the test data (Algorithm 3)
      Output the nearest prototype
      Calculate accuracy and distance from the predicted prototype
    until Complete all test data
  until Complete j fold

Algorithm 2 String Grammar Hard C-Means (fit)

  Input:
- Data: A set of data points to train for prototypes
- k: The number of clusters

  Output:
- Prototypes: The final cluster prototypes
- Clusters: Assignment of data points to clusters

  Initialize prototypes randomly from the data points.
  repeat
    Assign each data point to the nearest prototype (calculate Levenshtein distance).
    Update prototypes
  until Prototypes no longer change significantly or max iteration reached.
  Output the final prototypes and cluster assignments.

Algorithm 3 String Grammar Hard C-Means (call)

  Input:
- Data: A data point $\vec{x}$

  Output:
- The closest prototype

  Compute distances from $\vec{x}$ to the prototypes
  Return the nearest prototype

---

3. Results and Discussions

In this section the experimental results are shown. The sgHCM algorithm is performed on the Copenhegen chromosome data for varying number of clusters k under a 10-fold cross validation.

3.1. **Dataset.** The dataset consists of 2200 training and 2200 test chromosome strings constructed from English uppercase and lowercase characters, and $=$. The data includes also the types/categories of the chromosome as number value ranged from 1 to 170 that will be used as the data's label. An example of data, e.g.,'A==A====a=====E==d==A==b========a' is from type 110.

3.2. **sgHCM Results.** We obtain the results in term of the correctness of chromosome type prediction (label), and the distance from the input test chromosome string and its assigned cluster prototype, as shown in Figures 1 (a), (b), and Table 1.

3.2.1. ***Chromosome type prediction accuracy.*** The accuracy is calculated as the proportion of the test sample's predicted prototype has the same type as the true prototype (0: none has the same type, 1: all have the same type). Although it seems to be increased for the larger number of k. It is found to be very low for all k. The accuracy of 0.007-0.014 reflects that only about 1.5-3 chromosome out of 220 test chromosomes in each fold are assigned to the prototype that has the same type as they are. This could suggest that a direct comparison of the type might not be suitable to use to evaluate the performance of string clustering algorithm.

3.2.2. ***Distance from prototype.*** In contrast, the average distance from the test data to their prototypes shows a decreasing trend of the average distance as the number of clusters k increased. This indicates that the test strings are more similar to the prototype as k is increased.

Overall, both measurements indicate that the performance of the algorithm increases as k increases, however at a very small margin.
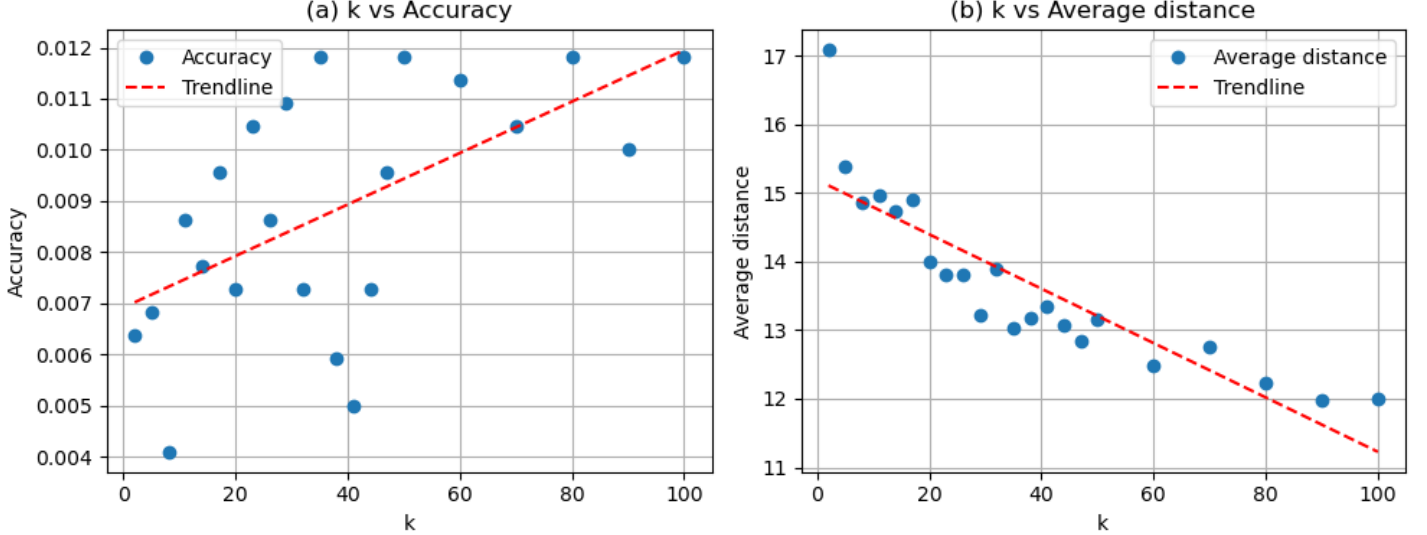

FIGURE 1. Average accuracy and distance of the test data for $k = 2 - 100$

k	Accuracy	Average Distance	k	Accuracy	Average Distance
2	0.0064	17.0818	35	0.0118	13.0223
5	0.0068	15.3895	38	0.0059	13.1809
8	0.0041	14.8668	41	0.0050	13.3518
11	0.0086	14.9545	44	0.0073	13.0673
14	0.0077	14.7395	47	0.0095	12.8459
17	0.0095	14.9086	50	0.0118	13.1650
20	0.0073	13.9982	60	0.0113	12.4881
23	0.0105	13.8136	70	0.0104	12.7659
26	0.0086	13.8077	80	0.0118	12.2204
29	0.0109	13.2159	90	0.01	11.9868
32	0.0073	13.8859	100	0.0118	12.0059

TABLE 1. Accuracy and average distance for varied k

4. CODES

In this section the codes and output for both cases are listed. The external libraries `Numpy` was used mainly handle vector and matrix operations, and `Matplotlib.pyplot` for the graph plotting. The code follows these steps:

1) Read data
2) Run `for` loop, vary k
   (a) Call `cross_validation` function
   (b) Initialize class `sgHCM`, fit the model for the prototypes
   (c) Input test data, output accuracy, predicted labels, distance from the assigned prototype
3) Plot k vs accuracy, distance

The Python codes and output are listed in 4.2 and 4.3.

4.1. **Comments on the implemented code.** Despite it does the job, more or less, the implemented code is still far from being completed. As it can be seen that the average distance decreases as value of k is increased, the code still runs without addressing the problem that occurs when more than 2 prototypes are similar, which happens more frequent with larger k.

For the time being, when it is found that more than 2 prototypes are similar, all prototypes are redraw randomly, which is not a good strategy. One could try to merge 2 prototypes together if this happens, and/or redraw one additional prototype.

Another point is, the maximum iteration was set to only 10 iterations to allow the execution of the code for enough different k values to be completed in time. However, this is very highly sub-optimal as the terminal measure when k is large has not been reduced through the later iterations yet.

4.2. **Python codes.**

```python
import os
import glob
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# grab the name of files in the directory 'chrom'
# excluding the file with 'html' extension
# and store the names in a list

chrom_files = glob.glob('chrom/*')
chrom_files = [x for x in chrom_files if 'html' not in x]
print(f'# of files: {len(chrom_files)}')
```

```python
# files ending with a are training data
# files ending with b are testing data

# list of training data
train_files = [x for x in chrom_files if 'a' in x]
print(f'# of training files: {len(train_files)}')

# list of testing data
test_files = [x for x in chrom_files if 'b' in x]
print(f'# of testing files:  {len(test_files)}')

# function that reads the contents of a file
# and returns a list of lines
def read_data(filename):
    with open(filename, 'r') as f:
        lines = f.readlines()

    # for each line, take the string after '\t' and before '\n' as data
    # the second number is label
    data = [x.split('\t')[1].split('\n')[0] for x in lines]

    return data

def read_label(filename):
    with open(filename, 'r') as f:
        lines = f.readlines()

    # for each line, take the string after '\t' and before '\n' as data
    # the second number is label
    labels = [x.split('\t')[0] for x in lines]
    # split labels into a list of lists
    labels = [x.split(' ')[2] for x in labels]

    return labels

# read all the training data
train_data = [read_data(x) for x in train_files]
training_labels = [read_label(x) for x in train_files]
# flatten the list of lists
training_data = [item for sublist in train_data for item in sublist]
training_labels = [item for sublist in training_labels for item in sublist]
print(f'# of training data: {len(training_data)}')
print(f'# of training labels: {len(training_labels)}')

# read all the testing data
test_data = [read_data(x) for x in test_files]
# flatten the list of lists
test_data = [item for sublist in test_data for item in sublist]
test_labels = [read_label(x) for x in test_files]
test_labels = [item for sublist in test_labels for item in sublist]
print(f'# of testing data: {len(test_data)}')
print(f'# of testing labels: {len(test_labels)}')

# number of unique training data
unique_training_data = list(set(training_data))
print(f'# of unique training data: {len(unique_training_data)}')

# number of unique training labels
unique_training_labels = list(set(training_labels))
print(f'# of unique training labels: {len(unique_training_labels)}')
```

```python
74
75 # number of unique testing data
76 unique_test_data = list(set(test_data))
77 print(f'# of unique testing data: {len(unique_test_data)}')
78
79 # number of unique testing labels
80 unique_test_labels = list(set(test_labels))
81 print(f'# of unique testing labels: {len(unique_test_labels)}')
82
83 # show the training data that appears more than once in the training data
84 # and the number of times it appears
85 # this is to check if there are any duplicates in the training data
86 # if there are duplicates, we need to remove them
87 # if there are no duplicates, we can move on to the next step
88 unique_training_data, counts = np.unique(training_data, return_counts=True)
89 print(f'# of unique training data that appears more than once: {len(
       unique_training_data[counts > 1])}')
90 # print(f'unique training data that appears more than once: {unique_training_data[
       counts > 1]}')
91 print(f'number of times each unique training data appears: {counts[counts > 1]}')
92
93 # show the testing data that appears more than once in the testing data
94 # and the number of times it appears
95 # this is to check if there are any duplicates in the testing data
96 # if there are duplicates, we need to remove them
97 # if there are no duplicates, we can move on to the next step
98 unique_test_data, counts = np.unique(test_data, return_counts=True)
99 print(f'# of unique testing data that appears more than once: {len(unique_test_data[
       counts > 1])}')
100 # print(f'unique testing data that appears more than once: {unique_test_data[counts >
        1]}')
101 print(f'number of times each unique testing data appears: {counts[counts > 1]}')
102
103 # show the training data that is duplicated in testing data
104 print(f'# of training data that is duplicated in testing data: {len(set(training_data).
       intersection(test_data))}')
105
106 # I am going to ignore the duplicates for now as it takes a lot of time to remove them
       while keeping the labels in order.
107
108 # class that returns the label of the given data
109 class label_lookup:
110     def __init__(self, data, labels):
111         # create a dictionary with data as key and label as value
112         self.lookup = dict(zip(data, labels))
113
114     def __call__(self, data):
115         # return the label of the given data
116         return self.lookup[data]
117
118     def add_list(self, data, labels):
119         # add a list of data and labels to the dictionary
120         self.lookup.update(dict(zip(data, labels)))
121
122     # return list of labels of the given list of data
123     def get_labels(self, data):
124         try:
125             return [self.lookup[x] for x in data]
126         except KeyError:
127             return self.lookup[data]
```

```python
128
129     # return number of data in the dictionary
130     def __len__(self):
131         return len(self.lookup)
132
133     # return all the keys of  a given value
134     def get_key(self, value):
135         return [k for k,v in self.lookup.items() if v == value]
136
137
138 # create an instance of label_lookup
139 lookup = label_lookup(training_data, training_labels)
140 print(f'# of data in the dictionary: {len(lookup)}')
141 lookup.add_list(test_data, test_labels)
142 print(f'# of data in the dictionary: {len(lookup)}')
143
144 print('test the label_lookup class')
145 print(f'data: {training_data[0]}')
146 print(f'label: {training_labels[0]}')
147 print(f'label from class: {lookup(training_data[0])}')
148
149 def levenshtein_distance(s1, s2):
150         # Create a matrix to store the distances between substrings of s1 and s2
151         distance_matrix = [[0] * (len(s2) + 1) for _ in range(len(s1) + 1)]
152
153         # Initialize the first row and column of the matrix
154         for i in range(len(s1) + 1):
155             distance_matrix[i][0] = i
156         for j in range(len(s2) + 1):
157             distance_matrix[0][j] = j
158
159         # Fill in the matrix using dynamic programming
160         for i in range(1, len(s1) + 1):
161             for j in range(1, len(s2) + 1):
162                 cost = 0 if s1[i - 1] == s2[j - 1] else 1
163                 distance_matrix[i][j] = min(
164                     distance_matrix[i - 1][j] + 1,  # Deletion
165                     distance_matrix[i][j - 1] + 1,  # Insertion
166                     distance_matrix[i - 1][j - 1] + cost  # Substitution
167                 )
168
169         # The final value in the bottom-right corner of the matrix is the Levenshtein
    distance
170         return distance_matrix[len(s1)][len(s2)]
171
172 class sgHCM:
173     # first, initial the class with k value
174     # then, call the class with test sample and train data
175     def __init__(self, k=3, max_iter=10, tol=1e-5):
176         # number of clusters
177         self.k = k
178         # maximum iteration
179         self.max_iter = max_iter
180         # tolerance (epsilon)
181         self.tol = tol
182         # initialize the list of distances between old and new centroids very high
183         self.Et = np.inf
184         self.train_data = None
185         self.centroids = None
186
```

```python
    def __call__(self, test_sample):
        # compute the distance between test_sample and the centroids
        self.distances = self.compute_distance(test_sample, self.centroids)

        # find the index of the closest centroid
        closest_centroid = np.argmin(self.distances)

        # label of the closest centroid
        self.predicted_label = lookup(self.centroids[closest_centroid])

        return self.centroids[closest_centroid], self.predicted_label

    def fit(self, train_data):
        self.train_data = train_data
        # randomly select k centroids from train_data (or prototype vectors)
        self.centroids = np.random.choice(train_data, size=self.k, replace=False)

        # initialize the list of clusters
        self.clusters = [[] for _ in range(self.k)]

        # initialize the list of old centroids
        self.old_centroids = None

        # initialize the list of new centroids
        self.new_centroids = None

        # initialize the list of distances between test sample and each train data
        self.distances = None

        # initialize the list of predicted labels
        self.predicted_label = None

        self.u_ik = None
        self.n_it = None

        for t in range(self.max_iter):
            print(f'\nIteration {t + 1}')
            # assign each train data to the closest centroid
            self.clusters, self.u_ik = self.assign_clusters(self.train_data)

            # n_it is the number of train samples in the i-th cluster
            self.n_it = np.sum(self.u_ik, axis=0)

            # update the centroids
            self.old_centroids = self.centroids
            self.new_centroids = self.update_centroids(self.train_data)

            _ = self.centroids_uniqueness(self.new_centroids)
            # print(f'New centroids: {self.new_centroids}')

            # compute the difference between old and new centroids
            self.Et = self.compute_terminal_measure(self.old_centroids, self.
new_centroids)

            # if the difference is less than the tolerance, stop the iteration
            if self.Et < self.tol:
                break

            # otherwise, update the centroids and continue
            self.centroids = self.new_centroids
```

```python
        print(f'Final centroids: {self.centroids}')
        # return the list of clusters
        return self.clusters

    def assign_clusters(self, train_data):
        # compute the distance between the train data and each centroid
        # initialize the list of clusters
        clusters = [[] for _ in range(self.k)]

        # for each train data
        for i, train_sample in enumerate(train_data):
            # compute the distance between test_sample and the centroid
            self.distances = self.compute_distance(train_sample, self.centroids)

            # find the index of the closest centroid
            closest_centroid = np.argmin(self.distances)

            # assign the train sample to the closest centroid
            clusters[closest_centroid].append(i)

        # create the u_ik matrix, which is a matrix of 0s and 1s
        # u_ik[i][j] = 1 if the i-th train sample belongs to the j-th cluster
        # u_ik[i][j] = 0 otherwise
        u_ik = np.zeros((len(train_data), self.k))
        for i, cluster in enumerate(clusters):
            for j in cluster:
                u_ik[j][i] = 1

        self.n_it = np.sum(u_ik, axis=0)

        return clusters, u_ik

    def update_centroids(self, train_data):
        # compute the distance between each sample and other samples in the same
    cluster
        # the sample with the minimum sum of the distances to other samples in the same
     cluster is the new centroid for that cluster

        # initialize the list of new centroids
        new_centroids = []

        # for each cluster
        for i in range(len(self.clusters)):
            # c_ij is a list of the sum of the distances to other samples in the same
    cluster
            c_ij = []

            for j in range(len(self.clusters[i])):
                # compute the distance between the sample and other samples in the same
     cluster excluding itself
                # list of samples excluding the sample itself
                samples = [x for x in self.clusters[i] if x != j]

                # take train_data at the index of samples
                train = np.array(train_data.copy())
                other_samples = train[samples]

                distances = self.compute_distance(train_data[j], other_samples)
```

```
302                    c_ij.append(np.sum(distances/self.n_it[i], axis=0))
303
304            # find the index of the sample with the minimum sum
305            # of the distances to other samples in the same cluster
306            try:
307                alpha_q = np.argmin(c_ij)
308            # except there is an error, which is the case when c_ij is empty, redraw
    the centroids
309            except:
310                print(f'Found empty cluster')
311                self.centroids = np.random.choice(self.train_data, size=self.k, replace
    =False)
312                return self.centroids
313
314            # add the new centroid to the list
315            new_centroids.append(train_data[alpha_q])
316
317        return new_centroids
318
319    def centroids_uniqueness(self, centroids):
320        # check if the new centroids are unique
321        # return True if the new centroids are unique
322        # return False if the new centroids are not unique
323        # print(f'Checking centroids uniqueness...')
324        for i in range(len(centroids)):
325            for j in range(len(centroids)):
326                if i != j:
327                    if centroids[i] == centroids[j]:
328                        print(f'Found centroids not unique')
329                        # redraw the centroids
330                        self.centroids = np.random.choice(self.train_data, size=self.k,
    replace=False)
331                        return False
332        return True
333
334    def levenshtein_distance(self, s1, s2):
335        # Create a matrix to store the distances between substrings of s1 and s2
336        distance_matrix = [[0] * (len(s2) + 1) for _ in range(len(s1) + 1)]
337
338        # Initialize the first row and column of the matrix
339        for i in range(len(s1) + 1):
340            distance_matrix[i][0] = i
341        for j in range(len(s2) + 1):
342            distance_matrix[0][j] = j
343
344        # Fill in the matrix using dynamic programming
345        for i in range(1, len(s1) + 1):
346            for j in range(1, len(s2) + 1):
347                cost = 0 if s1[i - 1] == s2[j - 1] else 1
348                distance_matrix[i][j] = min(
349                    distance_matrix[i - 1][j] + 1,  # Deletion
350                    distance_matrix[i][j - 1] + 1,  # Insertion
351                    distance_matrix[i - 1][j - 1] + cost  # Substitution
352                )
353
354        # The final value in the bottom-right corner of the matrix is the Levenshtein
    distance
355        return distance_matrix[len(s1)][len(s2)]
356
357    def compute_distance(self, test_sample, train_data):
```

```
358          # compute the distance between test_sample and each train data
359          # return a list of distances
360          distances = []
361          for train_sample in train_data:
362              distance = self.levenshtein_distance(test_sample, train_sample)
363              distances.append(distance)
364          return distances
365
366      def compute_terminal_measure(self, old_V, new_V):
367          # compute the levenstein distance between old and new centroids
368          # return the sum of the levenstein distances
369          Et = []
370          for i in range(len(old_V)):
371              Et.append(self.levenshtein_distance(old_V[i], new_V[i]))
372
373          Et = np.array(Et)
374          Et = np.sum(Et)
375          print(f'Terminal measure: Et = {Et}')
376
377          # return the tolerance
378          return Et
379
380 # perform 10-fold cross validation on sgHCM classifier
381 def cross_validation(train_data, train_labels, test_data, k_num = 2, fold=10):
382      # shuffle the number of samples in the training data
383      # and rearrange the labels accordingly
384
385      # combine the training data and labels
386      train_data = np.array(train_data)
387      train_data = np.c_[train_data, train_labels]
388
389      # shuffle the training data
390      np.random.shuffle(train_data)
391
392      # split the training data and labels
393      train_labels = train_data[:, -1]
394      train_data = train_data[:, :-1]
395      # convert train_data to 1 dimensional array
396      train_data = train_data.ravel()
397
398      fold_size = len(train_data) // fold
399
400      accuracy_list = []
401      num_of_unique_labels = []
402      distances_list = []
403
404      for i in range(fold):
405          ########################### sgHCM classifier ###########################
406          print(f"\nFold {i+1}")
407
408          # take one fold as training data
409          data_train_fold = train_data[i * fold_size: (i + 1) * fold_size]
410          data_test_fold = test_data[i * fold_size: (i + 1) * fold_size]
411
412          # show number of unique labels in the training data
413          print(f'\nNumber of unique labels in the training data: {len(np.unique(
     train_labels))}')
414          num_of_unique_labels.append(len(np.unique(train_labels)))
415
416          classifier = sgHCM(k=k_num)
```

```python
417            classifier.fit(data_train_fold)
418
419            # print('\nPredicting the test dataset...')
420            print(f'Predictions: (test sample, test label, distance, predicted centroid
       label, predicted centroid)')
421            predictions = []
422            accuracy = 0
423            distances_fold = []
424
425            for j, test_sample in enumerate(data_test_fold):
426                predicted_centroid, predicted_label = classifier(test_sample)
427                predictions.append([test_sample, predicted_label, predicted_centroid])
428                distances_fold.append(levenshtein_distance(test_sample, predicted_centroid)
       )
429                if j < 5:
430                    print(f'{test_sample}, {lookup(test_sample)}, {levenshtein_distance(
       test_sample, predicted_centroid)}, {predicted_label}, {predicted_centroid}')
431                if predicted_label == lookup(test_sample):
432                    accuracy += 1
433
434            accuracy = accuracy / len(data_test_fold)
435            print(f'Accuracy: {accuracy}')
436            accuracy_list.append(accuracy)
437            distances_list.append(np.mean(distances_fold))
438
439            print('\n+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++')
440
441        print(f'\nAverage accuracy: {np.mean(accuracy_list)}')
442        print('
       ++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
       ')
443        return np.mean(accuracy_list), np.mean(num_of_unique_labels), np.mean(
       distances_list)
444
445 results = []
446 k_list = [i for i in range(2, 50, 3)]
447 # k_list = [2, 6, 10, 14, 18, 22]
448
449 for k in k_list:
450     print(f'\n\nk = {k}')
451     accuracy, num_of_unique_labels, distances = cross_validation(training_data,
452                              training_labels, test_data, k_num = k)
453     results.append([k, accuracy, num_of_unique_labels, distances])
454 print('\n\nDone')
455
456 print('\nResults:')
457 print(f'(k, accuracy, number of unique labels, average distance)')
458 for result in results:
459     print(result)
460
461 # plot k vs distance
462 k = [x[0] for x in results]
463 distance = [x[3] for x in results]
464 plt.plot(k, distance)
465 plt.xlabel('k')
466 plt.ylabel('Average distance')
467 plt.title('k vs Average distance')
468 plt.savefig('k vs Average distance.png')
469 plt.close()
470
```

```
471  # plot k vs accuracy
472  k = [x[0] for x in results]
473  accuracy = [x[1] for x in results]
474  plt.plot(k, accuracy)
475  plt.xlabel('k')
476  plt.ylabel('Accuracy')
477  plt.title('k vs Accuracy')
478  plt.savefig('k vs Accuracy.png')
479  plt.close()
```

4.3. Code output.

.

────────────────────────────── data.txt ──────────────────────────────

```
# of files: 44
# of training files: 22
# of testing files:  22
# of training data: 2200
# of training labels: 2200
# of testing data: 2200
# of testing labels: 2200
# of unique training data: 2186
# of unique training labels: 170
# of unique testing data: 2189
# of unique testing labels: 166
# of unique training data that appears more than once: 14
number of times each unique training data appears: [2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2]
# of unique testing data that appears more than once: 11
number of times each unique testing data appears: [2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2]
# of training data that is duplicated in testing data: 18

# of data in the dictionary: 2186
# of data in the dictionary: 4357
test the label_lookup class
data: A=A=aB=====a=====D==d===A==aA==b==Aa=a
label: 12
label from class: 12


k = 2

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 28

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A===E=======b==A==a====B====a===A======e=======a', 'A=A=a===E===d==A==b======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c=====A=a==A=a====Aa=A=====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 38, 120, A===E=======b
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A======c===A===a=a, 19, 40, 120, A===E=======b
A=B=a===C======c======B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 38, 120, A===E=======b=
A=A==a====C====c========A==a=====E====c======A===b==========C===a==A===d=====A==a=a, 46, 37, 120, A===E=======b=
A===B==a==C=====b======B=a===B==a=A=b==Aa=A==b======B==a==A===c===A===b==a, 52, 36, 120, A===E=======b==A
Accuracy: 0.004545454545454545
```

```
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 30

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A==A====a=====E==d==A==b========a', 'A=====D===a==A====b=A=a===C======a==A==c==A==aA==c===
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 45, 111, A
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B======a==A==a===a==A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 40, 111, A==
A====B==a=A==a==A==a==C======a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 42, 111, A=
A==B==aA==a=A==a====B===a==B====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 43, 111, A==
A===B======a==A=====a=A=a===B======a====A==b=====B====b=======C===a==B==c===B===b==A====c==a, 152, 41, 111, A==
Accuracy: 0.00909090909090909

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 40

Iteration 2
Terminal measure: Et = 31

Iteration 3
Terminal measure: Et = 15

Iteration 4
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=A===a=======E==e======A=a===Aa=a', 'A=Aa=====B====a=====A=b===========E====e=====A==a===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 14, 96, A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 11, 96, A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 12, 96, A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 10, 96, A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 14, 96, A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a
Accuracy: 0.0

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 30

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A===A==a===E==e=======A==a==a', 'A=A==a==B====b=======Ba==D====b=A====c======B==a=A====c==A
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 22, 52, A===A==a===E==e=======A==a==a
```

```
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 22, 52, A===A==a===E==e=======A==a==a
A=A=a==A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 21, 52, A===A==a===E==e=======A==a==a
A=A==a==A==a==C==a==C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 21, 52, A===A==a===E==e=======A==a==a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 21, 52, A===A==a===E==e=======A==a==a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 28

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=B=====a==D==d======A==b==a', 'A=A=a==A==a====A==a====E===d====B====b==A===b==A===a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 9, 131, A=B=====a==D==d======A==b==a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 8, 131, A=B=====a==D==d======A==b==a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 8, 131, A=B=====a==D==d======A==b==a
A=A===a==E==e=======A==a=a, 156, 8, 131, A=B=====a==D==d======A==b==a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 11, 131, A=B=====a==D==d======A==b==a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 27

Iteration 2
Terminal measure: Et = 6

Iteration 3
Terminal measure: Et = 9

Iteration 4
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A===A===a====E===d======A===b=a', 'A======B===a===A==b========E====d===========a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 10, 109, A===A===a====E===d======A===b=a
A=B=a=A=a===D==d=====A===b===a, 12, 10, 109, A===A===a====E===d======A===b=a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 11, 109, A===A===a====E===d======A===b=a
A===B====a===D==e===Aa===A==a=a, 62, 9, 109, A===A===a====E===d======A===b=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A=b===a, 51, 11, 109, A===A===a====E===d======A===b=a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 36
```

```
Iteration 2
Terminal measure: Et = 9

Iteration 3
Terminal measure: Et = 24

Iteration 4
Terminal measure: Et = 22

Iteration 5
Terminal measure: Et = 9

Iteration 6
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=Aa=====B==a===A==b========E===e========A=====a=a', 'A=A===a===E===e=======A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b=A=====a=A=a===B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 42, 122, A=Aa==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa=A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 41, 122, A=Aa====
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa=A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 41, 122, A=Aa====
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a====C==a=A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 40, 122, A=Aa===
A==A===a==A==a==B==a=B==b===B===b==A=a=A=a=A==a=C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 40, 122, A=Aa==
Accuracy: 0.0

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 30

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A====C==========a=====C====e=======a', 'A=Aa==C=====a==A==a===B==a=====A==a=======B==a====A=
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 15, 132, A====C==========a=====C====e=======a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 12, 132, A====C==========a=====C====e=======a
A=A=a===C==a=A=====a=B=a=B===e==a, 100, 14, 132, A====C==========a=====C====e=======a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 13, 132, A====C==========a=====C====e=======a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 12, 132, A====C==========a=====C====e=======a
Accuracy: 0.013636363636363636

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 47

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=A=a====C=====c========E====e=======a', 'A====D===c===A=a=====A=b=Aa====D====d=====E===d===
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c=======E===b===B===d======a=a, 7, 15, 164, A=A=a====C=====c========E====e======a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 17, 164, A=A=a====C=====c========E====e=====a
A=B======a====A==a===B====b====D====e=====Aa==a, 93, 15, 164, A=A=a====C=====c========E====e=====a
```

```
A==E========b==A==a====B====b===A=====d========a, 132, 17, 164, A=A=a====C=====c=======E====e=====a
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 17, 164, A=A=a====C=====c=======E====e=====a
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 33

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=A=a=====E==e=========A==a=a', 'A=======D===b===A===c======E========e=======A====a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 12, 169, A=A=a=====E==e=========A==a=a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 15, 169, A=A=a=====E==e=========A==a=a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 12, 169, A=A=a=====E==e=========A==a=a
A=====D====a=====B====d====A=====b=a, 107, 13, 169, A=A=a=====E==e=========A==a=a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 12, 169, A=A=a=====E==e=========A==a=a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.006363636363636363
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

k = 5

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 77

Iteration 2
Terminal measure: Et = 36

Iteration 3
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=a', 'A=A=a====E===d======A==b=a', 'A=====B=a
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c=====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 25, 36, AA==a==A====a=
A=A==a====D====c========B=====a===C=aA===c===A===c=========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 28, 36, AA==a==A====a=
A=B==a===C=======c======B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 28, 59, A=A=a=A=a===A==a
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b=========C===a==A===d=====A==a==a, 46, 23, 36, AA==a==A====a===
A===B==a==C=======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b==a, 52, 25, 36, AA==a==A====a====
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
```

```
Terminal measure: Et = 58

Iteration 2
Terminal measure: Et = 5

Iteration 3
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['AA=a=======E===e=========a', 'A====B======a===D====d======A==b==a', 'A=A=a===B=a=C==b==C==e
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 46, 12, A=
A=A=a=Aa==B===a=A=aAa==B=====a=A==a===A==a-A=a-A==b======B===a=C===c=A==aA==b=A===b==a, 40, 44, 12, A===
A====B==a=A==a=A==a==C=====a=A==b=====Aa==C====d======B=====a=B==c===B==aA===b=A=b==a, 153, 45, 12, A==
A==B==aA==a=A==a====B===a=B====a=A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 46, 12, A===
A===B======a==A====a=A=a===B=====a====A==b=====B===b=======C===a==B===c===B===b==A====c==a, 152, 45, 12, A===
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 79

Iteration 2
Terminal measure: Et = 35

Iteration 3
Terminal measure: Et = 12

Iteration 4
Terminal measure: Et = 9

Iteration 5
Terminal measure: Et = 6

Iteration 6
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=A=====a=====E====d==A======b====a', 'A==A===a==A=a====B===a====A==a=A=a=======A=a===D====
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 6, 153, A=======E====e=======a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 5, 153, A=======E====e=======a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 5, 153, A=======E====e=======a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 4, 153, A=======E====e=======a
CaA=a===CaB===e=====A=a=a, 165, 9, 153, A=======E====e=======a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 61

Iteration 2
Terminal measure: Et = 17
```

```
Iteration 3
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=Aa======E===e=========a', 'A=A=a==B=a==A===b========E====e=======A==a=a', 'A=B==a=Aa=====
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 14, 48, A=A=a==B=a==A===b=======E====e=======A==a=a
A===B=a=A===a===C==a=B==d====B===a=A==c===Aa=a, 18, 16, 48, A=A=a==B=a==A===b=======E====e=======A==a=a
A=A=a==A==a===C=b===D==d====B=a===A==c===Aa=a, 20, 13, 48, A=A=a==B=a==A===b=======E====e=======A==a=a
A=A==a==A==a==C==a==C===c===B==b==A=b===A=b==a, 35, 15, 48, A=A=a==B=a==A===b=======E====e=======A==a=a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a=A==c====Aa=a, 58, 12, 32, AA=a===B==a==C=aB==c==A=c====C==c====A=a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 5


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Terminal measure: Et = 52


Iteration 2
Terminal measure: Et = 10


Iteration 3
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A==Aa=====C==b=====B===c=========E=====d======A==b===a', 'A=======E====e========a', 'AA==a=
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E=e=======A==a=a, 102, 6, 119, A=Aa======E==e=========A=a=a
A====B=a=D====bAb==A===c=a, 138, 8, 61, A=======E====e=======a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 6, 61, A=======E====e=======a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 4, 119, A=Aa======E==e=========A=a=a
A===A=a===E==e===A=a=A==aa, 160, 8, 61, A=======E====e=======a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Terminal measure: Et = 70


Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=A=a====C=====c========E====e======a', 'A=====D===b==A=a===A=====c=====E===e======D====c==
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 13, 164, A=A=a====C=====c========E====e======a
A=B=a=A=a==D==d======A====b===a, 12, 12, 102, A=Aa=====E===e=====Aa=a
A=D====a==B===b==Aa=A=====d==a, 53, 13, 102, A=Aa=====E===e=====Aa=a
A===B===a===D==e===Aa===A==a=a, 62, 12, 102, A=Aa=====E===e=====Aa=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 13, 102, A=Aa=====E===e=====Aa=a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 81

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 100

Iteration 3
Terminal measure: Et = 84

Iteration 4
Terminal measure: Et = 27

Iteration 5
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=A=a===B===a==A==a====D==c==A==b==A==b==a', 'A==A=a====E======a==A=a==A==a===A====a===A=aA=
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b==A====a=A=a===B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 30, 140, A==A=a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 33, 140, A==A=a==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 33, 140, A==A=a==
A=A==a==A=a==B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a==a====C==a==A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 31, 140, A==A=a=
A==A===a==A==a==B=a=B==b===B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 33, 140, A==A=a=
Accuracy: 0.004545454545454545

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 78

Iteration 2
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A========E===e=====A==a=a', 'A=A=a===C===a====A==c========E====e====A===a=a', 'A=A=a==Ba=C=
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 13, 149, A========E===e=====A==a=a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 11, 149, A========E===e=====A==a=a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 13, 149, A========E===e=====A==a=a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 12, 149, A========E===e=====A==a=a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 11, 149, A========E===e=====A==a=a
Accuracy: 0.00909090909090909

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 97

Iteration 2
Terminal measure: Et = 19

Iteration 3
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A========E==d===A==b==A==aa', 'A=A=======D===b====A=a===A==b====B===a====B======d======A===
```

```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c=========E===b===B===d======a=a, 7, 13, 135, A=A=a====B===a==B===c========E====e=======A=====
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 16, 120, A=====E====a==AaA==b===B========c=====A===c====
A=B======a====A==a===B====b====D====e======Aa==a, 93, 13, 120, A=====E====a==AaA==b===B========c=====A===c====
A==E========b==A==a====B====b===A=====d========a, 132, 11, 120, A=====E====a==AaA==b===B========c=====A===c====
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 16, 168, A=====B==a======D==b==A=b===B==d====A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 81

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 115

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 84

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 93

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 72

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 136

Iteration 7
Terminal measure: Et = 89

Iteration 8
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A========D====a==A=a=A===c====B===a====C===c======A====c===A=a=a', 'A=B==a===C===a==B==e==
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 11, 114, A=B=a==B==a==C===c===A======c==a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 13, 114, A=B=a==B==a==C===c===A======c==a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 12, 128, A==A=a====E===e=======A==a=a
A=====D====a=====B====d====A=====b=a, 107, 12, 114, A=B=a==B==a==C===c===A======c==a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 8, 114, A=B=a==B==a==C===c===A======c==a
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.006818181818181818
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 8
```

```
Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 141

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 192

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 116

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 173

Iteration 5
Terminal measure: Et = 101

Iteration 6
Terminal measure: Et = 17

Iteration 7
Terminal measure: Et = 8

Iteration 8
Terminal measure: Et = 8

Iteration 9
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['AA=a===E=d====A===b====a', 'A=A=a==B=a==A===b========E====e=======A==a=a', 'A=A=a======E===
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 27, 166, A=A=a=====E==
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c=========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 28, 166, A=A=a=====E==
A=B==a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 27, 166, A=A=a=====E===a
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b=========C===a=A===d=====A==a=a, 46, 24, 166, A=A=a=====E===a
A===B==a==C=======b======B=a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a==A===c===A===b==a, 52, 27, 166, A=A=a=====E===a
Accuracy: 0.00909090909090909

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 120

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 159

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 112
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 212

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 113

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 225

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 119

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 190

Iteration 9
Terminal measure: Et = 75

Iteration 10
Terminal measure: Et = 32
Final centroids: ['A=====D====a======B====d==========B===c=a', 'A=A=a=A===a==A==a====A==aAa===B=====a===D===e=
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 29, 20, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B======a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 29, 20, A===
A====B==a=A==a==A==a==C======a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a=B===c===B==aA====b=A=b=a, 153, 28, 20, A==
A==B==aA==a=A==a====B===a==B====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 30, 20, A===
A===B======a==A====a=A=a===B=====a====A==b=====B====b=======C===a==B===c===B===b==A====c==a, 152, 30, 20, A===
Accuracy: 0.0

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 142

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 265

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 108

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 198

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 92
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 180

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 143

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 196

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 121

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 189
Final centroids: ['A=B===a==A==a=B==a===C==d====B==b==A=a===a=A=a==a'
 'A===E=======b==A==a====B=====a===A======e=======a'
 'A=Aa===E====b==A=a==B===e=====A===a==A==aa'
 'B==B==a===C===c====A=====c==a'
 'A=B==a==A=a=A==a===D===d====B===b==A===b===Aa=a'
 'A=B====a==B====a==B==a===B===b====B==d=======A=c'
 'A==A===a====C==a==C====a=A=b====A==c====a==a'
 'A======D===a=A==d====E=========e=====A==a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 10, 37, B==B==a===C===c====A=====c==a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 12, 37, B==B==a===C===c====A=====c==a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 11, 37, B==B==a===C===c====A=====c==a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 11, 37, B==B==a===C===c====A=====c==a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 13, 37, B==B==a===C===c====A=====c==a
Accuracy: 0.013636363636363636

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 120

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 189

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 133

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 196

Iteration 5
Terminal measure: Et = 117
```

```
Iteration 6
Terminal measure: Et = 13

Iteration 7
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A========E=====a======A=====a===A==a==A=a=A====a====A=======e====a', 'A===A===a=A==a==A===a
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 17, 99, A===A===a=A==a==A===a====C===a===C===e=======
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a=A==c===Aa=a, 18, 16, 99, A===A===a=A==a==A===a====C===a===C===e=======
A=A=a==A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 16, 99, A===A===a=A==a==A===a====C===a===C==e========a
A=A==a==A==a==C==a==C===c===B===b==A=b==A=b=a, 35, 15, 99, A===A===a=A==a==A===a====C===a===C===e=========a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 14, 136, A======B=====A==a====C==a===A==c==A==c=a
Accuracy: 0.004545454545454545

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 104

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 244

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 145

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 224

Iteration 5
Terminal measure: Et = 120

Iteration 6
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 33

Iteration 7
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 225

Iteration 8
Terminal measure: Et = 84

Iteration 9
Terminal measure: Et = 15

Iteration 10
Terminal measure: Et = 2
Final centroids: ['A=Aa===B====a===D==e========E=====e=====A==a=a', 'A========E===e======A=a=a', 'A==A==a==A==
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 7, 49, A========E===e======A=a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 10, 49, A========E===e======A=a=a
```

```
A=A=a=====E===e=======A==a=a, 145, 3, 49, A========E===e======A=a=a
A=A===a===E==e===A==a=a, 156, 5, 49, A========E===e======A=a=a
A===A=a===E==e===A=a=A==aa, 160, 7, 49, A========E===e======A=a=a
Accuracy: 0.004545454545454545
```

++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 112

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 241

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 141

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 259

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 107

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 236

Iteration 7
Terminal measure: Et = 153

Iteration 8
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 33

Iteration 9
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 225

Iteration 10
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 125

```
Final centroids: ['A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a', 'A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a', 'A=A=====C===b===C==
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a=A==b====a, 4, 12, 14, A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 10, 14, A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 12, 14, A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a
A===B===a===D==e==Aa===A==a==a, 62, 9, 113, A==Aa===E=====e=====Aa==a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A=b===a, 51, 8, 14, A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a
Accuracy: 0.0
```

++

```
Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 138

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 261

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 96

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 252

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 141

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 244

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 144

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 226

Iteration 9
Terminal measure: Et = 115

Iteration 10
Terminal measure: Et = 18
Final centroids: ['A=A===a===E===e=======A==a=a', 'A==B===a=B==a===C====c===A====c===a', 'A=B==a===B=a=C====b=
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A=====a=A=a===B=====a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 28, 86, A=A===a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 29, 86, A=A===a==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 29, 86, A=A===a==
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a==A=a=A=a===C==a=A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 25, 86, A=A===a
A==A===a==A==a==B==a=B==b===B===b==A=a==A=a==A==a=C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 25, 86, A=A===a
Accuracy: 0.0

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Terminal measure: Et = 120

Iteration 2
```

```
Terminal measure: Et = 0
Final centroids: ['A=======D===b===A===a===A==a==C===aA==a=A==c=======B==d=======a', 'A==B==a=A=a=B==a=A==a===
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 175, A=A====a====E===e===A=a==A==a=a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 11, 120, A===C=a=B=====b=====C===e========a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 11, 175, A=A====a====E===e===A=a==A==a=a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 12, 120, A===C=a=B=====b=====C===e========a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 9, 120, A===C=a=B=====b=====C===e========a
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 126


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 253


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 110


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 223


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 122


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 228


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 79


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 219


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 138


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 197
Final centroids: ['A=A=aA=a==E==e=========A=a=a'
 'A=A=a===D===b===A==c=========E======e====A==a=a'
 'A==C===a=B=====b======C======e=====a'
 'A====B======a===D====d======A==b==a'
 'AA=a==C==a===A==a====C==b===B==d==A==b=a'
```

```
   'A========C===a==A=====c==========E=====e====Aa=Aa=a'
   'A====A=a==E===e===A===a==a'
   'A=A==a===C=====a==B==a=A==a====B===a===AaA===c==A=====c====A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b==A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 12, 148, A=A=a===D===b===A==c========E======e====A==a=a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A==b=Ab====Aa=a, 16, 14, 148, A=A=a===D===b===A==c========E======e====A==a=a
A=B======a====A==a===B====b====D====e======Aa==a, 93, 13, 148, A=A=a===D===b===A==c========E======e====A==a=a
A==E=======b==A==a====B====b===A====d======a=a, 132, 13, 148, A=A=a===D===b===A==c========E======e====A==a=
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 148, A=A=a===D===b===A==c========E======e====A==a=
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 93

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 196

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 97

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 168

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 105

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 185

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 91

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 244

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 133

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 175
Final centroids: ['A=======E==e=====Aa==A===aa'
   'A=Aa=====E===aA=aA=a==A==b==B====a===A===b====A===c==A=b==a'
   'A===C==a==C==d=A=b=A=a=Aa=a'
   'AA=a==A=a=A=a======D====a==A==b====Aa=C===c======B=a==B==c===A==b===A===b=a'
```

```
 'A====Aa==B====a==A==a====Aa==D===e===========A==a=a'
 'A=A=a===B==b=======B==a===D=aA==c=A===b=======C=a=A===d===A=a=a'
 'A==D===a====B==c=AaA===c===a' 'C=Ba=B====d==AA=a==A==ac']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 15, 73, A=======E==e=====Aa==A===aa
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 13, 129, A==D===a====B==c=AaA===c===a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 14, 73, A=======E==e=====Aa==A===aa
A=====D====a====B====d====A=====b=a, 107, 12, 129, A==D===a====B==c=AaA===c===a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 12, 129, A==D===a====B==c=AaA===c===a
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.004090909090909091
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 11

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 169

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 292

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 205

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 269

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 163

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 282

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 172

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 288

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 160

Iteration 10
```

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 321
Final centroids: ['A=B==a==B====a=a===A==a===D=aA==c==A=b===A==B=aA===c====A==b=a'
 'A=A=a===E===d==A===b==A=a-a'
 'A==C==a=A===a===A===b==A=a==C===b====C====e=====Aa=a'
 'A=A=a===E==c===A=a==A==a========A==a=A==a=A==b===A=a=A==b==A=a-a'
 'A======D==b====B==a=B==d=====A=a==A==a=b' 'A=A=a===CaC===e====A=a-a'
 'A=B=a==C===b==Aa====A===a=C==c==A=a==a=A==a==Aa==B=a=A===c=====A==b=a'
 'A====D==a=B==d====A==b===a'
 'A=====B==a====B=a=C==c==A=a===B==d===A=a-a' 'A=A=a==E===d==A=b==A=a-a'
 'A=Aa====D==c===B=====b==A=a====D==aA==a==A==c====Aa==A==c====Aa-a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 24, 126, A=B==a==C===b=
A=A==a====D====c========B====a==C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 29, 126, A=B==a==C===b=
A=B=a===C=====c=====B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 24, 126, A=B==a==C===b=
A=A==a====C====c=======A==a====E====c====A===b========C===a=A===d=====A==a=a, 46, 26, 126, A=B==a==C===b=
A===B==a=C=======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a==A===c===A===b==a, 52, 24, 126, A=B==a==C===b=A
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 191

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 326

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 146

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 322

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 160

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 400

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 181

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 271

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 191
```

```
Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 246
Final centroids: ['A=B===a==A==a=B==a===C==d====B==b==A=a===a=A=a==a'
  'A=A=a===B====b========Aa===E===a=A=b=A=b=======B==a==A===c===A===b==a'
  'A=======D==a=A=a==B==d====A==a===A==b=a'
  'Ba==A==a==A====a======B====a=B==a=A==a==C===c===B===b==A===c=====A==a=a'
  'A=A==a=A==a====E===d==A=b=A=a=A=a=a'
  'A=A=a=A==a===B==aAa=======D===c===C===e====A=a=a'
  'AA=a===A==a====E==e====A=====a====a'
  'A=B==a==C====c===B==c========E======e===A==a=a'
  'A======C===c===Aa===C==a==C===d======B==b====A===a==A==a===a==a'
  'A=B==a=======D==c=====B===d===a'
  'A==D====a=A==b===A==b======D===b=====A====c===A=b====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a==Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 36, 21, Ba
A=A=a=Aa==B====a==A=aAa==B=====a==A==a===A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 30, 16, A=A=
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A==b=====Aa==C====d======B=====a==B===c===B==aA===b=A=b==a, 153, 34, 16, A=A
A==B==aA==a=A==a====B===a==B=====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 32, 21, Ba==
A===B======a==A====a=A=a==B=====a====A=b=====B===b=======C===a==B===c==B===b==A====c==a, 152, 32, 21, Ba==
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 128

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 244

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 134

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 287

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 186

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 353

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 165

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 258
```

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 157

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 303
Final centroids: ['A=A=a====E===d==A==b==A=a=a'
 'A=C==a=B=====a==A==a==B=====b===B===e=====A=a==a'
 'A=Aa====E===d=======C==b===A===a===C=====b===A====b==A==a==A===c=====a'
 'A=A=a==B==a===A==b=======E===e==========A==aa'
 'A=A=a====C===a===B==d=======E=====e=====A==a=a'
 'A=A=a==A==a===B==a==D===c===B=====b==A==c==Aa=a'
 'A=A==a==A==a====E===d==A==a=A=b==Aa=a'
 'A==D===a=A=====a===A=a=A=a====B=====a=A==a====A==a=A==d==Ab==a'
 'A==B=====a==A=a==B==c=====A=a==A=a==Aa=Aa=A===a===C==a=A==b===D====c==B===c=Ab======a'
 'A==C==a==B===c======D===a==A=a=A=a==A===b==A====a==A===c==Ab===a'
 'A==A==a=A==a===E==a=A==c==A=c=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 10, 167, A=A=a====E===d==A==b==A=a=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 6, 167, A=A=a====E===d==A==b==A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 7, 167, A=A=a====E===d==A==b==A=a=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 8, 167, A=A=a====E===d==A==b==A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 9, 167, A=A=a====E===d==A==b==A=a=a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 180

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 279

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 213

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 304

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 186

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 320

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 184
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 274

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 139

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 224
Final centroids: ['Ba=====C=====a==C==e========E=====e=====A==a=a'
 'A=A=a===C==a===Aa==C===d=====A=a=A=b==a'
 'A=B=aB==a=A==a==C====c==C====d=====C==b===A===c===A=a=a'
 'A=Aa=A==a==B==a=A=a=A=a====D=======d====C===c==A=b====a'
 'A======D===a=A==d====E===========e=====A==a==a'
 'A=B===a========D===aAa==A====e====a'
 'A=Aa====D==b==Aa=B=c===A==a==D==aA==b=A==c==A=a===A==b===Aaa'
 'A==B===a===C==b=A=a====C=====e=====a'
 'A======E====b=Aa=A===a==A=aa===C==a=A==a=A==d====B=a==A=c=====a'
 'A=A==a===E====e====A====a=a'
 'A===A=a===A==A=a==A=a===D===b==A==b==A=aAa===C==d======A===a==D==e====A==a===A===a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b==A==b=a, 131, 16, 60, A=B=aB==a=A==a==C===c==C====d=====C==b===A===c=
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 15, 65, Ba=====C=====a==C==e========E=====e=====A==a=a
A=A=a==A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 14, 60, A=B=aB==a=A==a==C===c==C====d=====C==b===A===c===
A=A==a==A==a==C==a=C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 14, 31, A=A=a===C==a===Aa==C===d=====A=a=A=b==a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 15, 65, Ba=====C=====a==C==e========E=====e=====A==a=a
Accuracy: 0.00909090909090909

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 203

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 203

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 120

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 260

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 188

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 213
```

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 174

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 231

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 122

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 316
Final centroids: ['Ba=Aa==A=a========E====b===A==b======C===d=====A=a==C===d===A==a==A===a==a'
 'A=A=a===B==a===A==a====D==b=A==c=A===b==a'
 'A==B=a==B==a==A=aA==a==Aa===C==a=A====c===A==aA==bA=b==a'
 'A==A==a=====A=a==A==a====D=====c===A==b======A=a=A=a==A=a======Aa=B==a==D==e=====B==b===A==a=a'
 'A=A=a==A=a==A==a=A===a===A==a==A=a=A=a=A==a====C==a=A=a===C===c==A==b=A==b==Aa=a'
 'A=Aa==B==a==C=a=B=c===A==a===B==d======A=aa'
 'A=B====a==D==e=====A====a=a'
 'A=A==a====B==a===D=====c======B=====d=====a'
 'A=Aa==B====a==B==c=====D==aB===d==Ab=====A==a=a'
 'A=A==a====B===a===A==b======Ca==C==e=======Aa==A===a=a'
 'A=A=a==C==a==B=a==B====a==A=====cA=c===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 6, 27, A=B====a==D==e=====A====a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 8, 27, A=B====a==D==e=====A====a=a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 7, 27, A=B====a==D==e=====A====a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 6, 27, A=B====a==D==e=====A====a=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 8, 27, A=B====a==D==e=====A====a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 185

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 286

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 173

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 326

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 164
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 261

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 136

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 321

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 174

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 293
Final centroids: ['A=B==a========D===c======C===e====a'
 'A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a' 'A==A==a======E==b=====B===e===a'
 'AA==a===E=====b=A=a====A==d===a'
 'A=A==a==B===b========C==a==C===d====B===b===A====a==A=b==A==a=A=a=a'
 'A=====E===c===AaA==c===a' 'A=B==a==B===a=A=a=====C===e===Aa=a'
 'A=====E====a==AaA==b===B========c=====A===c=====a'
 'A=====C==a===A==a===C===aA=======e===a'
 'A==C=======a=A==a==A==a====B=====a===B==d===A==b===a'
 'A=====C===a=A===b===C=a=B===c=Ac======A=a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B=====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 8, 172, A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a
A=B=a=A=a===D==d=====A===b===a, 12, 8, 172, A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 10, 172, A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a
A===B====a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 10, 79, AA==a===E=====b=A=a====A==d===a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 8, 172, A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a
Accuracy: 0.004545454545454545

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 194

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 297

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 152

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 281

Iteration 5
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 157

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 227

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 127

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 307

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 181

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 307
Final centroids: ['A===B=a==C==a=Aa==A==c======D========d===A====b=a'
 'A=A=a====D===d=======E==d=A=b====a' 'AA=a====E==e==A==a==A==aa'
 'A=C====a==C==d======A===b=a' 'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
 'B=====D===d==Aa=Aa=A==b=a' 'A=A=a===E==c==A=b==A==b==a'
 'A=======D===a==A===a====B===a==A=b==A===d===a'
 'A==D===a=A==a==A==b====C====b===B====e====A=a=a'
 'A=A==a==B===a======B==a==C==c==Aa=B==b====B===b==A=c=====A=a=a'
 'A=A=aA=a===B==a==B==b===B=====b======A=a====D===b=Aa===B===c==A==b=A==b===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A=====a=A=a===B=====a====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 28, 174, A=A=aA
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 174, A=A=aA=a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 174, A=A=aA=a
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a====C==a=A==a==C=d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 25, 174, A=A=aA=
A==A===a==A==a==B=a=B==b==B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 27, 174, A=A=aA=
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 154

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 385

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 226

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 325
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 227

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 394

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 274

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 389

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 253

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 294
Final centroids: ['A=A=a====D==b==A==a=C==e=====A===a==A==a=a'
 'AA===a==A====a=======E====aA=c=====A===b===A===b==A==a===A==a=a'
 'A=A==a========E==e====A=a===a'
 'A=B=a====D==c==Ab===A=a=Aa====C==a=A==a=A==aA=b========C==a=A====c===A===c==a'
 'B=D=====d===A==a===A=a=b'
 'AAa====B==a====A===a=====D==b==A==d=====A=a=a'
 'A=B=a==B==b=======B==a===C==a=Aa==A===b===B==b=A==d====A=a=a'
 'A=A=a=A=a==A=a===E===d==A==a=A=b=====a' 'A==D====a===B==c=Aa==A===c==a'
 'A==C==A==a==B==c==A==a=A==c===a'
 'A==C===a===A==aAa=B==d======E==e====C===b==A===b====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 27, A=A==a=======E==e===A=a===a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 10, 27, A=A==a=======E==e===A=a===a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 11, 27, A=A==a=======E==e====A=a===a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 10, 27, A=A==a=======E==e====A=a===a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 10, 121, A==D====a===B==c=Aa==A===c==a
Accuracy: 0.018181818181818

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 201

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 324

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 148

Iteration 4
```

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 300

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 152

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 223

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 178

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 288

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 149

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 275
Final centroids: ['A=Aa==C==a=A==aA==a===C====e====A=a=a'
 'A=A=a=A===a==A==a=A=a=A=a=A=a==B=====a==D==e====A=a====a'
 'A==A=a===D==aA=a=A=a====B===a===A===a==A=aA==a=A=a====AaA===b=A===d=a'
 'A=A=a==C===a===B===c=====C==a=B=====e=======A==a=a'
 'A=A=a===Aa==A==a==Aa==C===b==A=a=A=a===D===d=====B===a=B===c==A==a=====A==b=a'
 'A======B==a==B===a==C==d====B===a=A==c=======a'
 'A=C==a===B==a==A====c======D====c===B=====d====A=a=a'
 'A==C====a===A==a====A==a=======C===b===B===e======A==a=a'
 'A=B===a==B==b=======C==a==B=b==Aa==B==b====B==c===A==c====A==a==a'
 'A=======E==c==A===b===A==b=a'
 'A=A==a==C====b=======A==a===D=====d====A==a=======B==a=A===c====A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c=======E===b===B===d======a=a, 7, 14, 126, A=C==a===B==a==A====c======D====c===B=====d====A=
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 126, A=C==a===B==a==A====c======D====c===B=====d====
A=B======a====A==a===B====b====D====e=======Aa=a, 93, 15, 51, A=A=a==C===a===B===c====C==a=B=====e=======A==a=
A==E========b==A==a====B====b===A=====d======a, 132, 14, 31, A======B==a==B===a==C==d====B===a=A==c=======a
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 14, 126, A=C==a===B==a==A====c======D====c===B=====d===
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 161

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 390

Iteration 3
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 168

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 358

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 149

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 330

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 129

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 316

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 196

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 280
Final centroids: ['A==A=======A==a=A=a=====D===c==A==c======C===b=Ab========A=a==E==e====A==a====A===a==a'
 'A========E===c==A==a=Aa==A=a====C===a=A==a=A====c===A==aA====c==Aa=a'
 'A=A=a=====E====b====B===b===B===a==A======c====B=====d=====a'
 'A=A=a====C===c======A==a===C=aC==d===A==b========D======d=======Ab'
 'AAa===C==b=====A==a====D===b==A==c==A==b===a'
 'A====E==a=A==d==A=b====A=a=A=a=a'
 'A==B===a==B==a==A==a===C===c===B====b===A==c===A==a=a'
 'A=D===a==B==d===A===aA=a=b' 'A=B==a===D======c=====A==c==Aa=a'
 'A=B===a=B===a=B====b=A==a====C=a=A=a=A===d==A==a=A===b====a'
 'A=B==a=A==a==A==a===A==a=====B==a=A=a===C==e=====A=aA=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 12, 69, A=B==a===D======c=====A==c==Aa=a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 13, 166, A====E==a=A==d==A=b===A=a=A=a=a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 12, 69, A=B==a===D======c=====A==c==Aa=a
A=====D====a=====B====d====A=====b==a, 107, 12, 69, A=B==a===D======c=====A==c==Aa=a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 12, 69, A=B==a===D======c=====A==c==Aa=a
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.008636363636363636
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 14

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 239

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 353

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 227

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 431

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 247

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 416

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 228

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 326

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 219

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 328
Final centroids: ['A====C==b==A=a====C===d=====C===c====E==e==A==a=====a'
 'A==B=aB==a===B===a===B==a=A====a===A======e=======a'
 'AA==a===B===a====A==a===D==a=A==d===A==b===a'
 'BA=a==D==d==AA=b====A=ab' 'A===A==a==E=====d=====A===b==a'
 'A=======E=====d===A==b==a'
 'A=A=a==B==a===C==c===D====e====C===b===A===b===Aa=a'
 'AA=a===D==c====A==a===D==a=A==d===A===b=a'
 'A==C==a==Aa===C=====c====A===c==a' 'A=A===a===E==e===A=a===A=a=a'
 'A=A=a===D==b===B===a==A=a===B==aA==b=A==b=A=a=A==c=====a'
 'A=B=aA=a==D==d=======A==b=a'
 'A=A=a=A====a==A=A=a=A==a====B====b===A==a==A=a=====C===b=======A=a===D==d====A==b===A===a=a'
 'A=====B=a==C===c======D====e====Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 30, 173, A=A=a=A====a=
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 24, 173, A=A=a=A====a=
A=B==a===C======c======B====a==C=aA==a=Aa===A===c========C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 31, 173, A=A=a=A====a=A
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b=========C===a==A===d=====A==a=a, 46, 25, 173, A=A=a=A====a=A
A===B==a==C======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b=a, 52, 30, 79, A=A=a===D==b===B==
Accuracy: 0.004545454545454545

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 218

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 321

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 188

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 293

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 192

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 291

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 195

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 341

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 217

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 396
Final centroids: ['AA=a====E=====e========a' 'B=a====B==a=====A==a===D===a=A=e==Aa==A=a=a'
 'A=A=a==Aa==D==a=A=b==C==c=====B==a=A=a==A==c=====A====b=A=a=a'
 'A==C====a===C==d=======A==b=a'
 'A==B=a==C==a===B=a=A===b===Aa==A=====c=b'
 'A==C===a==B==a==A=b==B=====a==B=====e====A=a=a'
 'A=======E===aA=b=Aa==B====a===A===a=====A=====b=====A===d======a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a' 'A=A===aA==a===E=d===A=a==A==b==a'
 'AA=a======D==b=======C==d=====A==a==A==b==a'
 'A==A=a=======B==b====E==e===A==a==A===a==A=a=a'
 'A=A==a====B===a=======A=aAa===D===b=A====c======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
 'A=======E====e====A=aa' 'A=B==a==B=a==C====c====B===d====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 34, 59, A=.
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 32, 59, A=A=
A====B==a=A==a==A==a==C======a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a=B===c===B==aA===b=A=b=a, 153, 35, 59, A=A
A==B==aA==a=A==a====B===a==B====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c=====A====c=a, 146, 32, 59, A=A=

A===B======a==A====a=A=a===B=====a====A==b=====B====b=======C===a==B===c===B===b==A====c==a, 152, 34, 59, A=A=
Accuracy: 0.00909090909090909

++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 241

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 355

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 204

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 384

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 221

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 345

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 209

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 336

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 157

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 305
Final centroids: ['A==B==a=A===a===B===b===D===e====A===a==A==a=Aa=A==a==a'
 'A=B==a==C===a=A==a==B==c=====A====c==a'
 'A==C=a==A==a==B====a==A==a=Aa==A====a===B====b=A==d=====a'
 'A=A=a=A==a===E===d==A=b==Aa==Aa=a' 'A=B=a===D==d===A==a=A=b===a'
 'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a' 'A=D==b=====C==d===A=aA==b=a'
 'AA=a===E==e====A==a==A==aa'
 'A=======D===b===A===a===A==a==C===aA==a=A==c=======B==d=======a'
 'A=Aa==Ba=D===d=====C==c==Ab===Aa==a'
 'A=======E=====e====C===c=======D==a=A===d====A==a==a'
 'A=======E====d==Aa===D===a=A===b===A==a===A===a==A==c==Aa=A=b==a'
 'A==B=a=C===b=Aa=A===c======E=====d===A==b==a'
 'A=A=a===C===a==A==a==C===aA==c=A=c====a']

```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 8, 105, A=D==b=====C==d===A=aA==b=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 7, 65, AA=a===E==e====A==a==A==aa
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 7, 128, A=B=a===D==d===A==a=A=b===a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 8, 105, A=D==b=====C==d===A=aA==b=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 11, 65, AA=a===E==e====A==a==A==aa
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 4


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 189


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 419


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 206


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 367


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 205


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 366


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 215


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 354


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 213


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 362
Final centroids: ['A======D===a====B====d====Aa===A===b=a'
 'A=====C====a===A===c=====E==========e====A==aAa==a'
 'AA=a===B===a===A====a==D===a=A==d===A=b===a'
 'A======D===a==A==b====C==========e====Aa=A=a=a'
 'A=A==a=A==a==E====d===A==b===Aa==a'
 'A=========D====a==A=a=A===c====B===a====C===c=====A====c===A=a=a'
 'A=B==a==A==a==B==a==C==d=====B==b==A===b==A=a=a'
```

```
 'BA==a===B==a=C===c====B=====d=a'
 'A=A=a=A==a=====D==b====B====a==B===e=====A=a=a'
 'A=Aa=====D==c===B=====b==A=a====D==aA==a==A==c====Aa==A==c===Aa=a'
 'A===B==a======B=b=A=a=A==aA===a====D==c==Ab==b'
 'A=====B==a====B=a=C==c==A=a=====B==d===A=a=a'
 'AA=a====B==a=A==b========E====e=========A=a==A=a=a'
 'A=A====a==A=a====B=a===C===b===A==c========E===e=======A===a==C==c===A====a==A====a==a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 12, 18, A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b==A===b==A=a=
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 14, 18, A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b==A===b==A=a=a
A=A=a==A==a====C=b===D=d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 11, 102, A=A=a=A==a=====D==b====B====a==B==e=====A=a=a
A=A==a==A==a==C==a==C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 10, 18, A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b==A===b==A=a=a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 13, 102, A=A=a=A==a=====D==b====B====a==B==e=====A=a=a
Accuracy: 0.004545454545454545

++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 217

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 389

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 229

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 403

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 182

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 397

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 242

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 487

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 222

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 431
```

```
Final centroids: ['A=A==a=A==a==B==a=A==b====A==a=A==a=A=a==A====a==C==a==A===a===C====c==A==c==A==a=Aa==a'
 'A=A==a==A=a==A==a==A==a===A==a==A==a=Aa==A===a====B===a==A===a==D===d==A=a==A==a=A=b==a'
 'A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b=A==b=A==b==a'
 'A=B====a==C===c======D==c=A=c==Aa=a'
 'A===B=====a===A===a====D===c==A==c===A==a=a'
 'A=B==a==B=a=C====c======C==e====a'
 'A=C==a==C==a=A==b=A=a=A==c==A==b===a' 'A=C==a=C==c==A==a=A=c==a'
 'A=B=a===B=a=C===c=====B===d===a' 'A==A==a===E==d===A=a==A==b=a'
 'A====C======a===C===a=A=====e======a' 'A========E==d===A==b==A==aa'
 'AA=a===B==a=A=a===D==d=====Aa==D===e==Aa=Aa=a'
 'A====D==aA=a==B====d===B==b=A=a=A==A===b==A==b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 8, 133, A==A==a====E==d===A=a==A==b=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 10, 133, A==A==a====E==d===A=a==A==b=a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 7, 172, A========E==d===A==b==A==aa
A=A===a===E==e======A==a=a, 156, 6, 172, A========E==d===A==b==A==aa
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 5, 172, A========E==d===A==b==A==aa
Accuracy: 0.004545454545454545
```

++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 246

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 409

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 229

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 368

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 211

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 430

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 207

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 357

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 194

```
Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 330
Final centroids: ['A==A==aA==a==A==a=A==a====A==a===A==a=A=a===A===a===C===a=A==a===C==c==A==c===A=a====a'
  'A====C===aA=a=A==b=====D=======e======A===a==a'
  'B=B=a======C=====c=====B=====d==a'
  'A=Aa==A==a====B===b=======Ca=C===e=========Aa=A=a=a'
  'A=A==a=A=a=Aa========D===b===A==b====B==a==A==b====B==a=C===e=========A==a=a'
  'A==A=a===B===aA=a====A==b========E======e====A===a=a'
  'A=B==a=A=a====D===c====C====e==a'
  'A======D===b=====A===c========E==aA==d==A====b=a'
  'A====E===d===A==a=A==b=a'
  'A=====E==c===A==a==A=a=A===c=====E===e====E====d===A===b===Aa=a'
  'A=Aa==B====a==B==c=====D==aB===d==Ab=====A==a=a'
  'AAa===B==a===B==a===C===a=A==d==A=b====a' 'A===Aa==E==e===A==a=A=a=a'
  'AA=a====D=======a=Aa==B====a====A===a===Aa==A====a===A==aA=b=A==d==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 11, 129, A=B==a==A=a====D===c====C====e===a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 7, 129, A=B==a==A=a====D===c====C====e===a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 10, 169, B=B=a======C=====c=====B=====d==a
A===B==a===D==e====Aa===A==a==a, 62, 10, 79, A===Aa==E==e===A==a=A=a=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b==a, 51, 9, 129, A=B==a==A=a====D===c====C====e===a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 216


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 315


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 183


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 303


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 199


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 398


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 232


Iteration 8
```

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 351

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 180

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 308
Final centroids: ['A=Aa=B==a=Ba==C==c===Aa==A==c===A==a=a' 'B=D=====b===B=b=Ab====aA==b=a'
 'A=Aa===E==e===A===a==A=a=a'
 'B=B=a=A==a=A=a====C==a=A====c=Aa===A==a===A====a==A===b===A==b=a'
 'A=AaA==a====C=aB===d===B=====b====A==a======D=====c===D===e====A==a=====a'
 'A=B====a===D==d==Aa=A===b===a' 'A===E===a==A===c====A=====c==a'
 'A=====D====a======B====d=========B===c=a'
 'A=B=aB==a=A==a=Aa=A=a====B===a===B==c==A=c====a'
 'A==B====a==Aa====B===c====C===b====D===e===A=a=A=a=a'
 'Ba======E====e=====A=a=a'
 'A=====C====a==A=a==A=a=A=b======D===d=====C====c===A==aA==b=a'
 'A=A==a===C===c======A==a=====C====c===A==a=========E====d===Ab==Aa==a'
 'A==A=a===C==a=====A=a==A=a====C=====b==A=c===A==a==A==b==A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a===B=====a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 28, 56, A=A==a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a===D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 90, A=AaA==a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 90, A=AaA==a=
A=A==a=A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a==a=A=a====C==a==A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 27, 56, A=A==a==
A==A===a==A==a==B=a=B==b==B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 29, 56, A=A==a=
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 191

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 407

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 240

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 399

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 226

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 400
```

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 251

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 347

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 212

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 333
Final centroids: ['AA==a==A====a=======E====aA=c=====A===b===A===b==A===a===A==a=a'
 'A=Aa==B==a===D==d==B==c=====B==a==A==b=====a'
 'A=A=a==B=a=D===b==B===d====C==a=A===d=======a'
 'B=A==a===B=a=A==a===C===d====B===a==A====c===A=a=a'
 'B=B==a=Aa===C==c======a=A==b=a'
 'A====C===b=======A===b=Aa===E==d====D==e=====AaA==a=a'
 'A==C==aA===a=A=a===A==a=A=a==C======b==A==b==A==a=A==b=A=b=a'
 'A===A=a===B==aA==a=Aa=A==b========E=====e=====A====a=a'
 'A=B=a==B===b=====A==a===B=====a==A===a=====C=======d==A=b=a'
 'A==B==A==a=B===b=====C=====e===Aa=a'
 'A===E======a==A=====c=====C====b===B=======e=======a'
 'A====A=====a====E==c==A==b=A==b====a'
 'A==B==aA===a====D=c===C===d=====B==b===A==b===A=a=a'
 'A=Aa====E==d=====C===c==A===a====D====b===A==c=====A=a==A==b=A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 13, 170, B=B==a=Aa===C==c======a=A==b=a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 12, 170, A==B==A==a==B===b=====C=====e===Aa=a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 13, 55, A====A=====a====E==c==A==b=A==b====a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 9, 170, B=B==a=Aa===C==c======a=A==b=a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 11, 170, A==B==A==a==B===b=====C=====e===Aa=a
Accuracy: 0.013636363636363636

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 188

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 285

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 225

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 290

Iteration 5
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 188

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 404

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 226

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 428

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 234

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 424
Final centroids: ['A===E====a==A===a=A====b==B====c====C===b==A====d===a'
 'A=A=a=====D==a==B==c===B===a==A==a==A==a=A==a==A====b==A=b==b'
 'A=B==a=A==a=A===a=B==b==Aa=A==a==A=a=====A====a===C==a====A==b====C====c==A=a==A===c==A=a-a'
 'A======C=====a=A==b====D==========e===Aa=A==a-a'
 'A====D=aB===c==C===d======D===c===B==c==Ab=====a'
 'A======C==a=Aa=A==c=========E===e=====A===aa'
 'A========D===b==A=a==A===a===C==aA==a=A==c===A=aA==b====a==a'
 'A=A=a==C==a===A=====a===A=a===C=a=A=a===A==c==A==a=A==c==Aa=a'
 'A==B=a===D===c======C=====e=====a'
 'A=B===a===B===b======B==a===B==b==Aa===C===c======A==a=A==b=A=b==A==a-a'
 'AA==a==B=a==D===d======C===d=a'
 'A=A=a=A====a=A==a=A=========C=====a==A==b===Aa=C===d=====B==a===C==d===A==a=====A==b=a'
 'A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a-a'
 'AA==a===D==c======D===d===A=a=A==a=b']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 13, 133, A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a=a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 79, A====D=aB===c==C===d======D===c===B==c==Ab=====a
A=B======a====A==a==B====b====D====e======Aa=a, 93, 13, 112, A======C=====a==A==b====D==========e====Aa=A==a
A==E========b==A==a====B====b===A=====d========a, 132, 13, 152, A===E====a==A===a=A====b==B====c====C===b==A==
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 112, A======C=====a==A==b====D==========e====Aa=A==
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 10


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 278


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 407


Iteration 3
Found centroids not unique
```

```
Terminal measure: Et = 269

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 475

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 278

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 433

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 261

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 332

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 208

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 375
Final centroids: ['A=B=a==D==d===A====a=A=a=b'
 'Ba=A=a==A=a=A=a=A=a==A==a===B=====a==A==a==A=a====D==e============A==a===D==d====B==b====A===a==a'
 'A====D===c========B====c=====E====e===D===c===A===b====a'
 'A=====C==a===A==a===C===aA=======e===a'
 'A=====C===a=A===b===C=a=B===c=Ac======A=a==a' 'A====E==d===A==a==A==b=a'
 'A===B====a=====D===c==Aa=A==c=====a' 'A=C==a===C===d=====A===b=a'
 'A====B===A=a=A==a==A==a===A==a==Aa=A==a=====C===c=====B===b===A===c======a'
 'A=======C===a===A==b=====A=a==D===e===========A==a=a'
 'A=====E===c====A===c=====C==a==B==c==A=b==A==aA=a=a'
 'A==A=a===D==aA=a=A=a====B===a===A===a==A=aA==a=A=a===AaA===b=A===d=a'
 'A==B==a==B==a==C===d=======D===c==B==b=A=c===A=b'
 'A===D===b===Aa==BaB==d===D==c===C====d==A==b=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 12, 153, A===B====a=====D===c==Aa=A==c====a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 12, 85, A=====C==a===A==a===C===aA=======e===a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 12, 85, A=====C==a===A==a===C===aA=======e===a
A=====D====a=====B====d====A=====b==a, 107, 10, 153, A===B====a=====D===c==Aa=A==c====a
A=A=a===D===a===B=====c====A======c=a, 109, 11, 153, A===B====a=====D===c==Aa=A==c====a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.007727272727272727
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 17


Fold 1


Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 282

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 428

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 261

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 449

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 200

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 393

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 242

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 380

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 209

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 393
Final centroids: ['AA=a====B==a==A==b========E====e==========A=a==A=a=a'
 'A=A=a==B==a==B==a=A=====a==A=====a=A=a==A=a=A=a=A=a==C====a==A==a===A==aA=c===A=c==A==a=A=a=a'
 'A=A=a==B=a==A===b========E====e=======A==a=a'
 'A==E==a==A==d===A=b==A=a=a' 'B==B==a====C===d========B===c===A==a=a'
 'A=B===a==A==a=B==a===C==d====B==b==A=a===a=A=a==a'
 'A=====E====a=Aa=A===e======a'
 'A=Aa===C==a==B==b==C=d=====C==c====A==b=A=a=a'
 'A========E==e=======A==a=a'
 'A======D===c======B==a==A=a=AaA=a==B==a==B==a=A==c=A=c====a'
 'A==A==a=A==a===E==a=A==c==A=c=====a'
 'AA==a===C===a===A=a===C===b==A=c=A==b==a'
 'A=A==a==C=a=C===d======C===d===a'
 'A=A=a=====D==a==B==c===B===a==A==a==A=a=A==a==A====b==A=b==b'
 'A=A=a=Aa=====E==d===A=a=B==c===a'
 'A==E===c===A===a====C===a=A===c==A=c==a'
 'A==E=======b=====A==b====C=====b==B=====d==Ab====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 30, 40, A=A=a==B==a==
A=A==a====D====c=======B====a==C=aA===c===A===c=========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 29, 40, A=A=a==B==a==
A=B==a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 31, 79, A======D===c====
```

```
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b========C===a==A===d=====A==a==a, 46, 30, 40, A=A=a==B==a===B=
A===B==a==C=======b=====B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a==A===c===A===b==a, 52, 29, 40, A=A=a==B==a===B==
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 234

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 552

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 308

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 462

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 246

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 458

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 215

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 399

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 234

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 407
Final centroids: ['AA=a=====D===a=A=a==A==b=====B==a====B===d=====A===b==A=a=a'
 'A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e======a'
 'A=AaA=a===E==d====A=a====aa' 'A=====B=a==B==a======C==d=======A==b==a'
 'A=Aa=B=a=C===b====C==b=A=d==A=aa' 'A=B==a=======D===b=======B===e=a'
 'A=A==a====D======b=====C==e====a'
 'A=A=a===C===c=======E=====c====Aa=A===b===B====aA=c=====Aa==a'
 'A===C=a=B=====b=====C===e========a'
 'A======D==a======B====d===A==a=A===b=a'
 'AA=a=Aa==Aa===E===e==A=a==A=a=A=aa'
 'AA=a====D======a=Aa==B====a====A===a===Aa==A====a===A==aA=b=A==d==a'
 'A=====C====a===C==c===A=a=A==c=====a'
```

```
 'A=A==aA=====a=====E========c=====B====c==C=====b==A==c===A=a=a'
 'A====D==b==A=a===B====c==C===c====D==d===A==b==A=aa'
 'A=A=a==B===a====D===d======B==c===A=a=a'
 'B=A=a=A==a==Aa==B==a=A===a====C===c====C==d===A====b==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b========D=d======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 40, 76, A=.
A=A=a=Aa==B====a==A=aAa==B=====a==A==a===A==a=A=a=A==b=====B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 33, 140, AA=.
A====B==a=A==a=A==a==C=====a==A===b=====Aa==C====d======B=====a==B===c===B==aA===b=A=b==a, 153, 38, 140, AA=.
A==B==aA==a=A==a====B===a==B====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 35, 76, A=A=.
A===B======a==A====a=A=a==B=====a====A==b=====B====b=======C===a==B==c===B==b=A====c==a, 152, 35, 140, AA=.
Accuracy: 0.0136363636363636363636
```

```
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Fold 3
```

```
Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 290
```

```
Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 467
```

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 296
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 483
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 284
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 436
```

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 285
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 465
```

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 270
```

```
Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 505
Final centroids: ['A=C===a===C==d==A=a=A====b=a'
 'A====E=====b=======A=aA=a===B=====a===A===a=A====e=====a'
 'A=A=a===E====d=A=b==A=a=a' 'A=C==a==C==a=A==b==A=a=A==c==A==b===a'
```

```
 'AA=a==A=a=A=a======D====a==A==b====Aa=C===c======B=a==B==c===A==b===A===b=a'
 'A=A=a====A==a=========D===b=A==b===B=a===C==d=====A==a=C==d===A===a===A==a=a'
 'A=====D===c===Aa===A==a=A=a======D===e=====D===d==A===a==A=a=a'
 'A=B==a==A===b=====A==a===D=aB==d===A=a======A=a=A==b==Aa=A=a=a'
 'A=Aa=======E===b======B==b=====B==a=A=a=A===c===B======c==A=b==a'
 'A=Aa====C===a==B==c=====A==a======D=====a=A==d======B===c=====a'
 'A=A=====a===B=a=A==b===A==a==A==a===A===a====D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
 'A====D===a==A==a==Aa==A=b======C=====c===C=====d=Aa==A==b==a'
 'A=A=a==D===b===B=a==B===d===A==a==A==b=a'
 'A===A====a==A==a=A==a=A===a==A==a=Aa===E===e===A==a===a'
 'AAa====E==d===A===b==A=aa'  'A=A==a====E==d========A=b=a'
 'A==B=a=B=a==B===a==A===a==A=aA=====a===B===c=A==c====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 8, 48, A=C===a===C==d==A=a=A====b=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 6, 21, A=A=a===E====d=A=b==A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 4, 21, A=A=a===E====d=A=b==A=a=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 6, 21, A=A=a===E====d=A=b==A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 8, 21, A=A=a===E====d=A=b==A=a=a
Accuracy: 0.013636363636363636
```

++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 292

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 433

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 250

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 474

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 273

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 472

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 144

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 455

Iteration 9
Found centroids not unique

```
Terminal measure: Et = 231

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 356
Final centroids: ['AA==a=======E==c=A=b====B===c==a' 'A==A==a=======E===c====C====e==a'
 'A====E===d===A=a=====C==d======D==d=====C===b===A==b====a'
 'B=====D===d==Aa=Aa=A==b=a'
 'A=B==a==B==b=======C==a==B==b===A====b==A=====a=A====b==A=b==a'
 'A==A===a===E===c=Ab====A==aA=b=a'
 'A===D===b===Aa==BaB===d====D==c===C====d==A==b=====a'
 'A====C===b=====A===a===B==c=======E===e======E===d===A===b===Aa=a'
 'A==A=a===B===aA=a====A==b========E=======e====A===a=a'
 'A=A==a=A=a=Aa========D===b===A==b====B==a==A==b====B==a=C===e=========A==a=a'
 'AA==a===A===a=Aa====A===a===E=====d==A==b========B=a==A==b=====A=a=a'
 'A=A=a==C==a==B=a=B==b=A=b==A==c==A==a=a' 'A==B=a===D==d===A==a=A=b==a'
 'A=Aa====B==a===A====b=====C=a=C====e========A==a==a'
 'A=Aa===E==e===A==a===A==aa'
 'A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b==A==b=A==b==a'
 'B=A==a===C=====c=======B==a===C=====b===A==b=========B==a==A==d=====A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b=A==b=a, 131, 9, 171, A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b==A==b=A==b==
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a=A==c===Aa=a, 18, 16, 171, A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b==A==b=A==b==
A=A=a==A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 16, 171, A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b==A==b=A==b==a
A=A==a==A==a==C==a=C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 14, 171, A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b==A==b=A==b==a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a==A==c====Aa=a, 58, 15, 43, A==A=a===B===aA=a====A==b========E======e====A===
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 262

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 343

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 252

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 465

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 245

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 416

Iteration 7
Found centroids not unique
```

```
Terminal measure: Et = 252

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 471

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 255

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 472
Final centroids: ['A=Aa===C==aAa===B==a==B====b==A==c===A===b==a'
 'A==Aa=B==a==B====b=====D===e========a'
 'AA=a==A===a======C=a=C==c=====B==b===A==aA==c=====A=a=a'
 'A==C=a=A=a==A==a=A=====b==A==b==A=a=B==a=A==a====C====a==Aa===B===a==A==b=A==d===a'
 'A==C==a==Aa===C=====c====A===c=a'
 'A==B=a==C===a=A===a==B=a=Aa==A==a==A=a=A==b====A===aA==d==a'
 'AAa==C===a=A=a==C==c=Ab====B===c===A==a=a' 'A=A=a===E===d==A==b======a'
 'A=Aa==B====a===A====b=========E===e========A===aAa=a'
 'A==B==a==B===a===C===b=A==a==A==c==A==b=a'
 'A=A=a===B=a=======D==c==A=a===A===c==Aa==a'
 'A=====B=a=B===a==A==a=Aa===A===a===C==a=A=a==A==c=====Aa=A==c==A=a===a'
 'A====A=a===E====d==A=a=A===b=a'
 'A=Aa===C==aA==a==A==b====B=a=C===e=========A===a=a'
 'A=A==aA=a===A==a=====D===a=A==d======E==aA==e========C=a==C==e====A==a====A==a=a'
 'A=A=a=A====a=B==a====C===a=A==b===B=a===B=d=====B==a=B==c===B==b==A===b==a'
 'A===A==a===A==a==A==a====A==a=A=a===A=a=A==a=====C==a=A==b===D===d==A=a==A=b===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 8, 33, A=A=a===E===d==A==b======a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 9, 158, A====A=a===E===d==A=a==A===b=a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 7, 33, A=A=a===E===d==A==b======a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 8, 33, A=A=a===E===d==A==b======a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 6, 158, A====A=a===E====d==A=a==A===b=a
Accuracy: 0.004545454545454545

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 314

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 426

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 250

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 350

Iteration 5
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 233

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 424

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 307

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 426

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 261

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 403
Final centroids: ['A=B=aB=a==C==d===C==b===C====c======B=a=A==d=====A=aa'
 'BA=a====C=====a==A=a==A==b===B===a===B=====c====A==b===A=a=b'
 'A=A=a===B===a======B=aA===b====B==c==Aa==A==a=A==a=======C===a==C==d===A==a===A==b=a'
 'A=Aa==B==a=C=a=B=c===A==a==B==d======A=aa'
 'A==A=a==C====a=A====c========E====e=====A==a=a'
 'A====C=a=B===b====B===d======E======e===A===a=a'
 'A==D===a=A==a==A==b====C====b===B====e====A=a=a'
 'A==D======a===A==c======D====c==A===c====A=a=a'
 'A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a' 'BA==a=====D==e===A=a=A===a=a'
 'A=B==a==C=====b====A===a==B==a==A=a=A=====b======C==a=A==d===A=b==a'
 'A=A=a====B===a======A==a===C=a=B=c=A===b=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A=A=a===C====a=====A===c========E========e===A=aA=a=a'
 'A==B==a==B=====a===A=a=Aa==B=====a===B===d===A=b====a'
 'A=A=a==A==a==A=a==B===b====B===a=AaA=a=A==a=Aa==C===a=A==b===C===b==A=d======A=a=a'
 'A==A=a==B=a=A=a=A=b=========E===e========Aa=A==a=a'
 'AA==a==B==a==B==b======D===bA=d====Aa==A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 11, 4, A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 10, 98, BA==a=====D==e===A=a=A===a=a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 13, 4, A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a
A===B===a===D==e===Aa===A==a=a, 62, 9, 98, BA==a=====D==e===A=a=A===a=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 8, 98, BA==a=====D==e===A=a=A===a=a
Accuracy: 0.01818181818181818


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 314


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 531
```

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 279


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 415


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 238


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 506


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 252


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 596


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 279


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 430
Final centroids: ['AA=a===E=====a=Aa=A=a=A===b======B===a=A=a=A===a=A=b==B===aA==d=Ab==a'
 'A=Aa===C===a=A===c=====E======e=====Aa=A==a==a'
 'A=A=a==A==a===B==a=D===c===B=====b==A==c==Aa=a'
 'A=A=a=B==a====B==a=A==a=Aa=A======a==C===e=======Aa=a'
 'A==A===a==A=======a===A=a===C====b===B==c===A==a======C==c=======B===a===D==e=====A==a=====A====a=a'
 'A=A=aA==a==E===e=========A==a=a'
 'A==C===a==C=====aA==b===B===a==A=====c===A==a=A===a===C======a==A===b=A====d=a'
 'A=C=====aA==a====C======a==A===a==A===a==A=====a=A=aA=====d=b'
 'A=B===a==D==d======C====d===Aa=a'
 'AA==a==A=====a=======E=====aA=c=====A===b===A===b==A==a===A==a=a'
 'B==D====b==B===c======A=====b=b'
 'A===C=====a===A=====aA==b===D===d===C===b===A=c=====a'
 'A=A=a==B=====a=B==a===C===a=A==c==A=c=a'
 'A===C=====a==A=====a===A==a=====C==b=====B===c==A===c==a'
 'A==B===a==B==a=A==b===A==a=A=a==AaA=a=====C==a=Aa===B===a=A==c=A=c=====a'
 'A=Aa=Aa=A=a=====C==b===D==d======A==a===B===c===A=a=a'
 'A======E===c==Aa===A=a=A==b====D===d===D===d===A==b===Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a===B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 26, 146, A==C==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a=Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 146, A==C===a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a=Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 146, A==C===a
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A==a==A=a=A=a====C==a==A==a==C=d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 25, 111, A==B===
A==A===a==A==a=B==a=B=b===B===b==A=a=A=a==A==a==C=======b=C====c=A==b=A=b===Aa==a, 159, 26, 146, A==C===
Accuracy: 0.0136363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 8
```

```
Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 291

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 406

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 347

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 395

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 359

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 401

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 284

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 521

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 334

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 488
Final centroids: ['A=A====a====E==d====A=a====A=a=b'
 'A==B==a==A=a==C==a==B==d===A==a==A===b===A==aa'
 'A=C==a=C==c==A==a=A=c==a' 'A=Aa==C==a=A==aA==a===C====e====A=a=a'
 'A=A=a=====C=====a===C====e==A=a=a'
 'A=====C====a==A=a==A=a=A=b======D===d=====C====c===A==aA==b=a'
 'A=B==a==B==a==A===b===D===c====B==a==A=======d====a'
 'A=B===a==A==a==D==d=====D==d======C==b===A===c====A=a=a'
 'A=A=a====C===c=======A==a===C=aC==d===A==b=========D======d=======Ab'
 'A====D====a===B=aA==c=====A======c=a'
 'A=A====B==a===B===d=====C==a=C==e=========A==a=a'
 'A=B=====a==D==d======A==b==a'
 'B=C===a=A==b==B==b=====B=====b==C==c==A=c==A=aa'
 'A=A=a=Aa===B==a=A===a====B====b====D=d=======a=a'
 'A====A====a====E===d====A==aA=b=====a'
 'A=A=aA==a==B=a==B==b===A=a=A==a=====A==a===C======b===C==c==A=b=A=b=A=a=a'
 'A==B=aA==a====D===d=A==a=A===b===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 136, A=A====a====E==d====A=a====A=a=b
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 9, 48, A=A=a=====C=====a===C====e==A=a=a
```

```
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 10, 48, A=A=a====C=====a===C====e==A=a=a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 11, 131, A=B=====a==D==d=====A==b==a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 10, 110, A====D====a===B=aA==c=====A======c=a
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 270

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 430

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 345

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 377

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 266

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 495

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 374

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 478

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 359

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 383
Final centroids: ['A===B=a=C==b====A=a=C===d====A=a====a=a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A=a==Aa===B=====a==C===e==Aa====a'
 'AA=a===B==a====A==a===D===b=A=d=====Aa=a'
 'A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=a'
 'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a'
 'A=A=a===C==a=Ab=====A===a===C=a==B==c==A====b======C==a==A===d===A=a==a'
 'A=A=a===B==a====A==a=========C===a==B===d===A=b==Aa=a'
 'A=Aa==E==d==A===b==A==a=a' 'B=B==a===C===c====A=====c==a'
 'A===A=a===E==e========A==aa' 'A=A==a===C====aA==b=====D==c==Ac=Aa==a'
 'A=A=a==Aa===E=====d=======A==ab' 'A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a'
```

```
  'A=A=a==B===a===A==a===D===b==A===c==A==b==a'
  'AA==a===B==a====D==c=====A==c===A==a=a'
  'A==A==a===C===b======B=a===B====b===C====c===B===a=A==d======A=a==a'
  'A===B==a===D==c===a===D=====e===Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b==A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 14, 174, A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 16, 174, A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=
A=B======a====A==a===B====b====D====e======Aa==a, 93, 12, 174, A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=
A==E=======b==A==a====B==b===A===d========a, 132, 13, 69, A=A=a===B==a====A==a========C===a==B===d===A=b
A===D==aA==b===B=b======C===c===B==aA=d===Aa=a, 151, 16, 79, A===B=a=C==b====A=a=C===d====A=a====a=a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 293

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 450

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 279

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 460

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 240

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 376

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 275

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 385

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 261

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 448
Final centroids: ['AA==a====C====c======B===a===D====c===A===b=======C=a=A====d===A==a=a'
  'A=A=a======E=====c====B====d=a'
  'A=====C=====a====A=a===B=a==B===b=Ac====A===b==a'
```

```
 'A=A=a==D==b==A==a====A==a=A==a====C==a==A=b==A====c==A==a==A==b==A=aa'
 'A=A====a==A=a====B=a===C===b===A==c========E===e=======A===a==C==c===A====a==A====a==a'
 'A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=a'
 'A=====B=a=B==a===A==a===B==b====B==a==A==a==B==c====A=====b=Aa=b'
 'A====C==b===A==a===D==e=====C===c===C===b==A=b======a'
 'A=======D===b===A===a===A==a==C===aA==a=A==c=======B==d======a'
 'A=A=a==A=a===A=a=A=====a===B====a==Aa=A=a===A==a===C==a==A=b===C==d===A=a==A=b==Aa=a'
 'A====E===a=A==b==A=a=A==d===a'
 'A=Aa=B=a=B====a==A==b===C=a==B===aA==d=====a=A==aa'
 'A=A==a====C=a==BaB===b=A=aAa==A===d===Aa===a'
 'A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a'
 'A=A===a==A===a==A=====C=====b====A==b========D=====d======B===a==C===d===A==b===A=====a=a'
 'A=A==a===E===e========A==aa' 'A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 11, 7, A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a
BA=a===C==a==A=a==B=d===A=a===A=b=a, 65, 11, 7, A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 13, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
A=====D====a=====B====d===A====b==a, 107, 11, 7, A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 10, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.009545454545454546
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 20

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 323

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 526

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 313

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 533

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 284

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 485

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 285
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 516

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 300

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 545
Final centroids: ['A===B=a=B====a==B==d========E====e====A==a=a'
  'A==A======a==A==a==C==c======B==b==A==a==A==a==A==a===B===a==A===b===E====c==A==c==A==a==A=a=a'
  'A=A=a=A===a===E===c=A==b=A=b====a'
  'Ba==C==aa=Aa===C==aB===a=A=a===A==d===A=b==a'
  'A==A==aA==a===B===a==A==b====A===a=Aa=====A==a======D===aA==b====C===c=A==b==A===b=====a'
  'Ba=====C==a===A==a====C==a=A==e====A==a=a' 'A==A=a===E===e======Aa==a'
  'A=A=a==B===a===A==a===D===b==A===c==A==b==a'
  'A=A=a==C======a==A==aA====a====C======b=A==b==A=a==A===c=====a'
  'A====B===a==A==a==A===b====B==b==A==a===A=aA===a====D=====b======C===c===A=a=A===c====a'
  'A==A===a==A==a===B=a=C====b=A==b==A=a=Aa==C===d========C==a==C==d===A==b====A==a=a'
  'AA=a======C==a=C==e===A=a====B======b==A==a====A==aA==a===a'
  'A==A=a===E===d===A=a=A=a=b'
  'A=====D===c==Aa==A==a=A==b====E===e====D===d==Aa=A==a==a'
  'A=====B=====a=A===b=====Ba===D=d==A=b==Aa==A=a=a'
  'A=B=a===C===b====C====e=======a'
  'A======E=====aA=b===A===a===A===a==AaA===a==Aa==A=====c=A=b=a'
  'A=B=a==A==a======C=a=A===a====B==a=A==aA=bA=c==A=b=a'
  'AA=a====E==e==A==a==A==aa' 'A=Aa==A=a===E==e=====A=a==A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 31, 180, A=A=a==C=====
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c=========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 26, 33, A====B===a==A==
A=B=a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 26, 33, A====B===a==A==a
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b========C===a==A===d=====A==a==a, 46, 25, 174, A==A===a==A==a=
A===B==a=C=======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b==a, 52, 26, 33, A====B===a==A==a=
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 305

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 462

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 297

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 523
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 314

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 557

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 313

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 545

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 269

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 521
Final centroids: ['A=A=a===B==a=Aa==A==b=======E=====e===A===a=a'
  'A=A=a=A===a===========E====d====B==b===B===b=A==b====A=a=a'
  'A===B===a==Aa====C====d====D===c===D===d==A==b====a'
  'A======B====a===D==d==A=b===A==a=Aa===B====b===A=a==A=aA==a==a'
  'A=A=======a=A==a===A==a===B=====a===A==b===A=a===B=a=A==b=======B===a===D==e===A====a===A====a==a'
  'A======E===c===B===b=Aa=A==a===C==a==A==a=A==d====A==a=D==e===Aa=a'
  'A====B==a==A==a===B==b=======D==e====E====d==A==b==Aa=a'
  'A=B===a=A==a=======C==a==A=a==Aa==B===c=====A==a=A=a=A===c====a'
  'A=Aa====D==a=B===c==B==c=====B==a==Aa==B==c======A===b=Aa=a'
  'A=======E==e======A==a=a'
  'A==C===a==B===c======D==a=A====aA=a==A===b==A====a==A====b==A===c=a'
  'A=======E====e====A=aa'
  'A===B===a==Aa=====C==d=====E==d====D==d===A==b====a'
  'A==D====a==B==c======A===c===a' 'A======E====e===A=a=a'
  'A==B==a=A==a===A==a=====D===d====B==a=A=c=======a'
  'A=B===a=======D===aAa==A====e===a'
  'A=B==a==C====b======A==a==B==a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
  'A==B=a=B==a==B==a==A=====c==B==b=A==a==A=a==A===a====C====aA==a==B====b==A===b=A=c===Aa==a'
  'A====E======d==A=b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 28, 130, A
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b==A===b==a, 40, 27, 130, A=A
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A==b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 27, 130, A=
A==B==aA==a=A==a===B===a==B=====a==A=====c======C====b=====C===a=A====b==B===c====A===c=a, 146, 27, 130, A=A
A===B======a==A====a=A=a==B=====a====A==b=====B====b=======C===a==B===c==B===b==A====c==a, 152, 23, 130, A=A
Accuracy: 0.013636363636363636

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 312
```

```
Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 472

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 274

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 530

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 276

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 453

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 333

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 528

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 364

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 501
Final centroids: ['A===D===aA===b===B==b===A=a==C===c===A===b=A=b==A=a==a'
 'A====D===c=========B====c=====E====e====D===c===A===b====a'
 'A=A=a===E===e=====Aa=a' 'A====B=a=A==a====D==c=A=b=A==b====a'
 'A=B==a==C====b=B===bAb====D==a=A==d===A===b==a'
 'A=A=a==B=a==CaB===c======A==c==A=a==a'
 'A=======D===a=A==b===C===b====A=aA==a==A==b====B==b=A==c==a'
 'A===C==aA==a=A==a=B===a==B===b====A===c==A===b==a'
 'A==B==a==C==aA=c=====D======e====a'
 'A=B===a=A=a==B===a=A=====aAa==A=====a===C==c===A=b=A=b=a'
 'A======D===a===A==a==B=====a==A==b==A=d====a'
 'A===D==a==B==d===A=====b=a'
 'A=Aa=C==a=B==b==B==d======E====d====C===b=A=c====Aa==a'
 'A=Aa=A=a===E===d==A=a==A==b=a'
 'A==B==a=B===c========E=====a==A==a===A==b===A===a==A==c==A===b==a'
 'A=====B=a=B==a===A==a===B==b====B==a==A==a==B==c====A=====b=Aa=b'
 'A=B=a=A==a===B=a===A==a===C===b====B=d====A=b===a'
 'AA=a=====D==aA=b===B==d========E==aA==e===A====a=a'
 'A====A==a====E====e=====A==a=====a'
 'A=B=a===B==a==A==c========D===b===C===cAc==A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 6, 61, A===D==a==B==d===A=====b=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 6, 95, A=A=a===E===e=====Aa=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 5, 95, A=A=a===E===e=====Aa=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 5, 95, A=A=a===E===e=====Aa=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 7, 95, A=A=a===E===e=====Aa=a
```

```
Accuracy: 0.00909090909090909
```

++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 305

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 556

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 394

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 530

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 293

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 708

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 494

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 542

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 328

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 568
Final centroids: ['A======B===a==A===b=====Ba=D===c==A=c====A===a=a'
 'A======C===a==A====b===D=========e========A==a=a'
 'A=A=====a=====E===d==A======b====a'
 'A==A====a=A==a========DaB====b=A==c========D====d=======C==a==B===c==A===b====A===b===a'
 'AAa===B==a===B==a===C===a=A==d==A=b====a'
 'AA=a===E===c===B=a==A==d=======A==a=A=a=a'
 'A====A===a==A=====a===B==a=Ba=C====b==A===c===A==a===C===d=======Aa=B=a==C===d====A====a=====A====a==a'
 'A=Aa=====D====b=====C===d====A==a=A==b=a'
 'A===C=====b=====D==a=A===b====A==a=A===b=A=b==A=b==a'
 'A===E====a==A===a=A====b==B====c====C===b==A====d===a'
 'A======C===a====C===c==B==a====B====a====A===b====A=====d=====a'
 'A====C==a=B====b======C====e======a'
 'A=A==a=A===a====B==a===D==d=====A===a==A===b====A=a=a'
```

```
'A=Aa===B====a===D==e=========E=====e=====A==a=a'
'A=======E==e=====Aa==A===aa' 'A=A=====a===E===e====A=a==A==aa'
'A=C==a==B==a=A===d========E===c===C==bA=d======a'
'A====C===a===C==b==B===c=====A==a==A==b==A=b=a'
'A=D=====a===A==c=====D=====b==A======d===A=a=a'
'A==B=====a==A=a==B==c=====A=a==A=a==Aa=Aa=A===a===C==a=A==b===D====c==B===c=Ab======a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 9, 78, A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b==A=b=a
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 12, 119, A=A==a=A===a====B==a===D==d=====A===a==A===b===
A=A=a==A==a====C=b===D=d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 13, 80, A======C===a==A====b===D=======e=======A==a=a
A=A==a=A==a==C==a=C===c==B===b==A=b==A=b=a, 35, 13, 78, A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b==A=b=a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a==A==c====Aa=a, 58, 11, 78, A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b==A=b=a
Accuracy: 0.004545454545454545

+++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 353

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 513

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 259

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 542

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 329

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 590

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 314

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 598

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 310

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 549
Final centroids: ['A=B==a==C===b==Aa====A===a==C==c==A=a=A==a=A==a==Aa==B=a=A===c=====A==b=a'

```
 'A=Aa===C==a===C=====d=======B==c=======a'
 'Ba======E===e=========B===a==B===b==B==b===A===b===A=a===D===a==Aa=A==d====A==a=a'
 'A=A=a===D===b===A==c=========E======e====A==a=a'
 'A=B=====a=====A==a====D==b=A==d===A==a=a'
 'A===A==a===========E====b===A==b====B==a==B===c=====B==a==B==c===A==b===A===b=a'
 'B=B=aA==a=A==a=A=a=A==a==B==a=A=b===C===d==A=b==Aa=a'
 'A======B==a=A==a==A====b======Ba==D===d====A==b=====a'
 'A=A==a===E===e========A==aa'
 'A=Aa====C===a====B==d========E=======e======A=a=a'
 'A=A=a===C====b=======C=a=B===c===Aa===B===c====B==b=A==a==a==A==a===a'
 'A====D==b===A=a====C=c====C===d===D===d===A==bAa==a'
 'A=B==a=B==a=B=aA=b====C===e===a'
 'A===A=a===A==A=a==A=a===D===b==A=b==A=aAa===C==d======A===a==D==e====A==a===A===a=a'
 'A=====D===c=====C==c====A=a======D==aA==b===A==c===A=a==B===c====a'
 'A=Aa==C==a====C===b=A=b==A==c==A==a=a'
 'A===A=a==B===a===A==b=======E====e=======A===a==a'
 'A==B==a=A===a===B===b===D===e====A===a==A==a=Aa=A==a==a'
 'A=C==a=A==b===A===a=====C===b===C==c=Ac===Aa==a'
 'A=B==a=A=a====C=a==B==e===B===b==A===a==A=aa']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 6, 35, A=A==a===E===e=======A==aa
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 12, 35, A=A==a===E===e=======A==aa
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 5, 35, A=A==a===E===e=======A==aa
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 4, 35, A=A==a===E===e=======A==aa
A===A=a===E==e===A=a=A==aa, 160, 5, 35, A=A==a===E===e=======A==aa
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 257


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 488


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 292


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 381


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 283


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 575


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 327
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 533


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 291


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 561
Final centroids: ['A=C==a===C=====d===A==b=a' 'A=A==a=A===a===E===d===A==a=A==b=====a'
 'A==E==a==A==d===A=b==A=a=a'
 'B=A==a===B=a=A==a===C===d====B===a==A====c===A=a=a'
 'A=C======a==B==a=A=a=A=a==Aa==A==aA==a==B===c=A=c=====a'
 'A=B==a==D===a===A=a==A==b=====A==a==A=a=A==b====A=====b=A=b=a'
 'BA=a==D==d==AA=b====A=ab'
 'A==Aa=====C==b=====B===c=========E=====d======A==b===a'
 'A=Aa====E=====aA=a==A==b===B==a===A=====c=====A======c=====a'
 'A===B======a=Aa==D===c==A===b===A=b==a'
 'A==B=a===D===c=====C=====e=====a' 'A===A=a===E==e====A=a=A=a=a'
 'A=======E==d====A==a==A=c'
 'A==D===a=B=====c=====B==a=A===a=====B======b====B====a=A========e===a'
 'A==B====a===B====aA=a===B===b===C==d===Ab====a'
 'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
 'A==E======a===A==b===B====b===B======e====Aa=a'
 'A=B==a=A==a==A==a=B====a===A==a=A=a=A=a=A=a=Aa===C===aA===b===A===b====A=a====B==d====a'
 'Ba=A==a====E==e==A==a==A=aa'
 'A===A=a===B==aA=a==Aa=A==b========E=====e=====A====a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B=====a==D==d==A=a==A==b=====a, 4, 10, 9, A=A==a=A===a===E===d===A==a=A==b=====a
A=B=a=A=a=A===D==d=====A====b===a, 12, 9, 103, A==B=a===D===c=====C=====e=====a
A=D====a==B===b==Aa=A=====d==a, 53, 11, 61, A===A=a===E==e====A=a=A=a=a
A===B===a===D==e====Aa===A==a==a, 62, 9, 61, A===A=a===E==e====A=a=A=a=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 9, 9, A=A==a=A===a===E===d===A==a=A==b=====a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 298


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 582


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 358


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 618
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 314

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 509

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 297

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 605

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 334

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 484
Final centroids: ['A=A=aA==a==B=a==B==b===A=a=A==a=====A==a===C======b===C==c==A=b=A=b=A=a=a'
 'AA=a=A==a===A==a===C==a=B===b===C==e=====A==aa'
 'AA=a====B=a==C=a=B==c======A===c==Aa==a'
 'A=B=a=D========d===B===b=A=b===a' 'A==A==a=======E===c====C====e==a'
 'A=B==a=A=aa=A==a==C==c=====A==a=A==a==A=a=A==a=Aa===C==a=A===b====D===d===A=a==A==b======a'
 'A==C==a=B==c===C==d=======D====c==D=b=A=d=====a'
 'A=======D===b=A==a===A==aA==a===C=a=A=a===A==c====B======d=====a'
 'A======E==d==C=====c========D===a=A====d====A=a==A=b====a'
 'A=A=a==D===b===B=a=B===d===A==a==A==b=a' 'A==D=aB==c===A==c==Aa===a'
 'A=Aa==C===a==A===b====C=a==B====e=====A=a=Aa=a'
 'A=========E===aA=b==B====b===B===a==A=a=A====c==B=====c==A=b==a'
 'A=Aa====CaB==a===B==b==B==c====C===a===A=a=A===c====C=====e=====a'
 'A==B==a==A=a==C==a=B==d===A==a==A===b===A==aa'
 'A==A====a==A==aA=a=A==========C===c====A==b===A=a====A====a========A===a===E==e====A===a====A====a=a'
 'A==B==a=A=a=C==c=Aa=====D=====e======a'
 'A=B==a===B==b=======C==a=A==a=====B==b===A===b=A===b==A==b=a'
 'A=B==a===B=a=C====b====A=====d==a' 'A==C==a==C===d==A=b==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b==A====a=A=a==B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 28, 25, A=A=aA=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa=A==a===D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 4, A=B==a=A=a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa=A==a===D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 4, A=B==a=A=a
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a==A=a=A=a====C==a=A==a==C=d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 22, 4, A=B==a=A=
A==A===a==A==a==B==a=B==b===B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 24, 25, A=A=aA==
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 8


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 367


Iteration 2
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 457

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 339

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 449

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 314

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 530

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 341

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 532

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 333

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 485
Final centroids: ['A=A==a====B===a=====D==a=A===c===B==d==Aa==a'
 'A===A=a===E==e=======A==a=a'
 'A==D=======a===A==c=======C===b====C===e====Aa===a'
 'A=A=a==C==a==B=a==B====a==A=====cA=c===a'
 'A=A==a==C====b========A==a===D=====d====A==a=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A=Aa=Ba=B===a==B=a==B==d=====A===a=A==b=a'
 'A=A==a=========E===d=======C===d=a' 'A=B=====a==D==d======A==b==a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A===b==A==a=A==a=====B==a=B===aA===a==C===c==A=a=A==c=====a'
 'AA=a=====E===e=======a' 'A=C==a=B=a=B====b====B====e==a'
 'A=Aa=C===a====B=a==B==c===A=a=Aa==A=b=b'
 'A=A==a===C======a=B==a=A==a===B===a===AaA===c==A=====c====A=a=a'
 'A====D==aA==d====C==c=========E===d====D===bA=d=======a'
 'B=Aa==B=a==A==a=Aa=====C==b=A==c=Aab'
 'A=A==a=A=a=Aa========D===b===A==b====B==a==A==b====B==a=C===e=========A==a=a'
 'A==A=======a==========E===d=====A==a=A==aA===b====Aa=a'
 'A====E==d==A===b===A==aa' 'A=A=a=====E=====c====B====d=a'
 'A==B=a==B==a==A==a===C===c===A===a==A===c==A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 9, 73, A=A==a========E===d=======C===d==a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e=a, 100, 8, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 10, 85, A=C==a=B=a=B====b====B====e==a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e=a, 120, 10, 85, A=C==a=B=a=B====b====B====e==a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 271

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 411

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 321

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 441

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 292

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 474

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 353

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 567

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 334

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 495
Final centroids: ['A=A=a===C==b==A=a=Aa=A===a=====D====a==A===c=======A==c===Aa=a'
 'A=A=a===E===d==A==b======a'
 'A=C==a==A=a==C==c=======C===b===B==e======Aa=a'
 'A=A==a==B===b========C==a==C===d====B===b===A====a==A=b==A==a=A=a=a'
 'A=BaC==aA==a==Aa=B===d======A====b==a' 'A=A=a=====E==e====Aa===A==a=a'
 'A=A=a=====E==d==A=a===A=a=b'
 'A=======D=====b====A=b=======D=======d===A==b=a'
 'A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a'
 'A=Aa===B===a===B===b====C=a=B====c=A=c===A=aA==a=a'
 'A==C====a==B==a==A=aA=a==B===b====B==e========a'
 'A=B=a==B===b=====BaB=a=B==c==A=a==B==b===A==a=A==c==Aa==Aa=a'
 'A======E=aA===e=====E======e===a'
 'A===A=a===A=a====C=====a==A==b=====A=a====D==e========A==a=B===b==A===a===A=a=a'
 'A==B=a=B=a==B==a==A====a==A=aA=====a===B===c==A==c====a'
 'A=A=a==B===b===B===b===A=a====E====e===A====a=a'
 'A======C===a==A==b=====Ba=C===e=========A==a=a'
 'A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a']

```
'A===A==a===A==a==A==a====A==a==A=a===A=a=A==a====C==a=A==b===D===d==A=a==A=b===a'
 'A=======E===e======A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b==A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 12, 26, A=C==a==A=a==C==c=======C===b===B==e======Aa=a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 26, A=C==a==A=a==C==c=======C===b===B==e======Aa=a
A=B======a====A==a==B====b====D====e=====Aa==a, 93, 12, 132, A=======D=====b====A=b=======D=======d===A==b=a
A==E=======b==A==a===B====b===A====d======a, 132, 12, 132, A=======D=====b====A=b=======D=======d===A==b=
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d==Aa=a, 151, 14, 26, A=C==a==A=a==C==c=======C===b===B==e======Aa=a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 10


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 278


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 551


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 350


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 452


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 343


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 518


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 307


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 523


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 251


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 529
Final centroids: ['BA=a=A=a==D===e===Aa=A==a===a' 'BA=a===C===a======B===d==A=a====A==ab'
 'A===B==a==D==e=====A==a==a' 'A=====D==a==A==a=B===d===A==a=A===b=a'
 'AA=a=====E===e==A=a=a'
 'A====D===c===A=a=====A=b=Aa===D====d=====E===d===A====b====a'
 'A==B==a=B==a=B==a===B===d===C===b==A===c==A=aa'
```

```
'A===B=====a===A=a==B===b===A==a==A=a===A=a=A==a====C==a====A==b===C====c===A==b=A=b==A=a==a'
'A=A=a==A==a==A=====a==A=a=====C====b===D==d===A=b======a'
'A=Aa===E=====a==Aa====A==b=====B===a==Aa=A===a===A==a=A====e=a'
'A=A==a====B===a=======A=aAa===D===b=A====c======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
'A=A==a===E======e======a'
'A=Aa====E==d=====C===c==A===a====D====b===A==c=====A=a==A==b==A=a=a'
'A=A=aA=a===E==e========C==b==A=b===Ab'
'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a'
'AA=a====D======a=Aa==B====a====A==a===Aa==A====a===A==aA=b=A==d==a'
'A======E===b=A==a===A====a===B=====a==A==c==A=a=A==c=====a'
'A======C==a========C=====c==A=a==B===d==a'
'A=A==a===C====b=====B==a===C====b===A===c======C===aA====d====A=a=a'
'AA=a===B==a==B===b=========D=====e====A=a=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 9, 160, A=====D==a==A==a=B===d===A==a=A===b=a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 7, 17, BA=a===C===a=====B===d==A=a====A==ab
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 12, 17, BA=a===C===a=====B===d==A=a====A==ab
A=====D====a=====B====d===A=====b==a, 107, 10, 160, A=====D==a==A==a=B===d===A==a=A===b=a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 10, 17, BA=a===C===a=====B===d==A=a====A==ab
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.007272727272727273
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

k = 23

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 322

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 652

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 329

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 694

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 354

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 645

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 373

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 666

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 324

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 587
Final centroids: ['A=Aa==C==aA===b=====D===e====Aa==a'
 'A=A=a===B=a=B==a===A=a===B===b====B====a=A=a=A==a===B===c==A==c==a'
 'A====Aa=A=a===B==b===E==e======A==a==A=====a======a'
 'A==A==aA=a=======E==d==A==a=A=b==Aa=a'
 'A=A==a===D======c====A==a====D=====c=A=a=A=b==Aa==B==a=B===d===Aa=Aa=a'
 'A===A=a===A=a===C======a=A==b=====A=a===D==e=======A==a=B===b==A===a===A=a=a'
 'A=A=a===C==a=Ab=====A===a===C=a==B==c==A====b======C==a==A===d===A=a==a'
 'A==B=a===C==b==C===d=========D===c=====C==b=A=d=====Aa=a'
 'A=B=a==B====a=====C=aA===b======A===a==A===a=A==c=====A==b=a'
 'A==C==a==C===c=====C===e=======a' 'A=A=a=====E====d==A=b=a'
 'A==A==a=A===a===E====b=A=b=A=c===Aa==a'
 'AA==a=======E==c=A=b====B===c==a'
 'A=====B==a=======D==b=A=b===B==d====A=a=a'
 'AAa==B==a===A===a====D==a=A==e========a'
 'A=C==a==C==a=A==b==A=a=A==c==A==b===a'
 'A===B=a==D==a==Aa==A==d=======Aa=A==b==a'
 'A====C==b=====A==a===D===a=A==d===A==b=a'
 'A=======C==b===B===c===A=a====E=====c=A==c========B==b======a'
 'A======D===a=A====d=====E=======e========A==a==a'
 'A==B==a=B===a==Aa=A=c=========E======d===A==b=a'
 'A=B==a==A==b=========E=====a==A==a==A======d=====A=b==a'
 'A=======E===b=====A=a=====a====C==a=A==a==A==c===B==a=A===d======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a====D==c=====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 22, 66, A=A==a===D====
A=A==a====D====c========B====a==C=aA==c===A===c=======D==b===A=====c==A===a=a, 19, 24, 168, A=A=a===C==a=
A=B==a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 24, 9, A=======E===b===
A=A==a====C====c=======A==a===E====c=====A===b========C===a=A==d=====A==a=a, 46, 19, 168, A=A=a===C==a=Ab
A===B==a==C=======b======B=a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A==c===A==b==a, 52, 23, 168, A=A=a===C==a=Ab
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 368

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 581

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 411
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 634

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 419

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 553

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 337

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 582

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 415

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 472
Final centroids: ['A==B==a=B===c====C==c========E===d===C======d===A=a=a'
 'A=A=aA=a===E==e========C==b==A=b===Ab'
 'A=A==a=A==a====E==d====B==b=Ab====a'
 'A=Aa===A==a====B==b=====B=a=D===e========A===a=a'
 'A==B==a==B====a===A=a=Aa==B=====a===B===d===A=b====a'
 'AAa====E==d===A===b==A=aa'
 'A======D====b===A=a===A=a==Aa===C=a=A===b==A==b===Aa==A==c==A=a==a'
 'A==Aa===B==a==Ba=C===c=A==a==B==d=========a'
 'A=======D===a=====A==d=========E===e=====A===a=a'
 'A==Aa====E===b=A=c===A==b==a' 'A=======E==d===A==a=A==b=a'
 'A=A=====a====E===d==A==a=A=b====a'
 'A===B=a=A==a==D======c==AbA=b==Aa==a'
 'A=A==a=A====A==a====B==a=B===a===B===e========a'
 'A==B==a==C==b==A=a=B===d=======E===a=A===e===A====a=a'
 'B=B=a=Aa==B===aAa==A=a===A====b===C===d==Ab====a'
 'A=====C=====a===C==c===A=a=A==c=====a'
 'A==D======a===A==c=====D====c==A===c====A=a=a'
 'A==E===a==A==b==A=aA===d====a'
 'A===B===a===A====A===a======C=====c===C===e========a'
 'A======D===a==A==a==B====a==A==b==A==d====a'
 'A=Aa=A==a==A==a==B===b===A=a=A=a======A===a===C===aA==a====C===c==A==aA==c=====a'
 'A==E=======b=====A==b====C=====b==B=====d==Ab====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 32, 154, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b=====B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 27, 154, A=A
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A==b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 28, 154, A=
A==B==aA==a=A==a====B===a==B====a==A=====c======C====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 30, 154, A=A
A===B======a==A====a=A=a==B=====a====A==b=====B===b=======C===a=B===c==B===b=A====c==a, 152, 31, 154, A=A
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3
```

```
Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 428

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 518

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 324

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 564

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 359

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 627

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 362

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 606

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 405

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 630
Final centroids: ['A==A===a==A==a===B=a==C====b=A==b==A=a=Aa==C===d========C==a==C==d===A==b====A==a=a'
 'A=====C==a==A=a==A====a===C==a=A=a=A===d===B=a=C==e====a'
 'A=A==a===C==a=B========aA=a==B====e=======a'
 'A====B=a===D====d===A===b==a'
 'BA=====a===A=a====D====b=A=b===A==b====a==a'
 'A=====C===a==B===c=====B=a==C==c=A=c======A=a=a'
 'A=Aa=Aa==C=====a====B==d=========E=====e======A==a=a'
 'A==B===a==C==c========D==aA=e=====a'
 'A=====E===d===A=a=C===d=A=a====C===c==a'
 'AA=a====E===c=====A==c======D=======d==A===a==a'
 'A==A==a=A==a===A==a===A==a=A=a=B==a==A=a=A==a==A==a====B==a===A==a===C=====d==A==a=A==b==A=a=a'
 'A==D===a====B===c======A==c=a' 'A===D==a==B===d===A====b===a'
 'Ba=A==a====E==e==A==a=A=aa' 'A=A=a===CaC===e====A=a=a'
 'A=A=a=A===a====E==d=A=====b====a' 'A=A=a====E===d======C======d===A=aa'
 'A====A==aA=a===E===d===A==a=A===b===a'
 'A===A=a===C==b=====B==c==========E======e====A===a=a'
 'A==B======a==A==a=A=a=A=a=====C===b=====C===d====A===b==a'
 'A==B=C==a=A==b===A==c===Aa==C====b====A===aA=c====A=a=a'
```

```
 'A==A=a==B===a===A==b======C=a=C===d==Ab===A====a==a'
 'A===A=a===A==A=a==A=a==D===b==A==b==A=aAa===C==d======A===a==D==e====A==a===A===a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 6, 132, A====B=a===D====d===A===b==a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 5, 18, A=A=a===CaC===e====A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 6, 18, A=A=a===CaC===e====A=a=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 6, 18, A=A=a===CaC===e====A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 3, 18, A=A=a===CaC===e====A=a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 4


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 373


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 539


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 364


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 580


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 329


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 654


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 428


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 599


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 327


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 592
Final centroids: ['AA=a======E===e====A=a=a' 'A==D====a===B==c=Aa==A===c==a'
 'A==B====a===B====aA=a===B===b===C==d===Ab====a'
 'A===C===a==C==d==A=====b===a'
 'B==a======B=a====D===e========D==c=======a=a'
 'A===A====a==C==c==Aa====E===e========a'
```

```
'A==A=====a==A==a==A==a====B===a==A===b===Aa==C==b==Aa=====B==a==C===d===A==a====A===b=a'
'A======E==a=A=aA====c=======A===c==a'
'A====C==b====A==a====C====d======D=d======E====d====A==b====a'
'A=======C===a=Aa===B==d===========E=====e=====A===a=a'
'A=A===a===E====e====A====a=a'
'A=AaA==a====C=aB===d===B=====b====A==a======D=====c===D===e====A==a=====a'
'A=B==a==C====b======A==a==B=a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
'A=B==a==A=a=A==a===D===d====B===b==A===b===Aa=a'
'A==C==A==a==B==c==A==a=A==c===a'
'A==E=======a==A=aa==B=====a===A=====e====Aa=a'
'A=A=a===B==a===A==a====D==b=A==c==A===b==a'
'A===B====a==B==a==A==b===B=b==A==b=======C==b===D==b==A====c===B==aA=a=A==b==A==b===a'
'A==B==a==A==a==D==c==A==b=A==b===a'
'A=A=a=====D======a=A==b===C==c=====B==a===A==a=A===c======A===b===A=a=a'
'A===D==a==B==c==A===a===C===b=B=======e====A=a=a'
'A=A=====D====aA=a==A===c=======A=a=A===c==a'
'A=======D==b==A=a===A=a======C=====b==A===c===A=a==A==b===Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b=A==b=a, 131, 15, 174, A=B==a==A=a=A==a===D===d====B===b==A===b===Aa=
A===B=a=A===a===C==a=B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 12, 174, A=B==a==A=a=A==a===D===d====B==b==A===b===Aa=a
A=A=a==A==a====C=b===D=d====B==a===A==c==Aa=a, 20, 12, 174, A=B==a==A=a=A==a===D===d====B===b==A==b===Aa=a
A=A==a==A==a==C==a=C==c===B===b==A=b===A=b==a, 35, 13, 174, A=B==a==A=a=A==a===D===d====B===b==A==b===Aa=a
AA=a===B==a==D==b=B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 14, 107, A==E=======a==A=aa==B====a===A=====e====Aa=a
Accuracy: 0.00909090909090909
```

++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 313

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 534

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 369

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 535

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 367

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 566

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 381

Iteration 8

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 547

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 385

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 564
Final centroids: ['A=Aa====C===a==B==c====A==a=====D====a=A==d=====B===c=====a'
 'A=====C==a===A==a===C===aA=======e==a'
 'A=A=a==D==a=B======b=A=b===B==d===Aa=a'
 'A==E======a==A==b======B===b===A=====d===A=a=a'
 'A=Aa===E==d==A==a==A=b=a' 'A=A=a=BaB==a==A=a==C===c====A=a=A===c==a'
 'A=B==a==A==a===D===c===A====c===A=a==a'
 'BB==a===C=======c===A==a=A=a=A=a=A=a===A=a=A===b===B==aA==aA===b=A=a=A==a==Ac'
 'A=A=a====C===a==B==d=======E=====e=====A==a=a'
 'A======D===a==A==b====C============e====Aa=A=a=a'
 'A=A=a=A=a===C==a==C==b==A===c===A=b==a'
 'A=C==a==B==a=A===d========E===c===C==bA=d======a'
 'A=====B===a===B==b===D==d====B===b===A==b===Aa==a'
 'A=B==a===B==b========C==a=A==a=====B==b===A===b=A===b==A==b=a'
 'A=B=====a==D==e===A=aA===a===a' 'B=D=====b===B=b=Ab====aA==b=a'
 'A=A=a=B=a=C===c======D==b=A=d====a'
 'A=A==a==Aa======E==d===A=b==A=a===a'
 'A==B==a==B==a===C==e========E======e===A==a==a'
 'A==B==a=A===a=====B=a==C==b======B===c====B===a=A==c===A=aAb===a'
 'A====C===b=======A===b=Aa===E==d====D==e=====AaA==a=a'
 'A=A=a======D===b===C==b=A==b====C===a====A=aA==d=====B==b=A=b=A=a=a'
 'B=Aa==B==a===B=a=B===c==A=a==A==a=A=b=b']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 8, 165, A=Aa===E==d==A==a==A=b=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 9, 39, A=B=====a==D==e===A=aA===a===a
A=A=a=====E===e=======A==a=a, 145, 9, 165, A=Aa===E==d==A==a==A=b=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 8, 165, A=Aa===E==d==A==a==A=b=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 8, 165, A=Aa===E==d==A==a==A=b=a
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 375

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 508

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 326

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 597
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 385

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 633

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 386

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 542

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 386

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 594
Final centroids: ['AAa===B==a===B==a===C===a=A==d==A=b====a'
 'A==D=======a===A==c========C===b====C===e====Aa===a'
 'A====A=====a====E==c=A==b=A==b====a'
 'A=A===a===B=====a======A=a====D====c===A==b==========C=======d=====A=a=a'
 'BB=aB====a===B===d========D===c===C====e=====A=a=a'
 'A=A=a==A==a=A=====a=B==aA=a===D====d===C==d====A=a====a'
 'A=====B=a==B===a==A==a=Aa===A===a===C==a=A=a==A==c=====Aa=A==c==A=a===a'
 'A====B===a===A=a===B===c======E===e====E===d===A==b====a'
 'A=Aa=====B==a===A==b========E===e========A=====a=a'
 'A===C====a==C====d===A=b=Aa=a'
 'A==C==a=A==b======D===a=A===a=Aa==A===b==A=====a=A==bAb==A=b=a'
 'A=C=====a=A=a==B===a====B===b==Aaa=A==a===C==aA==b=A==b=A==b=A=b====a'
 'A=B=a==B=a=B===c=======D=======e====a' 'A=A=aA====D===e=====A=a=A==aa'
 'A==Aa=B====a====D===c===B==aA==d=====a'
 'A=B=a=A==a==B=a=A===b==B==a=A=a=====A==a===B======b====C==c===A=b==A=b=Aa=a'
 'A====C===a==A==b=====D====e=====a'
 'A==A=a===B=======a==A===b==========E====e=======A==a=a'
 'A======C===c===Aa===C==a=C===d======B==b====A===a==A==a===a==a'
 'A===E===a==A===c====A======c==a'
 'A=====D=a=B==b==A==c====D=====c====C==b=A==d======a'
 'A=A=aA=a===B==a==B==b==B=====b======A=a====D===b=Aa===B===c==A==b=A==b===a'
 'A=A==aA=a===A==a=====D===a==A==d======E==aA==e========C=a==C==e====A==a====A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 8, 144, A===C====a==C====d===A=b=Aa=a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 9, 127, A=A=aA====D===e=====A=a=A==aa
A=D====a==B==b==Aa==A=====d==a, 53, 8, 140, A===E===a==A===c====A======c==a
A===B==a===D==e====Aa===A==a==a, 62, 8, 140, A===E===a==A===c====A======c==a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b==a, 51, 10, 127, A=A=aA====D===e=====A=a=A==aa
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 382

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 579

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 401

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 655

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 477

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 561

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 347

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 642

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 388

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 585
Final centroids: ['A====D===a==A=a===Aa=A==c====D====d===C=====c==A==b=A==a=a'
 'A=A=a===E==c==A=b=A==b==a' 'B=A=a==D==e===A==a==A=a=a'
 'A=B==a===C=====c===B==c=======E======e==A==a=a'
 'A=A=a====B===a=======A==a==C=a=B=c==A===b=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A===B==a======B=b=A=a=A==aA===a===D==c==Ab==b'
 'A=B=a===D===d==A==a==A==ab' 'A======C==a==C===a=A==a==A==e=======a'
 'B=C=aA==a===B==c==Aa==A===c=a'
 'A=A=a==B==a===B==a=A====a==A====a=A=a==A=a=A=a=A=a==C===a==A==a===A==aA=c===A=c==A==a=A=a=a'
 'A==C==a===B====b====A==c=========E=======d=====A==b=a'
 'A=A=a===C===b====D=e=======C==a=B===d===A===a=a'
 'A=B=a==B==aA=b====B=a==C==b==A=aA==c======C==a=A===d===A=a=a'
 'C=Ba=B====d==AA=a==A==ac'
 'A==B=====a====A==a=A====a===A===aA=a==A==a=A==a===C====b=====C===c===A====c=====A=a=a'
 'Ba=Aa==A=a========E====b===A==b======C===d=====A=a=C===d===A==a==A===a==a'
 'A==C======a==A==a===B==a==B===aAa==A===c=A=c=====a'
 'B==B===a==AaA=a===B=a=B===aAa==A==b======A=a==B==c=======B==a=A===c===A==b===A===a=a'
 'A=Aa==Ba=D===d=====C==c==Ab===Aa==a'
 'A===C=====b=======C==a=B==a==Aaa=A==b==B====b==A==c===A=a=a'
 'A=A=a===C==aA=a==B==d========E======e=====A==a=a'
 'A=B==a===D===d=======A==a===C==aA=aA=b=A===c=======C==a=A===c===A===a==a'
 'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a']
```

```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b==A====a=A=a===B=====a====C===a=A==b====B==a=A==b=A===d==Aa==a, 158, 26, 40, A=A=a==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 16, A==B====a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 16, A==B====a
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A==a==A=a=A=a====C==a=A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 22, 40, A=A=a==B
A==A===a==A==a=B==a=B==b==B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b=A=b===Aa==a, 159, 25, 16, A==B====
Accuracy: 0.0136363636363636363636
```

++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 351

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 577

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 385

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 619

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 382

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 606

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 349

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 477

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 306

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 580
Final centroids: ['A=A==a====B===a=======A=aAa====D===b=A====c======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
 'A=A=a==E====e===A=a=a'
 'AA=a=A=a=A==a=======D====b=A==b==Aa==Aa==C===c======B==a==C==c===A==b===A==b=a'
 'A=Aa==A=a====C===c========E===e========A==a=a'
 'B=a===B=a=D==e=========E=====d=====aa'
 'A======C===a==A===b====D=======e======A====a==a'
 'A=B==a=B===a==C==c===B===b==A====a==A==c===A=a==a'
```

```
 'A==B==aA===a====D=c===C===d=====B==b===A==b===A=a=a'
 'A=Ba=B=aA===a==C==d=======D====c=====C==e=======Aaa'
 'A=A==a===E===e====A=a==a'
 'A==Ba=D=====a===A==a=A==aA=a=A==c===A==c===a'
 'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A===b===A=a==B==c==A=a=a'
 'A==A===a====C==a==C====a=A=b====A==c====a==a'  'AA=a====E===e=======Aa=a'
 'A=B===a=====D=====b=====A==b=A=bb'
 'A=A=a====D==a======B====c====A==a=A==c=a'
 'A=A=a==B===a====D===d======B==c===A=a=a'
 'A=====C====a==A===c=====E==========e====A==aAa==a'
 'A===Aa===C==b=====D==e==========E====e=====A==a=a'
 'A=A===a=A=a====E===d==Ab==A=a=A==aa'
 'A=B=a==C=====b==A==a==C====b===A====b====B==a=A==d===A==a=a'
 'Ba==A==a==A====a======B====a==B==a=A==a==C===c===B===b==A===c=====A==a=a'
 'AA=a===B==a=A=a==D==d=====Aa==D===e==Aa=Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 13, 124, A=B===a=====D=====b=====A==b=A=bb
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 13, 32, B=a===B=a=D==e========E====d=====aa
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 13, 164, AA=a====E===e=======Aa=a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 12, 124, A=B===a=====D=====b=====A==b=A=bb
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 12, 124, A=B===a=====D=====b=====A==b=A=bb
Accuracy: 0.02727272727272727


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 9


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 394


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 500


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 310


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 566


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 317


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 605


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 316


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 647
```

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 401

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 541
Final centroids: ['A==C===a==B==a==A=b===B=====a==B=====e====A=a=a'
 'AAa==B=a=D===e===A==a===a' 'AA==a==B==a=====A==a====C==a=B===e========a'
 'A====E===d===A==a=A==b=a'
 'A===C=====a===B===c===D===d======C==a=A===c==A=b==a'
 'A=A=a===B==b=======B==a===D=aA==c=A===b=======C=a=A===d===A=a=a'
 'A====C===a=A=a===B===c====D===c===C==d===A===b===a'
 'A=Aa==B==a===D==d==B==c=====B==a==A==b=====a'
 'A===A==a===E===d======a=A===a=a'
 'A=B=a==B===b=====BaB=a=B==c==A=a==B==b===A==a=A==c==Aa==Aa=a'
 'AA=a=A==a==E==e======A=a=A=a=a'
 'A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=a'
 'A=Aa===E======a==Aa====A==b=====B===a==Aa=A===a===A==a=A====e=a'
 'AA=a==A===a======C=a=C==c=====B==b===A==aA==c=====A=a=a'
 'AA=a===D==c=====A==a===D==a=A=d===A===b=a'
 'A==A=a==D==c===A=a=A===a=A=a======D==a=A==c==B==c=====A=a==C==d======a'
 'A=A==a==A===a=====D===aB===c==B==b===A==b=A=b=====A=a=a'
 'A=Aa===C==aA==a==A==b=====B=a=C===e===========A===a=a'
 'A=A==a=A=a==B===a==B==a====B==b=======A==a=A==a===B==a=A==b====C===c===A==b=A==b==A=a=a'
 'AA==a=======E==e=========a'
 'A==B===a==A==b========C===a==C==a=A=b==A==b====B==a=A==c=====A==b==a'
 'A====C=====a=======C==d=====C==b===C=d===A=====b=a'
 'A=A=a====C===a=A===c==========E===e=========A=a==A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 14, 82, A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=
A=D===a=A==b=A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 82, A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=
A=B======a====A==a==B===b====D====e======Aa==a, 93, 14, 51, A==C===a==B==a==A=b===B=====a==B=====e====A=a=a
A==E========b==A==a===B====b===A=====d========a, 132, 13, 51, A==C===a==B==a==A=b===B=====a==B=====e====A=a=a
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 82, A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=
Accuracy: 0.004545454545454545

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 339

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 552

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 373

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 540
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 346

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 657

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 358

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 599

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 348

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 559
Final centroids: ['B=a====B==a==A==a===D===aA===e===A=a===a'
 'A====A==aA==a===E===d==A==a==A==b=====a' 'A========E===e=====A==a=a'
 'A======D=aB==e=====A=aa'
 'AA=a==A=a==B==a==A==b==B==a==A==b===A==a=====C===a=A==a===C==c==A==b=A==b==Aa=a'
 'A=B=a===C==aB===b=====A=====d==a' 'A=B=a==A==a==D====c===A=a=C==e===a'
 'A==B==a==B==b=======C===b==B====a=A=a==B===c====B==a==A==b=Ab==A=b=a'
 'A=A=a=A=a===B===a==Aa==B========a====A==a=A=a===C====b=====B===a==A====c===B===a===A===d===a'
 'A==D===a==B==d=====A====b=a'
 'A==A=a==B===b=======C==a==B==b=====C==c===B===b=A==c====A==a=a'
 'A=B==a===B====a==C=d===D======b=B==bA=d====A==a=a'
 'BAa==A==a====D===d======A====b==A=a=a'
 'A====D==b==A==a=====A===c=====E==e=====D===d====A===a=A=a=a'
 'A==A=a==B===b======E=a=A==b======B==b===A==b==A==c====A==a=a'
 'A===A=a====C===b=====A==b===========E====e======A====a=a'
 'A====A=a==E===e===A===a==a'
 'A=A=a==A==a===B==a==D===c===B=====b==A==c==Aa=a'
 'A===E====a==A==b==A=aA===d===a'
 'A==C==a=B==c===C==d=======D====c===D==b=A=d=====a'
 'A===B====a==Aa=====C==d=====E==d====D==d===A==b====a'
 'A==D=====a=A===b===B==c=======D===c====C===b=A==d===A=a=a'
 'A==C===a==B===c======D==a=A===aA=a==A===b==A=====a==A===b==A===c=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 10, 56, A=B==a===C==aB===b=====A=====d==a
BA=a===C==a==A=a==B==d==A=a===A=b=a, 65, 11, 69, BAa==A==a===D===d======A====b==A=a=a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 12, 149, A========E===e=====A==a=a
A=====D====a=====B====d====A=====b=a, 107, 11, 60, A====A==aA==a===E===d==A==a==A==b=====a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 11, 56, A=B==a===C==aB===b=====A=====d==a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.010454545454545456
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 26
```

```
Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 425

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 622

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 390

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 562

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 410

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 673

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 447

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 656

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 429

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 639
Final centroids: ['A=======E===b=A==b===A=a==A==a===C==aA=a=A===c==A==a==A===c==A=a=a'
 'A==C=a=Aa==C==aA=b===A=aA==d===a' 'A=B==a=B=a==C==aA==a==A===d=A=b=a'
 'A=C==a===C===d=====A===b=a'
 'A=A===a==B==a==A==a===D===d====B===b==A===b==A=a=a'
 'A=====E===d===A=a=C===d=A=a=====C===c==a'
 'A===A=a===C==b=====B==c==========E======e=====A===a=a'
 'A=A====A===a====D===d==A==a=A==b==Aa=a' 'A=======E====e======a'
 'A==B===a=B==a===C====c===A====c===a'
 'BA==a==A=a==D======c==B=a=B==d=Ab=a'
 'A=Aa==B====a==B==c=====D==aB===d==Ab=====A==a=a'
 'A=Aa==D==b==A=a===B=====c====D===d====D==c==A==c==A=a===a'
 'A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a'
 'A==D===a==B==a==A==a====A===c=====B==b==A=c===A=a==a'
 'A=B===a==B==b=======C==a===B=b==Aa==B==b====B==c===A==c====A==a==a'
 'A=====D====b==A==c=======E======e=======A==a=a'
 'A=B==a===C==a=B==aA==c====A===b=Ab=a'
 'A=B==a===D====d========C==a=B==a=A=aA=====d=======D===aA====c==A==c==a'
```

```
 'A====D===b==A=a==A====b=====D===e====D===d===A==a=A=a==a'
 'A=D=====a===A==c=====D=====b==A======d===A=a=a'
 'A=A=a=A====a==A=a=A==a====B====b===A==a==A=a=====C===b=======A=a===D==d====A==b===A===a=a'
 'A=B==a==A==a===A===a===D====d===B==b===A==b===Aa=a'
 'A====C======a====C===a=A=====e======a'
 'A=A==a===B=a=C=====c=====D==d=Ab=a'
 'A=B==a===C===a==B==e========D======d===A==a=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid

B=A==a===D=====d=======A==a====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 26, 142, A=B==a===D===

A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 24, 142, A=B==a===D===

A=B=a==C======c=====B=====a==C=aA===a=Aa===A===c======C===a=A==aA==d=A==b=a, 60, 23, 142, A=B==a===D====d

A=A==a====C====c========A==a===E====c=====A===b========C===a=A===d=====A==a=a, 46, 24, 142, A=B==a===D====d

A===B==a=C=======b======B=a===B==a=A=b=Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b==a, 52, 22, 142, A=B==a===D====d

Accuracy: 0.004545454545454545

++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 426

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 650

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 476

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 726

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 407

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 613

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 459

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 731

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 406

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 644

```
Final centroids: ['A==B==a=A=a=B==a=A==a===Aa=A==a=A=a==A=aa==C===a=A==a==B==b==A==c=A=b==Aa==a'
 'A==D===a=A====a===A=a=A=a====B=====a=A==a====A==a=A==d==Ab==a'
 'A==Aa====C==b==A==a==A===a====C=aB===b==A==c===A==a==A===b==A=a=a'
 'AA=a====B=a==C=a=B==c======A===c==Aa==a'
 'AAa====B==a===A===a=====D==b==A==d=====A=a=a'
 'Ba====C=====a===B==c=====B=a==C==e=========A=a==Aaa'
 'A=A=a===C==b===C===c==A==a===D===a==A===d==A=a==A===b=A=a=a'
 'A====D==a==B==d====A==b===a'
 'A====E======b=====B=====a=A==a==A=====a===A====a========d====a'
 'A====E==b==A===b==Aa==A==bA=b=a' 'B==A=a===D=======c==Aa===A==b=b'
 'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A===b===A=a==B==c==A=a=a'
 'AA=a====E==aA==c==B===b==C===d==Aa==C===b===A=a==C==d===Aa==B===bA=b===a'
 'A====B=====a=A===a====A=a===C===A=====d===Aa==A==b==A=a=a'
 'AA==a====C====c======B===a===D====c===A===b=======C=a=A====d===A==a=a'
 'A=A=a==B==a==AaA==b==D===c====B==a===C==c==A==c=a'
 'A=C===aA==a==B==b===C===c==B===b==A==b==A=b=a'
 'A=====C==b===A=a======C==d======E==d====D===d=====A=a=A=a=b'
 'A====D==b===C=e===C==b===C==b==B=====b=====B===d======a'
 'A=========E===aA=b==B=====b==B===a==A=a==A====c==B=====c==A=b==a'
 'A=A==a===B===a===B==c=======E====e=====A==a=a'
 'A=====C==a=A==a===B===c====D==c===C===c==A==bA==b==a'
 'A=Aa=B======a====C==a==B======a==A==b==A==b==A==b==A==b=a'
 'A=====A=====a==E===d==A=a=A=b====a' 'A=B==a===D==a==A==b===B=====e===a'
 'A=A=a==B==a===A==b=======E===e=========A==aa']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D=d======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 36, 88, AA=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b==A===b==a, 40, 34, 26, A==B=
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 36, 26, A==]
A==B==aA==a=A==a====B===a==B=====a==A=====c======C====b=====C===a=A===b==B===c====A====c=a, 146, 32, 88, AA==
A===B=======a==A====a=A=a==B=====a===A=b=====B===b=======C===a==B===c===B===b==A====c==a, 152, 33, 88, AA==
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 413

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 656

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 502

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 628

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 471

Iteration 6
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 628

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 474

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 614

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 500

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 600
Final centroids: ['A==C===a=A==b==B==c=======E===c===B==b=A=c====A==aa'
 'A==Aa===B==a==Ba=C===c=A==a==B==d=========a'
 'A======C==a===C=d======B==a==C==b=A=d=======Aa=a'
 'AA==a=====E====e====A=a=a' 'C======C=a==A=aA===c=====C====e====Aaa'
 'AA=a==B==a===D====d=======C===d===Aa=a'
 'A=B=a==D========d===B===b=A=b===a'
 'A=B==a=C====c=====B=a=B==a=A=aA=====c====D=======e====Aa=a'
 'A===A==a==========E====b===A==b====B==a=B===c=====B==a=B==c===A==b===A===b=a'
 'AA==a=======E==c=A=b===B===c==a'
 'B=A=a=A=a==B====a=====C==b=A==c=A=a=b'
 'AA==a===D==c=======D===d===A=a=A==a=b'
 'A=Aa====D===b=A==aA=a==A=a==C=======a=A==c===A==aA==c==Aa=a'
 'A==Aa===B==a==B=a=C==c===A==b==B==c====A=a=a'
 'A==B==a=A==a===B==b===C==a=B===c==A=b===Aa=A==b===a'
 'A=B====a====D====c===A==a===A==c===A=a=a'
 'A=A=a===C====a===A===a===BaB==c===A====b===C======c=Ab==A=a=a'
 'A======E=======a==A=b==B===b====B===a=A==a=A==a===A=========e===a'
 'A=B==a==B==b=======C==a==B==b===A====b=A====a=A====b==A=B==a'
 'A====D===c===A=a=====A=b=Aa====D====d=====E===d===A====b====a'
 'A=A==a==A=a=A==a==A====a===B====a=A==b===A=a====E=====e========A==a==C===c===A==a====Aa=A=a=a'
 'A=A=a==E=====b=Aa=Aa==B===b===A===a==A=a=A==b====B==b==A==c==a'
 'A======D==b=A=a===A=a======C=====b==A===c===A=a==A==b===Aa=a'
 'A==B=a=C====a==A==a===B====a=A==b=A=c=A=b=a'
 'B=B=a===B=a=B===b====Aa=A===d===a'
 'A=B=a==B=a==C====a=A==c====A==a==A===c==A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 9, 128, AA==a=====E====e====A=a=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 3, 128, AA==a=====E====e====A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 7, 128, AA==a=====E====e====A=a=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 5, 128, AA==a=====E====e====A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 7, 128, AA==a=====E====e====A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 4


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 347
```

```
Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 653

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 401

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 740

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 438

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 658

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 418

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 646

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 372

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 600
Final centroids: ['A==C===a=B=====b======C======e=====a' 'A=D====a==B===c===Aa=A====c=a'
 'A=B==a==A=a=B===a=Aa==B=======a===B====d===A==b=a'
 'A==B=a=A===a==A=a==A==a==A==a=A=a=A==a=A==aA==a====C==a=A==a==B===c===A=b==A==b=====a'
 'A=A=a====D=====b==A==c======D=aB=====e===A===a=a'
 'A=A==a====B===a===A==b=======Ca==C==e========Aa==A===a=a'
 'A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a'
 'A=A=a====D===b======C=====d=====A=======b=a'
 'A======D===a====B====d====Aa===A===b=a'
 'A=A=a=B===a===C==c===D====c==A===a=A==c=======a'
 'A=A======A==a====B===b==A=a=====D===b=A===c===A=aA===b==A=a=a'
 'A=A=a====E==d==A=a==A=ab' 'A=B===a==D==c==Aa====C===d===A=b=a'
 'AAa==A=a==B==b===Aa===E==e=========a' 'A====E====d===A==b==Aa=a'
 'A======E=====e====A=a=a'
 'A=A=a====C==a===A=a==A======a==C==a=A==a=A===d====A=a=A===b==A=a=a'
 'A=Aa=====C=a==C=====b=Aa==A===d=====a' 'A=B====a==D==e=====A====a=a'
 'AA=a==B==a==A==aA==a=A=a==B==aA===a=Aa===C==d====A=b===a'
 'A====E==d==A===b===A==aa'
 'A===C=a=B==a==A==a==B===c====B==b==A==b==A=b==a'
 'A=B===a==A==a==D=d=====D==d======C==b===A===c====A=a=a'
 'A=B==a==C==b=A=b==B==c=========DaB======e===A==aA=a=a'
 'A=A=a===C=aB==a=AaA==b=B==b=====B====a===B=a=A==b====A=====b=A=b=b'
 'A=A=a=B==a=A=aA===a=Aa=====C===a==B===d====A==b===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 11, 153, A===C=a=B==a==A==a==B===c====B==b==A==b==A=b==
A===B=a=A===a===C==a=B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 12, 110, A=A=a=B===a===C==c===D====c==A===a==A==c======a
```

```
A=A=a==A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 12, 110, A=A=a=B===a===C==c===D====c==A===a==A==c======a
A=A==a==A==a==C==a==C===c==B===b==A=b==A=b==a, 35, 10, 153, A===C=a=B==a==A==a==B===c====B==b=A==b==A=b==a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 13, 153, A===C=a=B==a==A==a==B===c====B==b==A==b==A=b==a
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 408

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 721

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 415

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 678

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 397

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 682

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 540

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 825

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 469

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 671
Final centroids: ['A===B=====a===B=a=B===c===A===a=Aa===A=a=A===a====D======b==B===a=A==c=Ac=========a'
 'B=B==a=Aa===C==c======a=A==b=a'
 'A=Aa=====B==a===A==b========E===e========A=====a=a'
 'A=A=a===C==aA=a==B==d========E======e=====A==a=a'
 'A=======D===a==A==c====D======bA==d======A=a==a'
 'A=B==a==B===a=A=a=====C===e===Aa=a'
 'A==B==a=B===c=======E=====a==A==a===A==b===A===a==A==c==A===b==a'
 'A==D=====a=A==b===A==b======D===b=====A====c===A=b====a'
 'A====C==b=====Aa===C===d====E==d=====C==c===A==b====a'
 'A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a']
```

```
'A===A=a==B==a=A=a==B==c=========E=====e====A=aA=a=a'
'A====A=a==E===e===A===a==a'
'A=A=A==a====B==a===D=====c======B=====d=====a'
'A====C====bA=b===A=aA=a=Aa====E=====c=A==c=====A=a==B==b===A=aa'
'A==E===a===A==c======A===c=a'  'A=======D=====d======E=====e=======a'
'A====E====c==A==a=Aa=A==b=====D===c====C==d====A==b==Aa=a'
'A==B==a==C===b==Aa=====C=====e=====a'
'A=Aa======C==a=A===c===========E===d==Ab==A==a==A=a=a'
'A==C=a=B==a=A=a=A====b==B==b==A=a===A=a=A=aA==a==B==a=A===a=B==aA=====b=A=c==Ab==a'
'A=Ba=C==a===B==c=A=a=A====c=a'
'A=======D==a=A=a==B==d====A==a===A==b=a'
'A=======E===aA=b=Aa===B====a===A===a=====A=====b=====A===d======a'
'A==A==a=A==a===E==a=A==c==A=c=====a'  'A======E===e===A==a=a'
'A=A==a==B====a===B===c=======Ca=C==e====A===a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 5, 89, A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 8, 137, A====A=a==E===e===A===a==a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 5, 89, A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 5, 89, A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 6, 137, A====A=a==E===e===A===a==a
Accuracy: 0.022727272727272728


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 417


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 685


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 360


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 672


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 422


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 625


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 467


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 764
```

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 552

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 688
Final centroids: ['A==A=a===C===c======B===a===D==aA==c===A==b======B==a=A===c=====A==a=a'
 'A=B=a=A=a==Ba=C==b=A=bAa==A==c==A=a==a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A=a==Aa===B=====a==C===e==Aa====a'
 'A====A==a==Aa==B==a=======C====b==C===d==A=b====a'
 'A=====D===b==A=a==A=aA==b====D===d====D===d===A==a=A=b=a'
 'A=Aa==B===a==A=a==A===aA=a===D===e=====D=d====A==a==A=a=a'
 'A==B===a=A=a=Aa==A====b=====E==d=====C==d=====A===a==a'
 'A=A=a==D==a=B======b=A=b===B==d===Aa=a'
 'A=A==a===C==a==A==b==D===d====C==b===B===d===A=a=a'
 'A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a'
 'A=A==a==A===a=======E==aA==c====B==a==A==a=A===d====A==a=a'
 'A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b=A=b=a'
 'AA=a==A=a==B==a==A==b==B==a==A==b===A==a=====C===a=A==a===C==c==A==b=A==b==Aa=a'
 'A====E===b==A=a=A==aA==c====D===d====D====c==A==c====a'
 'A=A===a===E==e===A=a===A=a=a'  'A===C=====a=A=a===C===d========A==b=a'
 'A==A=======a==A==a==C==c====B==b==A==a==A==a==A==a====B===a==A===b===E====c==A==c==A==a==A=a=a'
 'B==A===a==Aa==D==c=====C=====d==B==b==A=b===Aa=a'
 'AA==a===B==a=A==a====D===aA==d===A=b===a'
 'A=A=a=B=a==D==d=======C===d=======a'
 'A=A=a==C==a==B=a=B==b=A=b==A==c==A==a=a'
 'A========D=====a==A=a=A===c====B===a====C===c======A====c===A=a=a'
 'A=A=a==A===a=========E==d======A==a==A==a=A===b===A==a=a'
 'A=A=a==A=a==A=a=A==a===A=a==A=a==Aa=A==a==C=a=A==a==C===b==A=b=A=c=====a'
 'AA=a======D==b=======C==d=====A==a==A==b==a'
 'A=Aa=A=a=A==a=====B==a==C==b======B===b====C==c==A==aA==aA=c==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b=====a, 4, 8, 38, A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 8, 38, A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 10, 172, A=B=a=A=a==Ba=C==b=A=bAa==A==c==A=a==a
A===B==a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 7, 22, A=A===a===E==e===A=a===A=a=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 8, 22, A=A===a===E==e===A=a===A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 427

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 695

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 443

Iteration 4
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 703

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 412

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 628

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 455

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 691

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 418

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 647
Final centroids: ['A==B===a==B==a==A==a===C===c===B====b===A==c===A==a=a'
 'A=A=====A===b=======D=aB==c=====B===b===A==a=A==c===A==a=a'
 'A======E==a=A=aA====c=======A===c==a'
 'A=A=======a===E====d==A=b==Aa=A=a=a' 'A==B==a===D==d=====D====e======a'
 'A=A=a=B==a====B==a=A==a=Aa=A======a=C===e======Aa=a'
 'A==B==a==B==a====C==e========E======e===A==a==a'
 'A====B==a=====D==c=A==b===D===e======a'
 'A==C====a==B==a=A=aA=a==B===b====B==e========a'
 'A=B=aA==a=Aa==D==c==C====b=A===a=A==c====A=a=b'
 'A=A==a=A=a==C==a===C==d====B===a=A==c====Aa=a'
 'A===B=a=C======a===B==e====Aa===E======d===Aa=A==b=a'
 'A=Aa===E=====e=======a' 'A=A==a========E==e====A=a===a'
 'A===C==a===A=a====C==a=A====e======a'
 'A=====D===b===A==a===B===c=====D===c====C===d======A===b====a'
 'A==Aa======D=b==A==b===D==c====B===a==B==a=A===c=====B======d=====a'
 'A=A==a=A=a==B==a=D====d====A==a=A==b===Aa=a'
 'A===B===a===A====A===a======C====c===C==e========a'
 'A=A=aA==a===A==a=A==a====A=a==B=====a====D==e==========a'
 'A=B=a===D==d===A==a=A=b===a'
 'A=A=a===B=a=======D==c==A=a===A===c==Aa==a' 'A======E===e=======a'
 'A=A=a==Aa===E=====d=======A==ab' 'A=A==a=A==a==E====d===A==b==Aa==a'
 'AAa==C===a=A=a=C==c=Ab===B===c===A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a===B=====a=====C===a=A==b====B==a=A==b=A===d==Aa==a, 158, 29, 66, A==Aa==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 32, 66, A==Aa====
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 32, 66, A==Aa====
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=====C==a==A==a=C==d====A==a=A==b=A=a==a, 130, 32, 66, A==Aa==
A==A===a==A==a=B==a=B=b===B===b==A=a==A=a==A==a=C=======b=C====c=A==b=A=b===Aa==a, 159, 32, 66, A==Aa==
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 8


Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 462

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 742

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 474

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 665

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 474

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 763

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 481

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 607

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 437

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 709
Final centroids: ['A=B==a==C====b==B===bAb====D==a=A==d===A===b==a'
 'AA=a=A==a==E==e======A=a=A=a=a' 'A==C==a==Aa===C=====c====A===c==a'
 'A=A=a===Aa==D====b===A=a=C===c==Aa=B==a==A======b===B======d==A==a=a'
 'A=B==a==A=a=C===b==B==b====C=b==A=c==A=b==a'
 'A=A=a=B===a==A=a==Aa=B===c====E==d====C====d===A=a=A=a=a'
 'A=B==a==A==a=======C==a==B==b====A==a===A===b==Ab==A===b==a'
 'A=A===a===E==e=====A=a==A=aa' 'A==B==a==B=a=C===a====A====e===a'
 'A==A==a=A==a===A==a===A==a=A=a=B==a=A=a=A==a==A==a===B==a===A==a===C=====d==A==a=A==b==A=a=a'
 'AA=a=======C==a==C==e===A=a====B======b==A==a====A==aA==a===a'
 'A=A=====D==e===A====a=A=a=a'
 'A==D=======a===A==c=======C===b====C===e====Aa===a'
 'A==B==a=B==a=B==a===B===d===C===b==A===c==A=aa'
 'A====B=a=C===d========E======e=====a'
 'A====D==c==A==a====D==e=====D==c====C==d===A=a=A=a=a'
 'A==A=a=====E====d====A====b==a'
 'A=D===a==A==b=B===c=======D===c=====B=====d====Aa=a'
 'AA==a==B==a==B==b======D===bA=d====Aa==A=a=a'
 'A=A=a===E==d===A===b==A=a=a' 'A=A====a===E===e=====Aa=A===a=a'
 'A=Aa===E====e===Aa==a' 'A=C====a==C==d=====A===b==a'
 'A==B=a=B==a==A==a===C===b===B===b=A===d======A=aa'
```

```
'A=B==a==C====b=Aa====B===a====B===c====A==b===Aa==D==a=A====e=====A=aa'
'A====C==a=B====b======C====e======a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 132, A==B==a==B=a=C===a====A====e===a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 9, 120, A==A=a=====E====d====A====b==a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 10, 120, A==A=a=====E====d====A====b==a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 8, 92, A==C==a==Aa===C=====c====A===c==a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 10, 92, A==C==a==Aa===C=====c====A===c==a
```
Accuracy: 0.013636363636363636

++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 426

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 572

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 384

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 629

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 461

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 598

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 394

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 699

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 392

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 631
Final centroids: ['A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a'
'AA==a====C==b==========C==a=B=b===A===b=====C==aA===d=======a=a'
'AA=a=====E====e=======A==aa'
'A====C===a=A=a===B===c====D===c===C==d==A===b===a'
'A=B===a=A==a====D=e=======D====b===B======d====Aa=a'
```

```
'A=A==a===D===b===C=====c=======A====aA==c=a'
'A=Aa=B=a=B====a==A==b====C=a==B===aA==d=====a=A==aa'
'A==B=aA=a==A=a=B==b===A===a==A=a=A=a=Aa======C==a=A=a===B===c==Ab=Ab==A=a==a'
'A==B==a==C==c========D=====e=====a' 'AA==a===E==e===A=a===A=aa'
'A=Aa==C==a==B=a=B====d=====A=a=A==b==a'
'A=B==a==B==a=B=aA=b====C===e===a'
'A=A=a==Ba=C===b====B===c=======D===a=A===e====A=====a=a'
'A=A=a===A===a=====C==a=A==a=====C==b===A===a=A==c===A==ab'
'A=A==a==B==a=A=a==B==c==========C=a==C==e====A==aA=aa'
'A==C======a==A==a===B==a==B==aAa==A===c=A=c====a'
'A=A====a====E==d====A=a====A=a=b'
'A======E====a====A===c===A========c==a' 'B=B=a===C==d===A==a===A=a=b'
'A=====C==a=A=a==A=====a==C==a=A=a=A===d==B=a=C==e====a'
'A====Ba==B===a=Aa==A==c=========E=====e======A==a=a'
'AA==a===B=a====D===d==Aa==A==b===A=a=a'
'A=A=a==B===a====B==aA==a==B=a=B==a=A====bA==c===A=b=a'
'A==A==a=A==a===B==a=A==b====A=a==A==a=A===a====A=a==C==a==A==b====D====c==Ab====A=b==A=a=a'
'AA==a===B==a====D==c=====A==c===A==a=a' 'A==A==a====E==d===A=a==A==b=a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 13, 56, A=B===a=A==a====D=e=======D===b===B======d====Aa
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 13, 56, A=B===a=A==a====D=e=======D===b===B======d====A
A=B======a====A==a===B====b====D====e=====Aa==a, 93, 13, 56, A=B===a=A==a====D=e=======D===b===B======d====A
A==E=======b==A==a===B====b===A====d========a, 132, 12, 156, A==C======a==A==a===B==a==B==aAa==A===c=A=c=
A===D==aA==b===B==b======C===c==B==aA=d===Aa=a, 151, 14, 56, A=B===a=A==a====D=e=======D===b===B======d====
Accuracy: 0.0136363636363636

++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 427

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 623

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 433

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 700

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 388

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 598

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 401

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 675

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 376

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 658
Final centroids: ['A===A=a===E==e===A=a=A==a=a' 'A==A==a======E==b=====B===e===a'
 'A=Aa=Ba==C==b======C====e===Aa=a'
 'A======A==a=Aa==A=a===C==aB=====a=A==c====C=====d=====D==a=B====c==A==b===A===b==a'
 'A===B====a====D====c==A=a=A==c====a'
 'A=B=a==B=a=B===c=======D======e====a'
 'A======D===a===A==a==B====a=A==b==A==d====a'
 'A=Aa====E===b==A===aAa=A-A=a====B==a=A=a==A===c===A=a==A==c==Aa=a'
 'A======C===a==B==a==B===a==A====d==A=b===a'
 'A=A==a==C=====b======B==a==C===a====a=A====c===Aa==D==aA=====e===A=a==a'
 'A=A==a=A=aAa===E==e==A==a==A=a====a' 'AA=a====E==d===A===a==A=a=b'
 'A======C===a==A==b====D=======e======A====a=a'
 'B=A=a==D==e===A==a==A=a=a'
 'A=A=a===B====b========Aa===E===a=A=b=A=b=======B==a=A===c===A===b==a'
 'A=A=a==B=a===B==a=A====a=A====a=A=a==A=a=A=a=A=a==C===a==A==a===A==aA=c===A=c==A==a=A=a=a'
 'AAa====C==a===A==a====C===b==A=d=====A=a=a'
 'A====B=a==D====d====Aa=A===b=a' 'B=====D===d==Aa=Aa=A==b=a'
 'AA=a===B==a====A==a===D===b=A=d=====Aa=a'
 'A=====CaA==a=A==b===A=a==D===e=======A===a=a'
 'A=A====a====B==a=A===a====A==a=A=a==Aa=A=a=====D=b==A==b==B==c==AA==c=======a'
 'A===D==a==A==a====A===c=====D===c===C====c==A==c=====a'
 'A=A=a==C=====a==A====c====E==aA===d===A==b=a'
 'A=A==a==B==a==C=a=B===c=======A===c===A=a=a'
 'A=A=a=A=a==B=a=B==a====B====b===C==e====A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C=a=A===d======A=====b=a, 60, 11, 132, A===B====a====D====c==A=a=A==c====a
BA=a===C==a==A=a=B==d===A=a====A=b=a, 65, 12, 132, A======C===a==B==a==B===a==A====d==A=b===a
AA=a===E==c===C=====e=======A====a=a, 90, 11, 43, A=B=a==B=a=B===c=======D======e====a
A=====D====a=====B====d====A=====b==a, 107, 10, 132, A===B====a====D====c==A=a=A==c====a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 11, 132, A===B====a====D====c==A=a=A==c====a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.008636363636363636
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++



k = 29


Fold 1


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 498


Iteration 2
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 700

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 418

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 722

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 476

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 763

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 475

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 722

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 453

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 761
Final centroids: ['A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e========a'
  'A==B===B===b=====C===aA====a==A====a==A====b=A==c==Ab===a'
  'A=B===a==A==a=B==a===C==d====B==b==A=a===a=A=a==a'
  'A=A==a=Aa=A=a======A==a=====C==b===B===b======A=a==B===b======A==a===D====e===A===a=====A===a==a'
  'AA==a=======E===e===A=a=a'
  'A=A==a=A==a==B==a=A==b====A==a=A==a=A=a==A====a==C==a==A===a===C====c==A==c==A==a=Aa==a'
  'A=A=a=====E==e====Aa===A==a=a'
  'A==A=a==D===b==A=a==A=aA=a====C==aA=a=A==d====A=a=A==b==A=a=a'
  'BA==aA=a=C==aA=b=====C===aA=bA=c=b' 'A=A===a===E===e===A=a===A=a=a'
  'A=A=a==C======a==A====c====E==aA===d===A==b=a'
  'A==A=a====E===e======Aa==a'
  'A=A=a=======C==b====A==b=========E=====e======A==aa'
  'B=a=====A=a==A=a==A==a=====C====a==C==d==A=b====a'
  'A======D==a======B====d===A==a=A==b=a'
  'A=A==a===C===c======A==a=====C=====c===A==a=========E====d===Ab==Aa==a'
  'A=B==aA==a===B==a==C===a=A==c=A===c==a'
  'A===B====a======D====e=====A=====a=a'
  'A=======E=====b====A===d======E=======d===A==b==a'
  'A=====C=====a====A=a===B=a==B===b=Ac=====A===b==a'
  'A=Aa==D==b==A=a===B=====c=====D===d====D==c==A==c==A=a===a'
  'A==E==a==A==d===A=b==A=a=a'
  'A==E===c===Aa=====A===c=====E=d====C===c===A===b===a'
  'A==B=a===C=====aA=b===B==a===B==a=Aa==A===c===Aa==A=a==A==b===A==b==a'
  'A=E===b==A===b=====A==c==a' 'AA=a====E==e==A==a=A==aa'
  'A=====D=====b======A===a====C=====aA=d=======A====aA=b==a'
  'A==Aa====E===b=A=c===A==b==a'
  'A=B=a==B====a=====C=aA===b======A===a==A===a=A==c====A==b=a']
```

```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 26, 56, A=A==a===C===c
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 22, 56, A=A==a===C===c
A=B==a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c========C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 24, 56, A=A==a===C===c
A=A==a====C====c========A==a====E====c=====A===b========C===a==A===d=====A==a=a, 46, 19, 56, A=A==a===C===c
A===B==a==C=======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a==A===c===A===b=a, 52, 21, 153, A==B=a===C===aA
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 542

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 769

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 529

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 673

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 448

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 822

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 445

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 799

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 560

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 764
Final centroids: ['B=D=====b===B=b=Ab====aA==b=a'
 'A=Aa====C===a=A=a=A=a=A=a=====C=aA==b=A==c=====A=a==A==b====A=aa'
 'A=A=a=A==a===E===d==A=b==Aa==Aa=a'
 'A=Ba=C=====a==A==b====C==c====C======e====Aa=a'
 'A==A==a=A==a===B==a=A==b====A=a==A==a=A===a====A=a==C==a==A==b====D====c==Ab====A=b==A=a=a'
 'A=======D==c==A==a==A==aA=a===D==aA==b=A==c===A=a=A==b===Aa=a'
 'B=B=a=====C===d==Aa=A===a=b']
```

```
'A=A==a===C====b=====B==a===C====b===A===c======C===aA====d=====A=a=a'
'B=a==B=a=D==c====A====b==Aa===A===b==a'
'A===A==a==========E====b===A==b====B==a=B===c=====B==a==B==c===A==b===A===b=a'
'A=C==a=C===d===A=a=A==b=a' 'A=A====A===a====D===d==A==a=A==b==Aa=a'
'A==E=====b=A==c===A=a=A===b==a'
'A=A=aA=a===A==a=====Aa===D===b===A==c=====Aa==C==c========B==a=D===e====A===a===A===a=a'
'A==A=a==B=a=====D===c======B===c==A=b==a'
'A=A==a==A===a=====D===aB===c===B==b===A==b=A=b=====A=a=a'
'A=A=A====a====D====d====B==aA==c===a' 'A=Aa===E==d==A==b==A=a=a'
'A=========E===aA=b===B====b===B===a==A=a==A====c==B=====c==A=b==a'
'AAa=====E==e====A==a====Aaa'
'A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=a'
'A====B=a=B==a==A=aA=a==C===d====C===c===B==c====A==a=a'
'A=B=aA==a=Aa==D==c==C====b==A===a=A==c====A=a=b'
'A=C==a==C==a=A==b==A=a=A==c==A==b===a'
'A=Aa===B======a==A==a===D=====a=A===d==A==b=a'
'A=A==a===C==a===C====c==A=a===B==c===A=a=b'
'A==A=====a==A==a=A==a====B===a=A==b===Aa==C=b==Aa======B==a==C===d===A==a====A===b=a'
'A==D======a===A==c=====D====c==A===c====A=a=a'
'A=B=====a==D==e=====A==a===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 26, 121, A==
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b=====B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 26, 121, A==
A====B=a=A==a==A=a==C=====a==A==b=====Aa==C====d======B=====a=B===c===B==aA====b=A=b=a, 153, 21, 121, A=
A==B=aA==a=A==a====B===a=B====a=A=====c======C=====b====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 25, 121, A==
A===B======a=A====a=A=a===B=====a====A==b=====B===b======C===a==B==c===B===b=A====c==a, 152, 25, 121, A==
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 545

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 764

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 613

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 668

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 472

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 737

Iteration 7
Found centroids not unique
```

```
Terminal measure: Et = 552

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 656

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 501

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 754
Final centroids: ['A===D===b===Aa==BaB===d====D==c===C====d==A==b=====a'
 'A======E====e======a' 'A==B=a=C===b=Aa=A===c======E=====d===A==b==a'
 'A====B=a==C==a==Aa==A===c=========D==a=A==e=====A===a=a'
 'A======E==c===A=b===A=b=a' 'AAa===B==a==A==a===D==a==A==e===A==a=a'
 'A==B==a=B===a==Aa=A=c=========E======d===A==b=a'
 'B=B=a===C==d===A==a===A=a=b' 'AA=a===A==a===E==e====A=====a====a'
 'A=A=a===D===b===A==c=========E======e====A==a=a'
 'A=A=====A===b=======D=aB==c=====B===b===A==a=A==c===A==a=a'
 'AA==a=====C==c===========A==a====E====d==Ab=======A=a==B==a=A===b====A==a=a'
 'AA=a==A==a==B=aA===b===A=a==A==a=A==a==A==a===D=====b===C===e======A==a==a'
 'A=A==a=A===a====B==a===D==d=====A===a=A===b====A=a=a'
 'A==C==a===C===c====A==a==B==b===A======b=====C===aA===c==A==b==a'
 'A=A=a===Aa==A==a==Aa==C===b==A=a=A=a===D===d=====B===a=B===c==A==a=====A==b=a'
 'A=A=a==D==a=B======b=A=b===B==d===Aa=a'
 'A==B====a===B=====aA=a====B===b===C==d===Ab====a'
 'A=======D==a==B=a==A==c====A===a=A=b=b'
 'AA=a=====D===a=A=a==A==b=====B==a====B===d=====A===b==A=a=a'
 'AA==aAa===A==a=Aa==Aa===E===b=A==c====A=a=B==c========B=a==C==d===A===a===Aa=A==aa'
 'A=====C==b===A==a===B===c======E===e======D===d==A====a==Aa=a'
 'A=A=a===B==b======E=====c==Aa==C==c===A=======c====A==a=a'
 'A====A====a====A=a====Aa===C===b===A===b========E====e======A=a====C===c===A===a====A====a=a'
 'A====C==b====A==a====C====d======D==d======E====d====A==b=====a'
 'A=A=a=A===a===E===c=A==b=A=b====a' 'A====A=a===E====d==A=a==A===b=a'
 'A==A=a==E==e====Aa=A=aA=aa'
 'A===D===aA===b===B==b===A=a==C===c===A===b=A=b==A=a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 7, 110, A======E====e======a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 5, 110, A======E====e======a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 6, 110, A======E====e======a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 4, 110, A======E====e======a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 9, 110, A======E====e======a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 4


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 478


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 698
```

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 408

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 780

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 541

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 749

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 509

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 693

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 458

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 636
Final centroids: ['AA=a=====D==c==A===a====D===b==A==d===A==a==a'
 'A=======E=====b=A=a==A==a=Aa===B=====a===A===c===A=a=B===d==Aa==a'
 'A=Aa=A=a==E===e===A=a=A==aa'
 'A=A=a=A===a=A==a=A=a=====B===a==A==b===A=a===C=====c=====B===a==D==e====A==a===A====a=a'
 'A=C===b=======A==a===D===c===C==d==A==b===a'
 'A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a'
 'A===B==a===D==d======A===b==a'  'A=B==a==A==a===D===c===A====c===A=a==a'
 'A=====C==a===A==a===C========d===A=b==a'
 'A=A==a==B===b========C==a==C===d====B===b===A====a==A=b==A==a=A=a=a'
 'A=A=a=Aa===B==a=A====a====B====b====D=d=======a=a'
 'A==A=======a==========E===d=====A==a=A==aA===b====Aa=a'
 'A=====D===a===A==a==B====a==A==b==A==d====a'
 'A==Aa=B====a====D===c===B==aA==d=====a'
 'A==B=a==B==a==A=aA==a==Aa===C==a==A=====c===A==aA==bA=b==a'
 'A=A==a==A==a==B=a=B==a==C===c=====B=d==A=a=====a'
 'A=A=a=B=a==D==d=======C===d=======a'
 'A=B==a===D====d=======C==a=B==a=A=aA=====d=======D===aA====c==A==c==a'
 'A======B===a=====D==c====A==b=Ab====a'
 'A===C===b===A=a=====B==c=====E==e======E==d====A==b====a'
 'A=D==aB=====a=A===a==AaA===a==A======a==A=====b=A=d=====a'
 'A==B=a==C==a=B==a==A=aA=aA=a===A===b===B===c==A====c===a'
 'A=Aa====E===e====Aa=a'
 'A=A=a=A====A=a==A=a====C===b===A==b=====B======b====A=a====D==d===A==a====A==b==a'
 'AA==a===B==a=A==a====D===aA==d===A=b===a'
 'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
 'A=B==a=A==a==A=a===B==a=A=a==A====a==C===c==A=c=====a'
 'A=Aa====C====a==A===b====B=a==C===c==A==b===A=====b=a'
 'A====D===b==A=a==A====b=====D===e====D===d===A==a=A=a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```

```
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 14, 72, A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 12, 152, A======D===a===A==a==B====a==A==b==A==d====a
A=A=a==A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 10, 72, A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a
A=A==a==A==a==C==a==C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 12, 148, A=====C==a===A==a===C========d===A=b==a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a==A==c====Aa=a, 58, 14, 64, AA=a=====D==c==A===a====D==b==A==d===A==a==a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 5


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 611


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 651


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 489


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 697


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 476


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 689


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 512


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 703


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 422


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 652
Final centroids: ['A=A=====a===E===e====A=a==A==aa' 'A==D====a=B===d==A===b=====a'
 'A=A=a===C==a=Aa====A==c======E======e===A===a=a'
 'A=A=a==C==a===A====a==A=a==C=a=A=a===A==c==A==a=A==c==Aa=a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a'
 'A=B=a==D=====a=A=b===A==a==B=====a====A===b====A======cA=b=a'
 'A==B==a=B===c========E=====a==A==a===A==b===A===a==A==c==A===b==a'
 'AA=a====C==a===C=====c==A=a=B===d==A=a=a' 'A=Aa=====E===e=====A=a==a'
 'A=B=a=A=A=a==A==a==A==a==A=a=B===aA=a==C===d==A=b===a']
```

```
 'A======C===b=======C===a=A=a==Aa=B===c===A===a=A====c===A=a==a'
 'AA==a===E===e=======A==a=====D======b==A==c========D==aB=====d====A==b==a'
 'A=A=a=B===a==A=a==Aa=B===c====E==d====C====d===A=a=A=a=a'
 'AA==a===E==d===A=a==A==b==a'  'A====DaB====bAd======a'
 'A=A==a===C===b======B==a=B==a====A=a=A===b=====C==a=A===d===A=b==a'
 'A===A=a===E==e===A=a=A==a=a'
 'A====B=====a=B==b===D===d=====A==a==A==b======a'
 'A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a'
 'AAa===B===a====A===a===D==a=A===e====A=a=a'
 'A=B=a=A==a==A==a=A=a====B=a=B=====a==B===e====A=a=a'
 'A=A=a==C=====a==A==aA====a====C======b=A==b==A=a==A===c=====a'
 'A=B==aA=a===A=a=A=a==B==a=B====a===B===e========a'
 'A=A=a===E===c==A=a=Aa==A==c====a'
 'A=====C==b===A==a==A=aA==b=====E===e=====D===d====A==a==A=a=a'
 'A=A=a==E===d==A=b==A=a=a'
 'A==C===a=A==b==B==c=======E===c===B==b=A=c====A==aa'
 'AA=a==A=a=A=a==B==a===B=a=B===b===C==e========a'
 'A======E==c=A===b===A==b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 5, 18, A===A=a===E==e===A=a=A==a=a
A====B=a=D====bAb==A===c=a, 138, 8, 120, A====DaB====bAd======a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 3, 114, A=A=a====E===e======Aa=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 4, 18, A===A=a===E==e===A=a=A==a=a
A===A=a===E==e===A=a=A==aa, 160, 2, 18, A===A=a===E==e===A=a=A==a=a
Accuracy: 0.018181818181818181818
```

```
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Fold 6
```

```
Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 513
```

```
Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 670
```

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 424
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 839
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 617
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 740
```

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 451
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 718

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 448

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 627
Final centroids: ['A=A=======a=A==a===A==a===B====a===A==b===A=a===B=a=A==b=======B===a===D==e===A====a===A===
  'A=A=a===E===d==A==b======a'
  'B=a=====E===c==A=a===C==d====Aa=A=a==A=b==a'
  'BA=a==D===d=====A==b=A=a=a' 'A===D==a==B===d===A====b===a'
  'A=A=a===B=a=====D==d=======B==c===A=a=a'
  'A====C==a=B====b======C====e======a'
  'A=A=a==A==a=A=====a=B==aA=a===D====d====C==d====A=a====a'
  'A=Aa====C===a===A==c=====C=aC=====c==Ac=======A===a=a'
  'A=Aa==Ba=D===d=====C==c==Ab===Aa==a'
  'A=B===a==A=a=B====a=Aa==B======a===B====d===A==b=a'
  'AA==a=======E==e=====Aa=a' 'A====E====d===A==b==Aa=a'
  'B=A==a===B=a=A==a===C===d====B===a==A====c===A=a=a'
  'A==A=a====C==a===A==c========E===e====A==a=a'
  'A=B=a===C==a==B====b=====B===e==a'
  'B==Aa=A==a==Ba==C==b==A=b===A==b==A==b=a'
  'A=Aa===B===a===B==a====C====b===A==c==A=b====a'
  'A======E=====aA=b===A====a===A====a==AaA===a==Aa==A=====c=A=b=a'
  'A=Aa====D===b==C===b===A==a==B==aA==a=====c==A=a=A==b=A=a=a'
  'A===A==a==E=====d=====A===b==a' 'A===B====a====D====c==A=a=A==c====a'
  'A=B==a==B==b===B===c========E====d=====B===aA==c===A=aa'
  'A==B===a=B==a===C====c===A====c===a'
  'A=B===a==B=aA==aA==a======C====c===A=======c====A=a=a'
  'A=A=a===E==c==A=b==A==b==a'
  'A===A=a===C==b=====B==c==========E======e=====A===a=a'
  'A=B====a===D==d==Aa=A===b===a'
  'A=Aa==B=a=A=a==D====b==A=a===A==d===A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 7, 132, A===B====a====D====c==A=a=A==c====a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 5, 12, A=B====a===D==d==Aa=A===b===a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 7, 12, A=B====a===D==d==Aa=A===b===a
A===B====a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 8, 132, A===B====a====D====c==A=a=A==c====a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 5, 12, A=B====a===D==d==Aa=A===b===a
Accuracy: 0.00909090909090909

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 499

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 729

Iteration 3
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 483

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 818

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 477

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 829

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 515

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 991

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 463

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 825
Final centroids: ['A=A==a===C=a=C==c======B==d====a'
 'A==B==aA===a====D=c===C===d=====B==b===A==b===A=a=a'
 'A=======D==b==B==aA==b======C===b===A==b===A==aA==c======a'
 'A=A=a==Aa=B==a=A=a==C==d=======E======d=====A===b==a'
 'A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a'
 'C======C=a==A=aA===c=====C====e====Aaa'
 'AA=a====D======a=Aa==B====a====A===a===Aa==A=====a===A==aA=b=A==d==a'
 'A====B==a=A==a===C==d=====D==d====E===e===A=a=A=a==a'
 'A=D==a=A===b=A===b=====D====a==A=====e===Aa=a'
 'A==B===a=C==c========D==aA=e======a'
 'A=A==a====C====b========A==a===C=a=B==d=A=aA==a======B==aA===c=====A===a=a'
 'A=Aa===C=a=B==c===D==c=B==b=======B==a===A=a=A===b=====B==aA===d====a'
 'A=B===a===A==a=A===a===D===c===B=====b==A==c===AaAa=a'
 'AAAa======D==e=========a'
 'A=======E=====e===C===c========D==a=A===d====A==a==a'
 'A=====B====a=A===b=======E===e========A=a=A==a=a'
 'A=A=a=A=a==A=====A==a===A==a=A===a====A=a==D==e=======A==a==B===b==A==a====A===aa'
 'AA=a==B==a======D==c=A==b===D==e=====a' 'A=Aa===E==d==A==a==A=b=a'
 'AA=a====E=====e=======a'
 'A=Aa====D==a=B===c==B==c=====B==a==Aa==B==c======A===b=Aa=a'
 'A=C===a=a==B==a=A==b=A==a===D==e======a'
 'A=A==a===D==a=B=a=A==b=A=b===C===e===Aa=a' 'AA=a=====E===e=======a'
 'A=A===a=====E==e========A==a==a'
 'A===A===a=====Ba====D===c=A==c======C===b=====C===a=A==d===A==a==A==a=a'
 'AA=a==C=aC===e===A=a====a' 'AAa===A==a======E===c==A==b==A==b=a'
 'A=======D===a=A==b===C==b====A=aA==a==A==b====B==b=A==c==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a==B======a=====C===a=A==b===B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 27, 154, A=A=a=
A=B==aA==a====C==aA==c====B==b=A=a==Aa==A==a====D=b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 29, 154, A=A=a=A=
A=B==aA==a====C==aA==c====B==b=A=a==Aa==A==a====D=b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 29, 154, A=A=a=A=
```

```
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a====C==a==A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 24, 154, A=A=a=A=
A==A===a==A==a==B==a=B==b===B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 27, 154, A=A=a=A=
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 408

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 779

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 537

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 702

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 552

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 721

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 542

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 670

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 464

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 720
Final centroids: ['A====D===b==A==a=====B===d======E===e====E===d==A====b====a'
 'AAa==A==a=====E==d===A=a===D==e===A=a=a'
 'A=A=a==B===a===C==c=======B=a=Ba=B==c==Ab=========a=a'
 'A=B=====a==A==a===B===a==C===a=A==c===Aa====B===c====Aa==A=a==B==c===A===a===A====a==a'
 'A=A==a===E===e========A==aa' 'A===A====a==C==c==Aa====E===e=======a'
 'A=B==a==B=a==C====c====B===d====a'
 'A=A=a====D==b==A==a=C==e=====A===a==A==a=a'
 'A===D===a===A===aA=a=A==a===A=====a===B====b=A==d===a'
 'A==A=a===B=======a====A===a===D===b=Aa==A====b======B===aA===d====A==a==a'
 'A==B======a==A==a==A==a====A===a=A==a=Aa==a=A==a=A==a=====C==b====A==a===C====c===A=a=A==b=A=b==a'
 'A=Aa=====E==e========a' 'A=A=a====B==a==A==a===D===aA==e=======a']
```

```
  'A=======E====e====A=aa'
  'A=A=a===C===a==A==c==========E====e======A==a=A==a=a'
  'A=Aa===C==a==B==b==C=d=====C==c=====A==b=A=a=a'
  'A=Aa=B==a=Ba==C==c===Aa==A==c===A==a=a'
  'B=B=a=Aa==B===aAa==A=a===A====b===C===d==Ab====a'
  'A=A==a=====D===b==AaA=a==A==a======B===a=A==a==B==c=====B===bAc===A=a=a'
  'A======C==a==C===a=A==a==A==e========a' 'A=A=a==E====e===A=a=a'
  'AAa======E===e====Aa=a' 'A=A====a===E==e====A=====a=a'
  'A===C====b========B====c====E===d===D====e===A===a===a'
  'A==B==a==B=====a===A=a=Aa==B=====a===B===d===A=b====a'
  'AA=a=====E==e==A=a===A=a=a'
  'A==E===aA===b==A==c=====D======b=B==b=A=d===Aa==a'
  'A==A==a====E==d===A=a==A==b=a'
  'A=Aa==B===a==A=a===A===aA=a====D===e=====D==d====A==a==A=a=a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 51, A=B==a==B=a==C====c====B===d====a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 10, 102, A=A====a===E==e===A====a=a
A=A=a===C==a=A====a=B=a=B===e==a, 100, 11, 102, A=A====a===E==e====A====a=a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 11, 35, A=A==a===E===e=======A==aa
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 10, 51, A=B==a==B=a==C====c====B===d====a
Accuracy: 0.01818181818181818

++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 531

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 726

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 483

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 802

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 458

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 622

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 427

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 734

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 485

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 750
Final centroids: ['A=A=a=====E====a=A==d===B==b=====B===a===B=a=B==d======B=====c===A=a=a'
 'A=A==a===D===b===C=====c======A====aA==c=a'
 'A=Aa===C=a=====A===a===C===b==A==c===A==b=a'
 'A====C===a=======B==c====C===b===C===e====A===a==a'
 'A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b==A===b==A=a=a'
 'A=====C====a==A=a==A=a=A=b======D===d=====C====c===A==aA==b=a'
 'A=A=a======D===a==A=a=B==c=====B==a===A==a==A==a===A=====c==A==b=a'
 'A===B===a===C===a==B==d====B==b==A===b===A=a=a'
 'A=======E==b==A==a=A==d=====A=a=A==a=a'
 'A=====B=a==B==a======C==d=======A==b==a'
 'A==B=a==D===b==A=a=A===c===Aa=A==a=A==b=a'
 'A=A==A==a==C==b=Aa=====C=====e======a'
 'A=A=a=BaB==a==A=a==C===c=====A=a=A===c==a'
 'A=A==a==C====b=======A==a===D=====d====A==a=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A=AaA=a====E===e=======A==a=a'
 'A===B==a==B=====a==B==d========E=======d==A===b===a'
 'B===D===c=====B=====b=====A====aA===c=a'
 'A=A=====a====B==a=A===a====A==a=A=a==Aa=A=a=====D=b==A==b==B==c==AA==c=======a'
 'A=Aa=A==a==B==a=A=a=A=a====D======d====C===c==A=b====a'
 'A=B=a===D==b==A==b====A==a==C===aA=a=A==c===A=a=A==c==Aa==a'
 'A=Aa==Ba==C==c==Aa===D======e=====a' 'A======E====e====A=a=a'
 'A=A=a===E==d===A===b=A=a=a' 'A====A=a==E===bA=c==A==b=A=aa'
 'A=A==a=A=a=Aa=======D===b===A==b====B==a=A=b====B==a=C===e=========A==a=a'
 'A==A=a===D===a=A==a=A=====a=====B==a=A=a=A===b=A======c=A=b=a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A=a==Aa===B=====a==C===e==Aa====a'
 'A===A==a===C==a=B=aB==b==A=b===B==d==A=a=a'
 'A=B==a=B=a==C==aA==a==A===d=A=b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c=======E===b===B===d======a=a, 7, 14, 78, A====C===a=======B==c====C===b===C===e====A===a=
A=D===a=A==b==A==c=======E===c===A==b=Ab====Aa=a, 16, 16, 18, A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b=A===b==A=a=a
A=B======a====A==a===B===b====D====e======Aa==a, 93, 12, 78, A====C===a=======B==c====C===b===C===e====A===a=
A==E=======b==A==a===B====b===A=====d=======a, 132, 13, 153, A===B==a==B=====a==B==d========E=======d==A===b
A===D==aA==b===B==b======C===c===B==aA=d===Aa=a, 151, 15, 18, A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b==A===b==A=a=.
Accuracy: 0.00909090909090909

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 478

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 694

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 397
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 710

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 450

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 640

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 432

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 631

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 447

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 750
Final centroids: ['A=A==aA=a===B=a==B==a===B===b===C==d==Ab==Aa=a'
 'A=B====a====D====c===A==a===A==c===A=a=a'
 'A======D==a===B==c==A==b====C==a====B===d=====B===c==Aa==a'
 'A========E===e=====A==a=a'
 'A===A=a==D==c===A=a=A===a=A=a======D==a=A==c==B==c=====A=a==C==d======a'
 'A=======E==d====A==a==A=c'
 'A=D==aB====b==A==c=====D==a===A====e====Aa=a'
 'A=A=====a====Ba==D==e====A==a=A==a=a'
 'A====B==a===Ba===C==a=A======c=A=c=====a'
 'A=A=a==C===a===B===c====C==a=B=====e=======A==a=a'
 'AA=a=====E===e=====Aa=a'
 'A==Aa===B=====a=A===b========E====e========A==a==a'
 'A=A==a==A==a=======D=a=B==c====A==b==B=======bAb==A==a=a'
 'A==D==b==C=====b=Aa===B===aA===a=A=a==A=a=A===c======C===aA=====c===A==c==a'
 'A====A==a=====E==d===B==c========a'
 'A=Aa==B===a===A==a====D==c==A==c===A==a=a'
 'A=A=a==A=a====A==a==E===b==A=c==A==b==a'
 'A=A=a====D==a==A=a=B===d=====A==aA==b=a'
 'A==B==a==A==a====B==b==D====c=====B==b==A==c====A=a==a'
 'A=C==a===C=====d===A==b=a'
 'A=A==a===B===a=======Aa==D==aA==e==========B==aA===b===A=a==a'
 'A=Aa==B==a==C=a=B=c===A==a===B==d======A=aa'
 'A=B===a===B===b======B==a===B==b==Aa===C===c======A==a=A==b=A=b==A==a=a'
 'A=B==a=Aa=====D===d=======A===b==a'
 'A========E===c==B===b===B===b====B==a====A=a==B==c=====B==aA===d===a'
 'A==Aa===D===a=Aa=A==c====C==a==B===c==A=b==A=a==A=b==a'
 'B=a==B==a=Aa==D===d======C===d=======a' 'A==D===a==B==c==AA===bAc==a'
 'A=Aa==C==a==Ba=B===b=Aa==A==d=======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 10, 27, A=A=a====D==a==A=a=B===d=====A==aA==b=a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 11, 64, A====A==a=====E==d===B==c========a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 11, 88, A=A=====a====Ba==D==e====A==a=A==a=a
A=====D====a=====B===d====A====b==a, 107, 10, 64, A====A==a=====E==d===B==c========a
```

```
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 11, 88, A=A=====a====Ba==D==e====A==a=A==a=a
Accuracy: 0.01818181818181818


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.01090909090909091
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 32

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 575

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 825

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 610

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 780

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 549

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 738

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 492

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 759

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 559

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 797
Final centroids: ['A=A==a==A=a==B==a==D====d====A==a==A===b===Aa=a'
 'A====B===a=====D==c===A=====c=A=a==a'
 'A====Aa=A=a===B==b===E==e======A==a==A=====a======a'
 'A=A==a==A==a========C=a==B==b=====B==b===C===b=A=d====A=a==a'
 'A==B====a====A==a=A====a===A====aA=a==A==a=A==a===C====b=====C===c===A====c====A=a=a'
 'A====B==a====A==a====D===b==A==d==A==a===a'
```

```
 'A=A==a===C==a====C====d======AaA===b==a'
 'A=B==a==A==b=========E=====a==A==a==A======d=====A=b==a'
 'B=B==a=B==a==A==a===B=====c===A===a===A===c====A=a=a'
 'A=A=a==A=a=A=a==B==b====A=a=A==a=A=a=A=a==C==aA==a==C===c==A==c====A=aa'
 'A=Aa====D===a====A=a=A===a====B===a====A===c=====B=====d====a'
 'BAa===A===a==A===a===D==b==A==d=====A=a=a'
 'A=A=a==A=a==A=a=A==a===A=a==A=a==Aa=A==a===C=a=A==a==C===b==A=b=A=c=====a'
 'A=A====D===d===A==b==A==a=a'
 'A====C===a=A=a==B===c====D===c===C==d===A===b===a'
 'Ba======E===e=========B===a=B===b==B==b===A===b===A=a===D===a==Aa=A==d====A==a=a'
 'A========D==a=A==a=====B====b===A==a====B=====c====A====b=Ab===a'
 'A=C==a=B===b===B==c=====D===c=====B==b=A=c===Aa=a'
 'A====DaB====bAd======a'
 'A=A==a===C======b======A==a===B===b==D==c====A====b=======C==a=A====c==A=b====a'
 'A=======E====d==Aa===D===a=A===b===A==a===A===a==A==c==Aa=A=b==a'
 'A=B===a========D===aAa==A====e===a'  'A=A==a===E===e=======A==aa'
 'A==B====a==A====a=====D====e=======a'
 'A=A=a===C====a=====A===c========E=======e===A=aA=a=a'
 'A==A=a===B=======a==A==b=========E====e=======A==a=a'
 'A=Aa====C=====a==A===b====B=a==C===c==A==b===A=====b=a'
 'A=A=a=====E===a===A==a=A====b===B==a===A=======c=====B======d==Aa=a'
 'A=Aa======E===e=====A=a==a'  'A=A=a===C=a=B=a=B==b==A=a===A==c==Ab===a'
 'B=B====a==C==d=====A==b====a'
 'A=A==a==B====a===B===c=======Ca=C==e====A===a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a====D==c====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 22, 43, A=A==a===C====
A=A==a====D====c========B====a==C=aA===c===A===c========D==b===A=====c==A==a=a, 19, 22, 43, A=A==a===C====
A=B==a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 21, 43, A=A==a===C=====
A=A==a====C===c====a====A==a====E====c=====A===b=======C===a=A==d=====A==a==a, 46, 18, 43, A=A==a===C=====
A===B==a=C======b======B=a==B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A==b==a, 52, 22, 43, A=A==a===C=====b
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 496

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 754

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 598

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 879

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 594

Iteration 6
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 951

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 619

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 890

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 586

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 787
Final centroids: ['A=A==a===C===c======B=a===D==aA=a=A===d======D========c==A=c===a'
 'A=Aa==B=a==C==b====B==b==A==a=====B=====a===A=a=B==d======A=====b=A=a=a'
 'A=B=====a=====C===b====C======e===Aa=a'
 'A=B=====a====Aa=A=a====Aa==C=====a=B===e======Aa==a'
 'A===A==a==Aa===B==a===C=====a=A===c=======D====d=====Aa===C====b==A===b===A===b=a'
 'A=======E====e=======a'
 'A==B=====a===A=a=B==c=====A=a==A=a==Aa=Aa=A===a===C==a=A==b===D====c==B===c=Ab======a'
 'A====E===b==A=a=A==aA==c====D===d===D====c==A==c=====a'
 'A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a'
 'A==Aa===D======a=A===b==C==b======B==a==AaA==a==A===b====B==aA===e====a'
 'A==B==a=A==a===A==a=====D===d===B==a=A=c=======a'
 'A========E===e====A=a==a'  'B=B=a==C===d====A==aA=a=b'
 'A=B=a==B==a==A===b===D===c=====B==a==A=======d====a'
 'B==A=a===D=======c==Aa===A=b=b'  'A====A=a===E====d==A=a==A===b=a'
 'A====E==d==A===b===A==aa'
 'A==C=======a=A==a==A==a====B====a===B==d===A==b===a'
 'A=E===b==A===b=====A==c==a'  'A====A==aA==a===E===d==A==a==A==b====a'
 'A==A==a=A==a===E==a=A==c==A=c=====a'  'B==B==a===C===c====A=====c==a'
 'A=A==aA==a===B==aA===a=Aa===B===b====D==e===A=a=Aa=a'
 'A=====C====a===C==c===A=a=A==c======a'  'B=B=aA===a==C===d==A==a=A==b=a'
 'A====C==b==A==a=====C==d=======E==e=====E==e=====A==a===a'
 'A===A===a==A==a====E==b==A==d==A====a=a'
 'A=A=a===B=a==C==b==C==e====B==a===A===b======a'
 'A=A==a====C====b=======A==a===C=a=B==d==A=aA==a======B==aA===c=====A===a=a'
 'AA==a===B=a=====D===d==Aa==A==b===A=a=a'
 'A=Aa====E===b==A===aAa=A=a====B==a=A=a==A===c===A=a==A==c==Aa=a'
 'A===C===a==C==d==A=====b===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 25, 91, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B======a==A==a===A==a=A=a=A==b======B===a=C===c==A==aA==b=A===b=a, 40, 31, 91, A===
A====B==a=A==a==A==a=C=====a==A==b=====Aa=C====d=======B=====a=B===c==B==aA===b=A=b=a, 153, 29, 91, A==
A==B==aA==a=A==a====B===a=B=====a=A=====c======C====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 24, 91, A===
A===B=====a==A====a=A=a===B=====a====A=b=====B===b=======C===a=B===c==B===b==A====c=a, 152, 28, 91, A===
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
```

```
Terminal measure: Et = 541

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 645

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 508

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 796

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 464

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 825

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 494

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 903

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 578

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 798
Final centroids: ['A=B==a===C=a=B===b==A=a=A===d==a'
 'A=A=a====C===c======A==a==C=aC==d===A==b========D======d=======Ab'
 'A====E==d===A==a=A==b=a' 'A====C======a====C===a=A=====e======a'
 'A=A=a===B==a====A==a=========C===a=B===d===A=b==Aa=a'
 'BB==a===C=======c===A==a=A=a=A=a=A=a===A=a=A===b===B==aA==aA===b=A=a=A==a==Ac'
 'A==B===a===C==b=A=a====C=====e=====a'
 'A=B=====a==Aa=A=a==B==a=B=======a=A====c=========C==a====B======a=A====b==A====b===A====c==a'
 'A===B==a==D==e==A=a=A==a=Aa=a' 'A=D===a==B==d===A===aA=a=b'
 'A===B=a=A==a====D===b==A====d======a'
 'A===B==a====B===a====A==a===C===c====C====e======A=a=a'
 'A==C=a=Aa==C==aA=b===A=aA==d===a'
 'A=Aa=A==a==B=a=A=a=A=a====D======d====C===c==A=b====a'
 'AA=a===E==e====A===a===a'
 'A===B==a==A=a==B======a==B==a=B==b===B===d==A=b=====a'
 'A==A===a===A=a==A=a===C===b==A=a=======D=====e=====B===a==B==c===A==a====A===a=a'
 'AA=a====B=a==C=a=B==c======A===c==Aa==a'
 'A===C======a==Aa===C===c====A===a=A==c=a'
 'A=B==a==B=====b====D==c=A=c====a' 'A===E====a==A==b==A=aA===d===a'
 'A=Aa===Ba==C==a=A==a==B==b====B===a==Aa=A===c=====B=====d====a'
 'A=A=a====E===d======A==b=a' 'A=A=a===E===d==A==b======a'
 'A=A===aA===a====E=e====A==a=A=a==Aa=a'
 'A=A==a==B===b=======D===a=A====a===A==a==B===a==A==d===A=b==a'
 'A==A=a===B=b=======C===a=B===a=====B===b===B===a=A===e===A=a==a'
```

```
  'A===E===c==Aa======B==d======E===e====E==d===A==b==Aa=a'
  'AA=a=A=a==A=a======C=====a==A=b===A==a===D===d=====Aa==D===d==A==b====A==a=a'
  'A==E====b====B=c====A=====c==a'
  'A====B===a===A=a===B===c======E===e=====E===d===A==b====a'
  'A==B==a==A===a======B==a==C===b=====B==b=A====b==A====c===A==a=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 8, 63, A====E==d===A==a==A==b=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 6, 137, AA=a==E==e====A===a===a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 5, 149, A=A=a====E===d======A==b=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 7, 137, AA=a===E==e====A===a===a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 9, 149, A=A=a====E===d======A==b=a
Accuracy: 0.004545454545454545

++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 633

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 776

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 627

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 843

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 514

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 848

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 549

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 872

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 553

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 848
Final centroids: ['A===B=a=A===aA===a====A=a====D===b===B====d======a===a'
  'AA==a==B====b======A=a===E======b=A==d======C===aA==c=====A=a=a'
```

```
'A=Aa=B==a=B==a=B==b===A===a==A==b==A=a=A===a===D====c==Aa===A=a=B==b===A==b==A==b=a'
'A==D====a===B==d=====A====b==a'
'A======D===b===B=a=B===e===A=a=A==a==A==a=a'
'B=B=a=A=a==C====b=====A=====d=a'  'A=Aa==Ba==C==c==Aa===D======e=====a'
'A=Aa==C=====a==A=b=====B=a=C===d===Ab==A=a=A===a=a'
'A======E=====e====A=a=a'
'A==B=a=B===b====C===a===A===a==A==a===B==a=A==c==A==c==a'
'AA==a===B===a====A==a===D==a=A==d===A==b===a'
'A=C===a==B==a=A==b==C===d=====C===b===A==c===A=a==a'
'A=A=a===C==a==Aa==C===d=====A=a=A=b==a'
'AA=a===C==a===B=a=B===c==A=a==C==e========a'
'A==E===a==A==b==A=aA===d====a'  'A=Aa==D==a=B==e===A=a=a'
'A=A=a==E=====b=Aa=Aa==B===b===A===a==A=a=A==b=====B==b==A==c==a'
'A=A=aA==a==B=a==B==b===A=a=A==a=====A==a===C======b===C==c==A=b=A=b=A=a=a'
'A=A=a====D=a=B==c==A=a=Aa==C===b====B==a====A==a=A==b=====B==aA==e==Aa=a'
'A=Aa==B===a==A=a===A===aA=a====D===e=====D==d====A==a==A=a=a'
'A====B==a==C==b==Aa====C======e=====a'
'A=A==A==a==C==b=Aa=====C======e======a'
'A====D===c===A===a==Aa==C==d======E===e===C=====b===A==b==Aa=a'
'A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a'
'A==AaB=a=B=====b======D====e=======a'
'A=A=a==A=a====A==a==E===b==A=c==A==b=a'
'A=A=aA===A===b=======D===b==B==a=Aa==B===b===A===b===A==b===A==b=a'
'BAa==A==a====D===d======A====b==A=a=a'
'A====B=a=B======a===C=====e======a'
'A=A=a======D===b==C=b=A==b====C===a====A=aA==d=====B==b=A=b=A=a=a'
'B=A=a=A==a==Aa==B==a=A===a====C===c====C==d===A====b==a'
'A=A=a====E==e===A=a===Ab']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
A==B=a=A==a==C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 14, 72, A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 14, 72, A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a
A=A=a==A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 10, 72, A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a
A=A==a==A==a==C==a==C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 14, 148, A=C===a==B==a==A==b===C===d=====C===b===A==c===A
AA=a===B==a==D==b==B===c=====A==a==A==c====Aa=a, 58, 13, 135, AA==a===B===a====A==a===D==a=A==d===A==b===a
```
Accuracy: 0.0

+++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 514

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 637

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 525

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 659

Iteration 5
Found centroids not unique

```
Terminal measure: Et = 530

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 674

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 472

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 703

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 524

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 800
Final centroids: ['A=A=A====a====D====d====B==aA==c===a' 'A===E===a=AaA==a==A====e====a'
 'A=A=a====C==a===A=a=A======a===C==a=A==a=A===d====A=a=A===b==A=a=a'
 'A==B===a=B==a===C====c===A====c===a'
 'A===D===b==A=a=====C==e======E===e=====E==d====A==b====a'
 'A=A=aA=a===B==a==B==b===B=====b======A=a====D===b=Aa===B===c==A==b=A==b===a'
 'A=B====a==C====b=====A===c======E==a=A===d===A====b=a'
 'A==B==a=B===c=====C==c========E===d===C======d===A=a=a'
 'A=A=aA====D===e=====A=a=A==aa'
 'A===D==a==A==a=====A===c=====D===c===C====c==A==c=====a'
 'A=B=a===D==a=A===b===B==e====a'
 'AA==a==B==a==B==b======D===bA=d====Aa==A=a=a'
 'A=====B=a==C===c======D====e====Aa=a'
 'A=Aa====E===d=======C==b===A===a===C=====b===A====b==A==a==A===c=====a'
 'A=A==aAa===E==e======A==aa'
 'A=B=====a===C==a=A===b=A==a=A==b=A=====a======D====aA==b===B===b=A==b==A=c==Aa=a'
 'A=======E=====b=A=a==A==a=Aa===B======a===A===c===A=a=B===d==Aa==a'
 'A====D===a==A==a==Aa==A=b======C====c===C=====d=Aa==A==b==a'
 'A==C==a=B==c===B===a==B====c=====D===e=======Aaa'
 'AA==a===A====a=Aa====A===a===E=====d==A==b========B=a==A==b=====A=a=a'
 'A===B=a==C==a=Aa==A==c======D========d===A====b=a'
 'A=B=a==B=====a=====C=aA===b=======A===a==A===a=A==c=====A==b=a'
 'A====C==a===A==a====C===b==A==c==A==b==a'
 'A=B==a===C==a=B==aA==c====A===b=Ab=a' 'B=D====a==A==d=====A===b==a'
 'A=A==a===C==a=C===c=====C===e===a'
 'A=====D===c==Aa==A==a=A==b====E===e====D===d==Aa=A==a==a'
 'A==B=====a===C=======b===A==b==A=a=====A====a===D======a==A====a=A======e===Aa=a'
 'A=====B===a==A=a===B===c====E==d====D==d===Aa=A=b===a'
 'A=A======A==a===B===b==A=a====D===b=A===c===A=aA===b=A=a=a'
 'B=A=a==B==b=======C=aAaA==aA=a==B===b==B===b=A===d=====Aa=a'
 'A=A=a==B===a====D==e====C===c====C==b===A==b======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 5, 95, A=A==aAa===E==e======A==aa
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 10, 127, B=D====a==A==d=====A===b==a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 5, 95, A=A==aAa===E==e======A==aa
A=A===a==E==e========A==a=a, 156, 4, 95, A=A==aAa===E==e======A==aa
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 5, 95, A=A==aAa===E==e======A==aa
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 503

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 840

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 613

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 777

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 539

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 700

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 505

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 704

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 457

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 706
Final centroids: ['A=Aa=B===a==B=a=A===b===A==aAa==A=a=A==a===C=======a===B====b==A===d===Aa=a'
 'A=C===a=A=a==B===d=====E===c====B====d=====Aa=a'
 'A=Aa=A==a==A==a==B===b===A=a=A=a======A===a===C===aA==a====C===c==A==aA==c=====a'
 'A=A=a=Aa===B==a=A====a===B====b====D==d=======a=a'
 'A=A===a======E===e===A=a====A=a=a'
 'A=A=a=A====A=a==A=a====C===b===A===b=====B======b====A=a====D==d===A==a====A==b==a'
 'AA=a==C===a==C===b==A=a==A==c==A==b===a'
 'A=B==a======D==c====B===d====a'  'A=B=====a==D==e===A=aA===a===a'
 'A=A=a==C===a=A==a=A==a=====C=====a=A==c==A==aA==c==A=a=a'
 'AA==a==B==a=====A==a====C==a=B===e========a'
 'A===E===a==A===c====A=======c==a'
 'A=A=====a===B=a=A==b===A==a==A==a===A===a====D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
 'A======C==a==B===c====D==aA=====e====Aa=A=a=a'
 'A=A=a==A===C===a===B==a=A==b====A==a==B==a=A==c====B===c===A=b==a'
 'A==B=a===D===c=====C=====e=====a'
 'A=D==aB=====a=A===a==AaA===a==A=====a==A=====b=A=d=====a'
```

```
'A=Aa===D===c======C==a==A==a==Aa==B===b===B===b===A====c==A=b=a'
'B==A=a===D===e===A=a=a'
'A=Aa==B====a===A====b=========E===e========A===aAa=a'
'A=======D===a==A==c====D======bA==d======A=a==a'
'A==A==a=A====a===E====b=A=b=A=c===Aa==a'
'A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a=a'
'AAa==B==a====D==d==A==a==A==b====A==aa'
'AA=a===A==a====E==e====A=====a====a'
'A=====D===b===A==a===B===c=====D===c====C===d======A====b====a'
'AAa==A=a==B==b===Aa===E==e=========a'
'A=A==a=====D===b==AaA=a==A==a=====B===a=A==a==B==c=====B===bAc===A=a=a'
'A==D===a==B==d======A====b=a' 'A=A=a==C===a===Ba=B===d====A======b=a'
'BAa===B====a==A==a====C==a==A==c===A==c==a'
'A=====E==c===A==a==A=a=A===c=====E===e====E===d===A===b===Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 8, 39, A=B=====a==D==e===A=aA===a===a
A=B=a=A=a==D==d=====A====b===a, 12, 7, 148, A==D===a==B==d=====A====b=a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 8, 140, A===E===a==A===c====A======c==a
A===B====a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 8, 1, A=B==a=====D==c====B===d====a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 7, 39, A=B=====a==D==e===A=aA===a===a
Accuracy: 0.00909090909090909
```

+++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 600

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 999

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 584

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 998

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 816

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 891

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 655

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 894

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 586


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 832
Final centroids: ['A==========E===aA=b===B====b===B==a==A=a==A====c==B=====c==A=b==a'
 'A=B==a===D======c=====A==c==Aa=a' 'AA==a==B=a==D===d=====C===d==a'
 'A=B==a====D==c==Ab==A=a=Aa====C==a=A==a=A==aA=b========C==a=A====c===A===c==a'
 'AB==a==C====c======C==a=B==aA=aA==aA==c====C===a=A====d=Ab=Aa=a'
 'A=A=a=A=a==B=a==B==a====B====b===C==e====A=a=a'
 'A=A=====a=====E====d==A======b====a'
 'Ba=Aa==A=a========E====b===A==b======C===d=====A=a=C===d===A==a=A===a==a'
 'A=A=====a===E===d==A==a=A=b====a'
 'A=A=a=====D===c=====A===b========E=====d===A===b==a'
 'A=A=a=A==a==A==a=A=a=Aa=Aa=B====a===A===b===A==a======E==e========AaA===a===C===c====A===a===A===a===a'
 'AA=a====C==a===C=====c==A=a==B==d==A=a=a'
 'A======C===c===Aa===C==a==C===d======B==b====A===a==A==a===a==a'
 'A=A==aA=====a=====E========c=====B====c==C=====b==A==c===A=a=a'
 'A=A==a=A==a==B=a=A==a===B====b===A=aAa=====C====a===B==b==A=b=A=c===A=a=a'
 'A=A=a=Aa=====E==d===A=a=B==c===a'
 'Ba====C==a=A=a=C==c==A=a==B===c==A==b=a'
 'A==C=====a==A===a====B==a=A====a===B====e========a'
 'A==B==a==C==aA=c=====D======e====a' 'A=AaA=a==E=d====A=a====aa'
 'A=Aa=====E===e===A=a=a' 'B=B=a===B=a=B===b====Aa=A===d===a'
 'A==C==a=B====c======Ba=B===a=Aa=A====c=====D=============e===a'
 'A=D==a=B==c===A===a=A===b=b'
 'A=AaA==a====C=aB===d===B=====b====A==a=====D=====c===D===e====A==a=====a'
 'A=B==a=B===a==C==c===C======c===C===b==A====d==Aa=a'
 'A=A==a==B===a======B==a=C==c==Aa=B==b====B===b==A=c=====A=a=a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A==b===A==a==B=b===A===a====D===a==A=a=B===b==A=aA=d=====a'
 'A===Aa==E==e===A==a=A=a=a' 'BA==aA=a=C==aA=b=====C===aA=bA=c=b'
 'A=Aa=B=a=B==b======C==a=A==aA=a==A==a==B===a=A=b=A===d===a'
 'A====C==========a=====C====e=======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a===B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 30, 35, Ba=Aa==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 90, A=AaA==a=
A=B==aA==a====C=aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D=b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 90, A=AaA==a=
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a===C==a==A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 25, 79, A=A=a=A==
A==A===a==A==a==B==a=B==b===B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 26, 128, A=A==a=
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 8


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 523


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 757


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 536
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 815

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 550

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 845

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 513

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 810

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 573

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 802
Final centroids: ['A=B==a==A==a==A===a=B==b==Aa==A==a==A=a=======A====a==C==a====A==b====C====c==A=a==A===c==A=
 'A=A==a===D======c====A==a====D======c=A=a=A=b==Aa==B==a=B===d===Aa=Aa=a'
 'A==A=a===E===d===A=a=A=a=b' 'A=====A==aA=a==E===c===A=c=====A=a=a'
 'A=B=a==D==d===A====a=A=a=b' 'A=B===a==C==c===a====E======e=====a'
 'A=Aa======C==a=A===c==========E===d==Ab===A==a==A=a=a'
 'A=Aa====E===e=====A=a==a' 'A=A====a==E===d===A==a=A==ab'
 'AA==a=====C==c===========A==a====E====d==Ab=======A=a==B==a=A===b====A==a=a'
 'A=B==a==B==c=======C===a===C==b=A=a==B==b===A==a==A==b=Ab===A=ab'
 'A=B=====aA=a==D==d===B==b======A==a=A==b==A=a===a'
 'A====D==aA=a==B====d===B==b=A=a=A==A===b==A==b=a'
 'A=A=a===E===e=====Aa=a' 'A==C==a=B===b=Ab=====D=====e====a'
 'A=B=====a==C===c======D==c=A=c==Aa=a'
 'A=B=====a==B=====a===B==a===B===b====B=d========A=c'
 'B==Aa=A==a==Ba==C==b==A=b===A==b=A==b=a'
 'A=Aa===B===a====A==a===D===b==A==c===A===b=a'
 'A==C======a==A==a====B==a==B===aAa==A===c=A=c====a'
 'A=A=a===C==a=A=a=Aa=A==b======D==aA====e====A==a==a'
 'A=A===A=a====D===e===A==a=A=a====a' 'AA=a========E==e===A=a==A==a=a'
 'AA=a==B==a==A==aA==a=A=a==B==aA===a=Aa===C==d====A=b===a'
 'A=A=a=A=a===B=a===B==b====A==a=A=a==A==a==A==a====D===aA==c===B====b==A=a=A==c======a'
 'A==C=aB==b====B==a=B===c=====A====c=a'
 'A=B==a===B==b=======C==a=A==a=====B==b===A===b=A===b=A==b=a'
 'A==D==b==C====b=Aa===B===aA===a=A=a==A=a=A===c======C===aA=====c===A==c==a'
 'A=B==a==C===b==Aa====A===a=C==c==A=a=A==a=A==a==Aa==B=a=A===c=====A==b=a'
 'A=D==aB====b==A==c=====D==a===A====e====Aa=a'
 'A=Aa==C==a==Ba=B===b=Aa==A==d=======a'
 'A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 82, A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a
A=A=a==E==b===B==b====A====d===a, 88, 10, 148, AA=a========E==e===A=a==A==a=a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 9, 82, A=Aa==B=a====C===a==B=====e===a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 11, 70, A=B===a==C==c===a====E======e=====a
```

A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 10, 128, A=====A==aA=a===E===c===A=c=====A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909

+++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 545

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 933

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 571

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 898

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 454

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 841

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 497

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 876

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 554

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 856
Final centroids: ['A=Aa=A==a=A=a==A===a==A==a=A==a=A==a========E====b==B===d=====A==b=====a'
 'A=A==a=A==a====E===d==A=b=A=a=A=a=a'
 'A==A==a===C===b=A=a====B===a===C==aA==b===A===b====Aa==C==a=A==e=====A==a==a'
 'A==B=a===D==d===A==a=A=b==a'
 'A==A=a===D===a=A==a=A====a=====B==a==A==a=A===b==A======c=A=b=a'
 'AA==a==A====a=======E====aA=c=====A===b===A===b==A==a===A==a=a'
 'A=B==a===C=a=B====c=====C==e====a' 'AAAa=======D==e=========a'
 'AA=a==D======a=A==a=B==b======B===a===A==a=A===b====A======d=====a'
 'A=A=a===B==a======B===a===C==c=====A===b====C===b=A==c===A==a=a'
 'A==B==a=A==a===B==b===C==a=B===c=A=b===Aa=A==b===a'
 'A=A==a===D===d========B====a==C===b===B==b==A==b====Aa=D===a==A==bAc=A=b===a'
 'A=B==aAa=B==a==C==c====B======b===B==b=A=c==A=a=a']

```
'A=A==a====B===a==Aa====A=a===D===c==A======b=======B===aA==c====A=a=a'
'A=Aa==A==a=A=a===B===a===D===a==A==c=====C====d=======C=a==B==d===B==b====A===b==a'
'A=======E==e=====Aa==A===aa'  'A===B====a====D====c==A=a=A==c====a'
'B==B===a==AaA=a===B=a=B====aAa==A==b=======A=a==B==c=======B==a==A===c===A===b===A===a=a'
'A=A=a===C==a=A=a===B==c========D=a=A===d===A===b=a'
'A==B==A==a==B===b=====C======e===Aa=a'
'A=Aa==B====a==B==c=====D==aB===d==Ab=====A==a=a'
'A=A=a===C===aA=====a==B===a=====B==a==A=====c====A==a==A==c==a'
'A=A==a==E===d====A==a=A==b=a'  'A=A==a=Aa=A=a====E==e==A==a=A==a==Aa=a'
'AA==a==E==d===A==b==A==a=a'
'A==B====a===B====aA=a===B===b===C==d===Ab====a'
'A=Aa==A=a===E==e=====A=a==A==a=a'
'A=B=a=B==a==A=a=A==b===A==a=A==a===A=a=A=a===C===a=A==a===B==b==A=b=A==c==Aa=a'
'A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a'  'A=B==a=======D===b=======B===e=a'
'A=B=aB=a==C==d===C==b==C====c======B=a=A==d=====A=aa'
'A=A=a===B===a===B==a===C===a==A==e=======Ab']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 14, 131, A=B==aAa=B==a==C==c===B======b===B==b=A=c==A=a=
A=D===a=A==b=A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 131, A=B==aAa=B==a==C==c===B======b===B==b=A=c==A=a=
A=B======a====A==a===B===b====D====e=====Aa==a, 93, 16, 175, A=A=a===C==a=A=a===B==c========D=a=A===d===A===
A==E=======b==A==a===B====b===A====d=======a, 132, 13, 26, A==B====a===B====aA=a====B===b===C==d===Ab====a
A===D==aA=b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 124, A==B==a=A=a===B==b===C==a=B===c==A=b==Aa=A==
Accuracy: 0.004545454545454545
```

+++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 552

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 913

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 699

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 891

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 612

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 839

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 585

Iteration 8
Found empty cluster

```
Terminal measure: Et = 764

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 525

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 930
Final centroids: ['A=A=a==C==aA==a=A==a===A==a====C===a=A==a==A====b===A=a=A===c==A=b===a'
 'A=C====a=C==d==A=a==A===b=a'
 'A=A=a==C=====a==A====c====E==aA===d===A==b=a'
 'A===B=a=B====a==B==d========E====e====A==a=a'
 'A=Aa=A=a=A==a======B==a==C==b======B====b====C==c==A==aA==aA=c==a'
 'A=====E===c===AaA==c===a'
 'A=A==a==A==a======D==aB==b====A===a==A==a=A==c===A===b==a'
 'A===D==c===D===d===Aa==A=b====a'
 'A=C=====a==A==a==A===b===B==b=====A==a==A==a==B==a==A==b====D==b==A=b==A==c===a'
 'B====D=====a=A==a=A==a=A=b===A==b==A==b==A==b=a'
 'A=A==a=A==a==B==a=A==b====A==a=A==a=A=a=A=====a==C==a==A====a===C====c==A==c==A==a=Aa==a'
 'Ba=====C=====a==C==e=======E=====e=====A==a=a'
 'A=B=a=C==b===A=a==C==e=====A=a=A=a=a'
 'A=====C==b===A=a======C==d=====E==d====D===d=====A=a=A=a=b'
 'A=A=a==A===a===E===b===A===d========a'
 'A=Aa=B======a====C==a=B======a==A==b==A==b==A==b==A==b=a'
 'BA==a=A=a=Aa==D==e===A==a===a'
 'A=Aa===E===c===B===b===A==a===C==aA==a==A==c===B=a==A==d=====a'
 'A=A=aB======a=====D==d===A==aA==b==Aa=a'
 'A==D======a===A==c=====D====c==A===c====A=a=a'
 'A===A==a===A==a========E=====a==A===d======C======d========B=a==D====d==B===b===A===b===a'
 'A==C===a=======B==a==A===b===A==aA==a==A=a==A===a===C===b==A=b====B====b===A==b==A==b==Aa=a'
 'A=Aa===E====e===A=a===D===aA==c==A=a==D==e====C===a==A==c==A=aA==a=a'
 'A======A==a=Aa==A=a===C==aB======a=A==c====C=====d=====D=a=B====c==A==b===A===b==a'
 'A==B==a=A===a======B=a==C==b======B===c====B===a=A==c===A=aAb===a'
 'A=Aa===E==e===A==a===A==aa'
 'A=A==a==A==a=======D=a=B==c=====A==b==B=======bAb==A==a=a'
 'A=======E====e========a'
 'A=A=a===D===c====A==a==A===a===D======a=A===c=====A=a==A==c===A==a=a'
 'A=====C===a==A=a==B==c====D===d====B===b==A=b==A==a=a'
 'A====E======b=====B=====a=A==a==A====a===A====a========d====a'
 'A=A=a==C=a=C===c===B=====d====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 11, 137, A=B=a=C==b===A=a==C==e======A=a=A=a=a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 12, 137, A=B=a=C==b===A=a==C==e======A=a=A=a=a
AA=a===E==c===C=====e=======A====a=a, 90, 11, 158, A=A=a==A===a===E===b===A===d=======a
A=====D=====a====B====d====A=====b==a, 107, 11, 158, A=A=a==A===a===E===b===A===d=======a
A=A=a===D===a==B=====c====A======c=a, 109, 8, 158, A=A=a==A===a===E===b===A===d=======a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.007272727272727273
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 35


Fold 1


Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 652

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 857

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 617

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 884

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 549

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 755

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 532

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 701

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 478

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 882
Final centroids: ['Ca===B=B==c====A=a=A==b=b' 'A=C====a==C==d=====A===b==a'
 'A=B==a=B===a==C==c===C=====c==C===b==A====d==Aa=a'
 'A====C=a=B===b====B===d======E======e===A===a=a'
 'A=Aa==C=====a==A=b=====B=a=C===d===Ab==A=a=A===a=a'
 'A=A==a===C===b======B==a==B==a====A=a=A===b=====C==a==A===d===A=b==a'
 'A=A=a==B===a===A==a===D===b==A===c==A==b==a'
 'A=B====a====D==c======C===e====a'
 'AA=a=A==a===B==a==A=a=A=aA=a=B=====b===D==c==A==c=====a'
 'A======E==a=A=aA====c=======A===c==a'
 'A=B===a==C=====b=====C=====e==A=a==a'
 'A=A=a=A===a==A==a====A==aAa==B=====a===D===e======A=a=a'
 'AA=a==A=a==B==a==A==b==B==a==A==b==a==A==a=====C===a=A==a===C==c==A==b=A==b==Aa=a'
 'A=======E===c===A==a=A======a===C==a=A==b===A==c===A==a=A==b====a'
 'A=B=====a==Aa=A=a==B==a=B=======a=A===c=========C==a===B======a=A====b==A====b===A====c==a'
 'A==Aa=B====a====D===c===B==aA==d=====a'
 'AA===a==A=====a=======E====aA=c======A===b===A===b==A==a===A==a=a'
 'A==C=a=C==c===A==b=A=b=a' 'AA=a=====E==c===A=a==A==c=======A==a=A=a=a'
 'A==C===a====C==d==A===a=A==b=a'
 'A=A=a===B==a===A==a=====D==b=A==c==A===b==a'
 'A=B=a===D==b==A==b====A==a==C===aA=a=A===c===A=a=A==c==Aa==a']
```

```
 'A======C==a==B===c====D==aA=====e====Aa=A=a=a'
 'A==C==a=B==c===B===a==B====c=====D===e=======Aaa'
 'A=A=a=A==a==A=a=A=a=A=a==B=====a==D==e====A=a====a'
 'A=====B===a==A=a====B===c=====E==d====D==d===Aa=A=b===a'
 'A==A=a==D====d=====B==a==C==a===A=====c=======D==aA====d==A==b=a'
 'A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a'
 'A==B=a==C==a=B==a==A=aA=aA=a===A===b===B===c==A====c===a'
 'A=A=a====E===d======A==b=a'
 'A=B=a=A==a==B=a=A===b==B==a=A=a=====A==a===B======b====C==c===A=b==A=b=Aa=a'
 'AA==a=======E==e=====Aa=a'
 'A=======E====a==A=a====A===a=====A==a=A==aA===b======B====e======a'
 'AA=a====E==e==A==a==A==aa'
 'A====D==c==A==a====D==e=====D==c====C==d===A=a=A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a====D==c====A=a==A=a===Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 27, 107, A=A==a===C===
A=A==a===D====c=======B====a===C=aA===c==A===c========D==b===A=====c==A===a=a, 19, 25, 107, A=A==a===C===
A=B==a===C======c=====B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 24, 107, A=A==a===C===b
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b========C===a=A===d=====A==a=a, 46, 20, 107, A=A==a===C===b
A===B==a==C=======b======B=a===B==a=A=b=Aa=A==b=======B==a=A===c==A===b==a, 52, 18, 107, A=A==a===C===b==
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 545

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1008

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 641

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 851

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 650

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 912

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 703

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 962

Iteration 9
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 620


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 868
Final centroids: ['A=====D===c==A=a==A===C=d======D==d=====D===d====A==b=Aa=a'
 'A===A==a==A===a=A==a=====B=======a===B===b===B===a=B===c========B===a==C===d===B===b====A===b==a'
 'A=A==a===C=a=C==c======B==d====a'
 'A=======C==b===A=aA=a===Aa=====D==aA==b=A==c===A==a=A==b=====a'
 'A========E===e======A=a=a' 'A==A=a===E====e=====A===a=a'
 'A=B==a====Aa===D===b===A=======d==a'
 'A=A==a=========E===d=======C===d==a' 'A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a'
 'A=A=====C===b===C==e=======E=====e====A==a=a'
 'A=A=a=A=A=a==A=a===E===d==A===a=A=b=====a' 'A==A==a===E==e=====A==a==A=aa'
 'A=======C===b===A=a===A======a====D======bA===c====Aa=A===b=====a'
 'A==A==a=Aa=====E==d===Aa==A=a===a=a' 'Ba=A==a===E====e=======a'
 'A====E====c=A==a=Aa=A==b=====D===c====C==d===A==b==Aa=a'
 'A=====C=====a==B===c========D=====c====B==b=A==c======a'
 'A=====C==b===A==a===B===c=======E===e======D===d===A====a==Aa=a'
 'A=A==a=====D===b==AaA=a==A==a======B===a=A==a==B==c=====B===bAc===A=a=a'
 'AA=a=====D==c==A===a====D===b==A==d===A==a==a'
 'A=A=a==C=a=C======c===A=aA===c=a' 'A=B=aB=a=C==d======D=====e======a'
 'A=A=a===C==a=Aa====A==c======E======e===A===a=a'
 'A====C==b===D==e==A=a==A==a==a' 'A=B===a========D===aAa==A====e====a'
 'A==B==a==B==a==Aa=A===b=======D==aA==d====A===b=a'
 'A====E===a=A==b==A=a=A==d===a' 'A=B====a==C===c======D==c=A=c==Aa=a'
 'A==C=a=B===a===B==d=====D====b==B===c=Ac===Aa=a'
 'A======E===e====A=a==A==a=a'
 'A=B=a===B==a==A==c========D===b===C===cAc==A=a=a'
 'A=C===b=======A==a===D===c===C==d==A==b===a'
 'A==A==a=A=a===E===e==A==a=Aa====a'
 'A===C===a==A==a=A=a=A==c====E====d===D====d===A=b==Aa=a'
 'AA=a===A==a====E==e====A=====a====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 23, 60, A=
A=A=a=Aa==B==a==A=aAa==B======a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a=C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 26, 60, A===
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A==b=====Aa=C====d=======B=====a=B===c===B==aA===b=A=b==a, 153, 26, 60, A==
A==B==aA==a=A==a====B===a=B====a=A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 25, 60, A===
A===B======a==A====a=A=a==B======a====A==b=====B===b=======C===a=B===c==B===b=A====c==a, 152, 23, 60, A===
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 3


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 563


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 938


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 590
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 782

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 570

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 872

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 614

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 928

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 558

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 880
Final centroids: ['A=B===a==C==c===a====E======e=====a' 'A====A==a=====E==d=A=a==A=b=====a'
 'A=A=a===E==c==A=b==A==b==a'
 'A======C===a======B=a=B===b=====B==b===B=b=A==c====A==b=a'
 'A=====CaA==a==A==b===A=a==D===e========A===a=a'
 'A======E======b==A=a==B===b===A===a===B=a=A==c===C======d=Ab==a'
 'A==B=a==B==a=A=====a===Aa===C==aA=b=A=c===A=a==A==b=A=a=a'
 'A=A==a====B===b=======A===a====C=a==C==c==A===b=======B==a=A===c=====A==a=a'
 'A==B===a===C==b=A=a====C=====e=====a'
 'A=A==a=====A=a==B==a===Aa=B==a==Aa==A=a==C==a=A=b===B==c==A=c==Aa=Aa=a'
 'A==C==a==B==b===C===b=====B=====b==B===c=A=c==A=a=a'
 'AA==a==D===c======A==a==D==aA=b==A===c======C==a=A===d===A=a=a'
 'A=Aa==D==b==A=a===B=====c=====D===d====D==c==A==c==A=a===a'
 'A=A=a===E====e====A=a=a'
 'A=B==a==A===b======A==a===D=aB==d===A=a======A=a=A==b==Aa=A=a=a'
 'A==B===a=A=a=Aa==A====b=====E==d=====C==d=====A===a==a'
 'A=A=a==Aa==C==a==A=a===B==a=B====a==A==a=A==aA=b==A====c==A=b=a'
 'A=A=a=A=a===B==a=A=a====B===a====C==e=====A=a=a'
 'A=Aa====C=====a==A==b====B=a==C===c==A==b===A=====b=a'
 'A=Aa=A==a==A==a==B===b===A=a==A=a======A===a===C===aA==a====C===c==A==aA==c=====a'
 'A==B=====aAa===A==a==A==b===B=b==A=a==A=a====A==a=====D===aA==a===B====c==A===b=A=b====Aa==a'
 'A=====A==aA=a===E===c===A=c=====A=a=a'
 'A=A=a=====D==b=====C====d====A===a==A==b=a' 'A=Aa==D==a=B==e===A=a=a'
 'A=A=====A===b=======D=aB==c=====B===b===A==a=A==c===A==a==a'
 'A=C====a=C==d==A=a==A===b=a'
 'A=====D=a=B==b==A==c====D=====c====C==b=A==d======a'
 'A==B==a==C===b==Aa=====C=====e=====a' 'A=A=a======E==e=====A==a=a'
 'A=B==a===C=a=B====c=====C==e====a'
 'A=B==a==B==a=A===b===D===c=====B==a=A=======d====a'
 'A====E==a=A==d==A=b===A=a=A=a=a' 'B=D===a===A==b==A=a=A===d=a'
 'AAa======E===e====Aa=a'
 'A==C====a====B===c====C==aB==aA===d======A===b======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A==b=a, 143, 5, 173, A=C====a=C==d==A=a==A===b=a
```

```
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 2, 80, AAa======E===e====Aa=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 3, 177, A=A=a===E====e====A=a=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 3, 177, A=A=a===E====e====A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 5, 177, A=A=a===E====e====A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 757

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 914

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 757

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1010

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 795

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 847

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 676

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 942

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 689

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 831
Final centroids: ['A==B===a==B==a=A==b===A==a=A=a==AaA=a=====C==a=Aa===B===a=A==c=A=c=====a'
 'A=======D===b=A==a===A==aA==a===C=a=A=a===A==c====B======d=====a'
 'AA==a==B====b=======A=a===E======b=A=d======C===aA==c=====A=a=a'
 'A===B=a==B=====b===C==d=========E======e=====A==a=a'
 'A=D==aB====a=A===a==AaA===a==A======a=A=====b=A=d=====a'
 'A=A=a===C=aB==a=AaA==b==B==b=====B====a===B=a=A==b====A=====b=A=b=b'
 'A=======E======a======A=====a===A==a=A=a=A====a====A=======e====a'
 'A=D===a==A==b==B===b=====C=====a===A=======d===A=b=a'
 'AA==a===E==e===A=a===A=aa']
```

```
'A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=a'
 'A=Aa==B===a===A==a====D==c==A==c===A==a=a'
 'A=Aa===B===a===B===b====C=a=B====c=A=c===A=aA==a=a'
 'A=A=======D===b====A=a===A==b====B===a====B======d======A=====b==A=a===a'
 'A====E===b==A=a====A====c=D====d===D===b==A==d=====a'
 'A=A==a===B===a===B==c========E====e=====A==a=a'
 'A=A==A=a==B==a====C==e========E======e====A==a==a'
 'A=A==aA=a==B==a==B==a===B===b===C==d==Ab==Aa=a'
 'AAa====C==a===A==a====C===b==A=d=====A=a=a'
 'B=D=====b===B=b=Ab====aA==b=a'
 'A=A=a===C===b=======C===a==B=a=A=c==A==b======B==a=A==c====A==a==a'
 'B=a====B==a=====Aa====D======d===A=b==a'
 'A=Aa====E==d=====C===c==A===a====D====b===A==c=====A=a=A==b=A=a=a'
 'A=A==a===B===b=======A==a===D====c=Aa==A==b======E======e=====A=a==a'
 'A=A===a===E===e=======A==a=a'
 'A=A=a===C===c=======E=====c====Aa=A===b===B====aA=c=====Aa==a'
 'A====D==b===A=a===B===c=====C==c====D==d===A==b=====a'
 'A=B=======a=B==a=A===a===A=a=A==b=======B===a=C==a=A==c===B====b==A=b==A=b==A=a=a'
 'A=====C=aB==b==Aa=A=a=B==b====C=====a=A=a=A==b===A======d===a'
 'BA=====a===A=a====D====b=A=b===A===b====a==a'
 'A=Aa==E===d===A==a=A==a=b'
 'A==B==a=B===a==Aa=A=c=========E======d===A==b=a'
 'AA==a=======E===e==A=a=a'
 'A=C==aA==a==B==d========E===b==A==bAc===Aa=a'
 'A=B==a=C======a==B==d======D======d===A==b=a'
 'A=Aa=B===aA====b======E====e=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 14, 48, A=A==a===B===a===B==c=======E====e=====A==a=a
A===B=a=A===a===C==a=B==d====B===a=A==c===Aa=a, 18, 13, 29, A=C==aA==a==B==d========E===b==A==bAc===Aa=a
A=A=a==A==a===C=b===D==d====B=a===A==c===Aa=a, 20, 14, 174, A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=a
A=A==a==A==a==C=a=C===c===B===b=A=b===A=b=a, 35, 13, 165, A=B==a=C======a==B==d======D======d===A==b=a
AA=a===B=a==D=b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 14, 174, A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 564

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 824

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 572

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 811

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 637
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 774

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 565

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 883

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 575

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 822
Final centroids: ['A====B=a===D====d===A===b==a'
 'A===Ba=B==a==B==a=A==a====B===a=====A===c===A===a=A===c=a'
 'A=A=a===C===a==A=a===A==a=Aa====C=====a=A==d====A=a==A==b==A=a=a'
 'A=B==a==C====b=====A==a==B==a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
 'B==A=a===D===e===A=a=a'
 'A====D==b===A==a=====A===c=====E==e====D===d====A===a=A=a=a'
 'A=====E==e===A=a=A===a=a' 'A======C==a========C=====c==A=a===B===d==a'
 'A==B==a=A==a===B==b===C==a=B===c=A=b===Aa=A==b===a'
 'A=A=a=====E====e====A=a=a' 'A=B====a==D==d======C====d===Aa=a'
 'A==A=a===C===c=====B===a===D==aA==c===A==b======B==a=A===c=====A==a=a'
 'A=A=a====E===e=====A=a=a'
 'A=A=a==B==a=A=a==A==a=A==a==B=====a===C==d==A=b====a'
 'A=Aa==E=========a=A=a==A===a=====A==a===A======b===A=a=A==b=A=c=a'
 'A=====B=a==B===a==A==a=Aa===A===a===C==a=A=a==A==c=====Aa=A==c==A=a===a'
 'A=A=a======E===e=========a' 'A==B=aA==a====D===d=A==a=A===b===a'
 'A==A===a====C==a=C=====a=A=b====A==c=====a==a'
 'AAa==B=a=D===e===A==a===a'
 'A=====D===b==A=a===A======c=====E===e======D====c===A===b===Aa=a'
 'A===C======a==Aa===C===c====A===a=A==c=a'
 'A==A=a====C==a===A==c========E===e====A==a=a'
 'A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a'
 'A==A=a==A=a==A=a==C======b===C==c===Aa=A==a==B==b======B==a==C==d==A===b===A====a=a'
 'A====B=A==b===D==e=======D===c===B==b==Ab=====a'
 'A====C===aA=a=A==b=====D=======e======A===a==a'
 'A=A===aA===a====E=e====A==a=A=a==Aa=a'
 'A==C==a===B====b=====A==c=========E=======d=====A==b=a'
 'A==A=a====E====b==A==a===A==a======A==a==Aa==A==b====A=======b=A=b==a'
 'A==E=====b==A==c===A=a=A===b==a'
 'A====D===b==A=a====A==c====E===e====D===d===A==a=A=a=a'
 'A==B==a==C==b==A=a==B===d=======E===a=A===e===A====a=a'
 'A=B==a===C===c=======B=a===C===b==A====c=========C==a=A===d===A=a====a'
 'AA=a======E===e====A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 5, 145, A=A=a=====E====e====A=a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 6, 132, A====B=a===D====d===A===b==a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 3, 145, A=A=a=====E====e====A=a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 5, 145, A=A=a=====E====e====A=a=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 6, 58, A=====E==e===A=a==A===a=a
Accuracy: 0.022727272727272728

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 584

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 808

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 630

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 820

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 606

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 940

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 627

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 893

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 582

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 783
Final centroids: ['A===B=a==C==a=Aa==A==c======D========d===A====b=a'
  'A==B==a=B==a=B===b==C===c=====A==a=A==c=====A=a=a'
  'A=A==a===B==a===A===a===A==a==D======b=Ab=======A==b=A=b=a'
  'A=Aa==B====a===A====b=========E===e========A===aAa=a'
  'A=A=a==C==a===Aa=C===d====A==a=A==b=a'
  'A=Aa=B=a=B==b======C==a==A==aA=a==A==a===B===a=A=b==A===d===a'
  'A==E========c==A=A==c======D====a==A====e=========a'
  'A===A====a==C==c==Aa====E===e========a'
  'A=B=a=A==a=B===a===A===a=====B===b==C===e==A=aAa==a'
  'A=B==a==B===a=A=a=====C===e===Aa=a'
  'A=Aa===B======a==A==a===D====a=A===d==A==b=a'
  'A====C==a==C===d======A==aA=b=a'
  'A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b=A===b==A=a=a'
  'A=A==a===C===c=======B=a===D==aA=a=A===d======D=========c==A=c===a'
  'AAa=====E==e====A==a====Aaa'
  'Ba======E===e==========B===a==B===b==B==b===A===b===A=a===D===a==Aa=A==d====A==a=a']
```

```
 'A=Aa=Ba==C==b======C====e===Aa=a'
 'A=B==a==A=a==B==a==C===d=====A==a==A==b==A==a=a'
 'A=Aa=====C==a===C===b=A==b=A==c===A=a=a'
 'A=B=====a=====A==a====D==b=A==d===A==a=a'
 'A====C==b=====A==a====C====d======D==d======E====d====A==b====a'
 'A=B==a=C==b=A=b==B==c=========DaB======e===A==aA=a=a'
 'A======E=====e====A=a=a'
 'A=A==a=====A=a=====D===b===A==b===B==a=C===e======B=a==C===d===A==a==A==a=a'
 'A==A=a==B===b=======C==a==B==b=====C==c===B===b=A==c====A==a=a'
 'A=B==a=A===b=========D==a=A==a====A===a==B==b=A==c==A===b==a'
 'A==A==a=A===a===E====b=A=b=A=c===Aa==a'
 'A=B==a===C====a=====B===d=======A==a=A==b=a'
 'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a'
 'A====C==a=====A=a=B==aA=a===A==b=====A=a=A==a==A=aAa===C==a=A==c====B====b=A==a=A==c===Aa=a'
 'A=A==a===E====e=======a'
 'A==A==a==C==b====C==d========E=====e====A==a=a'
 'AA=a=====D===a=A=a==A==b=====B==a====B===d=====A===b==A=a=a'
 'A==D===a==B==c==AA==bAc==a'
 'A=C==a==B=====c======B==a=B==a=A===a=A===c========D==a=A=====c=A==c=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 9, 53, A====C==a==C===d======A==aA=b=a
A=B=a=A=a==D==d=====A====b===a, 12, 11, 42, A=B==a==B===a=A=a=====C===e===Aa=a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 10, 53, A====C==a==C===d======A==aA=b=a
A===B===a===D==e==Aa===A==a==a, 62, 9, 53, A====C==a==C===d======A==aA=b=a
A=B==aA=a===D==d==A=a=A==b===a, 51, 10, 53, A====C==a==C===d======A==aA=b=a
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 546

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 931

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 636

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 872

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 583

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 986

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 582
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 958

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 599

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 915
Final centroids: ['A===B=a==C=====c====B==a=A=a=A=a=A==a=A==a===C=========e===Aa=a'
 'A====E==b===A=a==A=a==A===c====D===d=====D==d====A==b====a'
 'A=======D===a==A==c====D======bA==d======A=a==a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a'
 'A===B=====a==B==a==A==b==B=b==A==b=======C==b===D==b==A====c===B==aA=a=A==b==A==b===a'
 'A====C==a===A==a===C===a=A==c=Ac=====a'
 'A==E==a=A==b=A===c=======D===b===A====d====Aa=a'
 'A=======D==a==A=a==B==d====A==a===A==b=a'
 'A====A==a=========A==a===C====b==A==aAa======AaA=a=B==c=========B==a==D==e====B==b===A=====a=a'
 'AA=a=A==a==E==e======A=a=A=a=a'
 'A==A=a===C===b======C==a===A==a==Aa==B===b===A===a==A=a=A==b=A=b==b'
 'A=======E====e=======a'  'A=B==a==C=====c===B==c=======E======e===A==a=a'
 'A=A==a===D======a=A==b==B===a====A==a==B==a=A=a=A==b==A======c==A=b==a'
 'A==B=a=A===a==A=a==A==a==A==a==A=a==A=aA==a====C==a=A==a==B===c===A=b=A==b=====a'
 'A===Aa==E==e===A==a=A=a=a'  'A=A=a===E===d==A===b==A=a=a'
 'B=B==aA=a==C==e===A=====a==a'
 'A==A=a===C==a=====A=a==A=a====C=====b==A=c===A==a==A==b==A=a=a'
 'A=A===a==A=a======A==a===B====b===A==a======Aa===E====e=======B===a==C===d====A==a===A===a=a'
 'A=====C==a=A==a===B===c====D==c===C===c==A==bA==b==a'
 'A=======D===a====A==d========E===e=====A===a=a'
 'A=====B===a===C==d====E===d===C==a==A===d======a'
 'A======E==e==A==a===A=a=a'
 'BA==a==B===b=====B=a==C==b==A===aA==b=====C=========d==Ab==a'
 'A=A==a====B===a=======A=aAa====D===b=A====c======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
 'A=A======A==a====B===b==A=a====D===b=A===c===A=aA===b==A=a=a'
 'A======C===a==A==a==A=a=====C==a=A=b==A==b======A==c=====a'
 'A=====C====a===B==a==B====b===A===c==A==b===a'
 'A=A=a===A=a====E===e===A=a=Aa=a'
 'A=A==a=====B===b========A=a=A=a==B=====a=Aa==A=====a===A===B===a==B===e=====A==a=a'
 'A=A=a==C==a==B=a=B==b=A=b==A==c==A==a=a'
 'A=B=a====B=a==C===b==Aa=A====d=a'
 'A==A==aA==a===B===a==A==b====A===a=Aa=====A==a=======D===aA==b====C===c=A==b=A===b=====a'
 'A=Aa==A=a===E==e=====A=a==A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A===b=A=====a=A=a==B=====a====C===a=A==b===B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 24, 93, A==A==a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa=A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 113, A==B=a=A=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa=A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 113, A==B=a=A=
A=A==a=A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a===C==a=A==a==C=d====A==a=A==b==A=a=a, 130, 23, 113, A==B=a=A=
A==A===a==A==a==B=a=B=b==B==b==A=a=A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b==Aa==a, 159, 25, 93, A==A==aA=
Accuracy: 0.013636363636363636

+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 631

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 864

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 607

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 822

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 642

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 839

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 634

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 827

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 647

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 824
Final centroids: ['A======D===a==A==b====C==========e====Aa=A=a=a'
 'A====D===a==A==a==Aa==A=b======C=====c===C=====d=Aa==A==b==a'
 'A=B=a==B====a=====C=aA===b=======A===a==A====a=A==c=====A==b=a'
 'A=A=a===B===b========C==a==C===b=====A==b=====A====a=A==b===A==b=a'
 'A==A==a===D==d=======E===e=======a'
 'B=a===B=a=D==e=========E=====d=====aa'
 'A=A=a=A=A=a===E===d==Aa===C=b==A==c====a'
 'A=A=a==A=a===A=a=A=====a===B====a==Aa=A=a===A==a===C==a==A=b===C==d===A=a==A=b==Aa=a'
 'A=A==a=A===a===E===d===A==a=A==b=====a'
 'A=A==a==C====b========A==a===D=====d====A==a=======B==a=A===c=====A=a=a'
 'A==E=====a====A=c====Aa=A==c==a'
 'AA=a===B==a====A==a===D===b=A=d=====Aa=a'
 'BA=a====C=====a==A=a==A==b===B===a===B=====c=====A==b===A=a=b'
 'A=A=a==C===b=====B====a=A=a====C=====b==A==c==A=a=A===b==Aa=a'
 'A=A=a=A=====a=B==a====C===a==A==b===B=a===B==d=====B==a==B==c===B==b==A===b==a'
 'A======B====a===D==d==A=b===A==a=Aa===B====b===A=a==A=aA==a==a'
 'A=B==a=Aa===C=====b=====C==e===a'
 'A====C===a====A=a===C==b=A==d====A=a=a'  'A==A=a===E===d===A=a=A=a=b'
 'A=Aa=B=====a====C==a==B=====a==A==b==A==b==A==b=A==b=a'
 'A=A==a====E==d===A=a==A=b=a'
 'A=Aa=Aa==B==a=======D===d====B=====a==B===c====B===a=A=====bAa==A==b=a'
 'AA=a===D==d=======E===e===Aa==A==aA=aa'
```

```
 'A=A=a==B======a==C==d=======E=====e====A==a=a'
 'A===B==a===D==d======A===b===a'
 'A=====E====c====Aa=A===c=======C==c=====E==c====A===c=====a'
 'A=====E==d===A==b==A=a==a'
 'A==B===a=A==b========C===a==C==a=A=b==A==b====B==a=A==c=====A==b==a'
 'A====B==a====A==a====D===b==A==d==A==a===a'
 'A==B===B===b=====C===aA====a==A=====a==A====b=A==c==Ab===a'
 'A==A=======a==========E===d=====A==a=A==aA===b====Aa=a'
 'A=B==a==B==c======C===a==C==b=A=a==B==b===A==a==A==b=Ab===A=ab'
 'A==A==aA==a==A==a=A==a===A==a===A==a=A=a===A===a===C===a=A==a===C==c==A==c===A=a====a'
 'A=A==a==C====aA==b=====D==c=Ac==Aa==a' 'A==D===b===C==d==Aa==A==b==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 13, 148, A==A==a===D==d=======E===e=======a
A=A=a==E==b===B==b====A====d===a, 88, 10, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 11, 148, A==A==a===D==d=======E===e=======a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 6, 127, A=B==a=Aa===C=====b=====C==e===a
A===D==aA=a==B=====a==A=====e==a, 120, 8, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
Accuracy: 0.0136363636363636363636
```

+++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 673

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 901

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 681

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 936

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 652

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 840

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 637

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 831

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 620

```
Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 895
Final centroids: ['A==A=a===B==b======C===a=B===a=====B===b===B===a=A===e===A=a==a'
 'A===B===a===A====A===a======C====c===C===e========a'
 'A=A==a==A==a========C=a==B==b=====B==b===C===b=A=d====A=a==a'
 'A=B==aA=a==B===a=Aa====A=a==B===b=====C==c=A=c====a'
 'A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a' 'A=B==a=Aa=====D===d=======A===b==a'
 'A=A==a==A===a=====D===aB===c===B==b===A==b=A=b=====A=a=a'
 'A=====D===b==A=a==A=aA==b=====D===d====D===d===A==a=A=b=a'
 'BA=a=====B=a=C=aA==c===A======c=a' 'A=A=====D==e========A==aa'
 'A===Aa===C==b=====D==e==========E====e=====A==a=a'
 'A======D===c===A=a==A====b========E===d===C====d===A=a==A=a===a'
 'B=B=a=Aa==B===aAa==A=a===A====b===C===d==Ab====a'
 'A=======E====e=======a' 'A======C==a=Aa=A==c=========E===e=====A===aa'
 'A===D==a==B===d===A====b===a'
 'A=Aa==B===a====D==e======B==b===A==aAa==Aa==a'
 'A=B==a==B=====b====D==c=A=c====a'
 'A=====D====b=A==c======E======e=======A==a=a'
 'A=B==a==A==a==A===a=B==b==Aa==A==a==A=a======A====a===C==a====A==b====C====c=A=a==A===c==A=a=a'
 'A=A==a=A==a======BaB======a=A==a===B=a=A==c==========D==d=A===a==A==b=a'
 'A======D===b===B=a=B===e===A=a=A==a==A==a=a'
 'A=A=a===B=a=====D==d=======B==c===A=a=a' 'A===E===a=AaA==a==A====e====a'
 'A=A=a=A=a==A==a==Aa====C===b===A==a=A=a===C==b=====B==a=B==c==A==b===A===b=a'
 'A=D==b=====C==d===A=aA==b=a'
 'A=Aa===D===c=======C==a=A==a=Aa=B===b===B===b===A====c==A=b=a'
 'A=A==a=A=a==A=a=A===a==B=a=A=a======A==a====C==aA==c===D==d======A==b====a'
 'A==B=a==C===a=A====a==B=a=Aa==A==a==A=a=A==b====A===aA==d==a'
 'A==D=aB==a===A==a==AaA=b=====B===b===B====a===A=====e==a'
 'A=Aa=Aa===E===d=======C===a=A=d=====a'
 'AA=a===B=a=B==b======D===c=A=c====a'
 'A=A==a===C==a==A==b===D===d====C==b===B===d===A=a=a'
 'A===B=a==A===a====B==c========E=====e====A==a==a'
 'A=A=a==C===a===Ba=B===d===A======b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 11, 1, A=====D====b=A==c======E======e=======A==a=a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 10, 1, A=====D====b=A==c======E======e=======A==a=a
A=B======a====A==a===B====b====D====e======Aa==a, 93, 13, 99, A===B===a===A====A===a======C====c===C===e======
A==E=======b==A==a===B====b===A=====d=======a, 132, 11, 1, A=====D====b=A==c======E======e=======A==a=a
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 99, A===B===a===A====A===a======C====c===C===e======
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 10


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 561


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 946


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 620
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 849

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 626

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 993

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 661

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 819

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 579

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 964
Final centroids: ['A=A=a===B==a==Ba=C===c==A=b====B===c===A==a=a'
 'A=======C==a==A==b=====Ba=C======e====A=a=Aa=a'
 'A===B=a=A==a====D===b==A====d======a'
 'A==A=aA==a==C==a=A==b======D=d===A====a===D==d=======C==b==A==b==A=b======a'
 'A==A==a=======E===c====C====e===a'
 'A==C=a=B==a==A=a=A====b==B=b==A=a===A=a=A=aA==a==B==a=A===a=B==aA=====b=A=c==Ab==a'
 'AA=a=====E==e==A=a===A=a=a'
 'A=====C===a===A===a====B==c======D===d=====D===d=====A===b===a'
 'A==B=a=A===b=====E===a=A=a====A==b=A==a=A==c==A=b===a'
 'A=A=a==A=a===B===a=B===a====A===b===D===c====b======a'
 'A=A==a=A====a====B=a=B=====a==A==c=====C==b===A==a=====B==a=C==c==A==b=====A==b=a'
 'A=B==a===D==c===A===aA==b=b'
 'A====B===A=a=A==a==A==a===A==a=Aa=A==a=======C===c======B===b===A===c=======a'
 'A=Aa===E=d====A=a===aA=aa' 'A=Aa=B=a==D==c======C====e======a'
 'A====D==a=A==a===B==c===A=a===A===c=a'
 'Ba==Aa======E===b=Aa=A=a==B==b====A==a=====B=aA===c=====B=====d====a'
 'A==B==a==B==b=====A====b=====E=======d====A==b==a'
 'A=A==a===B==a===A==a==D===a=A===c=A=c====a'
 'A=A==a==D=a=B=a=A==b=A=b===C===e===Aa=a'
 'A=A=a===C====a==C====a=A=b===A==d===A=a==a'
 'A==Aa=B==a==B====b=====D===e========a'
 'A=====B===a=A==a====D===a=A==d===A==b=a'
 'A=A=a===C==a===A=aA===a==A=a===B=a=B==b=A==b==A=a=A==b==A=b=a'
 'A=C=====a==A==a==A===b===B==b=====A==a=A==a==B==a==A==b====D==b==A=b==A==c===a'
 'A=B==a==A==a===A==a====A=a====B===a====C===d==Ab===Aa==a'
 'A=Aa==C=====a==A==a===B==a=====A==a======B==a====A===c=A=c==a'
 'A==D===a==B==a=A==a====A===c=====B==b==A=c===A=a==a'
 'A=A=====D====aA=a==A===c=======A=a=A===c==a'
 'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
 'A=B====a==A====a==B===c======E======d===A==b=a'
 'B=A=a=B=a==C==c==Aa==C===e====A=a=a'
 'AA==a===B=a====D===d==Aa==A==b===A=a=a'
```

```
 'A=B==a=B===a==C==c===B===b===A====a==A==c===A=a==a'
 'A=Aa===E===c==A==b==A=b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 11, 167, A===B=a=A==a====D===b==A====d======a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 9, 143, A====D==a==A==a===B==c===A=a===A===c=a
AA=a===E==c==C=====e========A====a=a, 90, 11, 107, A=A=a===C===a==C====a=A=b===A==d===A=a==a
A=====D====a=====B====d====A=====b=a, 107, 10, 167, A===B=a=A==a====D===b==A====d======a
A=A=a===D===a==B====c====A======c==a, 109, 9, 107, A=A=a===C===a==C====a=A=b===A==d===A=a==a
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.011818181818181818
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 38

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 666

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 913

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 693

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 966

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 810

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 822

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 588

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 962

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 687

Iteration 10
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 945
Final centroids: ['A====A==a====E====e=====A==a=====a' 'A=Aa===E==d==A==a==A=b=a'
 'A===B==a=====D========c===A===c=====a'
 'A==B==a=A==a===B===b===D===e====A===a==A==a=Aa=A==a==a'
 'A=A=a==B==a==A===b====D==aB====e========A==a=a'
 'A=A=====C===b===C==e========E=====e====A==a=a'
 'A=B==a==C=====b====A===a==B==a==A=a=A=====b======C==a=A==d====A=b==a'
 'A=Aa==A==a===A==a=====E===b==A=d===A==a===a'
 'A=B=aB=a==C==d===C==b===C=====c======B=a=A==d=====A=aa'
 'A=B==aAa=B==a==C==c====B======b===B==b=A=c==A=a=a'
 'A=====D==c==A=a=======C=d======E===e====E===d===A==b==Aa=a'
 'A======B=====a===D==d==A=b===A==a=Aa===B====b===A=a==A=aA==a==a'
 'A===C=====a====A=a==B==c=====D===d===D====e====Aa==Aa=a'
 'A=A=a==D==a=B======b=A=b===B==d===Aa=a'
 'A=A=a===B==a===A==a====D==b=A==c==A===b==a'
 'A=======E==b==A==a=A==d=====A=a=A==a=a'
 'A==A=a==B====b=======C=aA===b=====B==a====C==b=A==c==A=b====a'
 'A==A=a==B===b=======C==a=B==b=====C==c===B===b=A==c====A==a=a'
 'A==B=====a==A==a=A=a=A=a=====C===b====C===d====A===b==a'
 'A==C==a=B==c===D=d=====D==c====B=====d=====Aaa'
 'A=A=a===B==a==Ba=C===c==A=b====B===c===A==a=a'
 'A=A=a===C=a=B=a=B==b==A=a===A==c==Ab===a'
 'A==A=a=A=a==A=a===B==a==C===a==A==c====D======d=====B==a==B===c==A==a==A====b==a'
 'B==A=a==D==d==A===a==A=ab'
 'A====A=a==A=====a=Aa===D=====b==A==b=====C==c======B=a===C==d===A==a==A===b=a'
 'A=B==a===A==a=A===a===D===c===B=====b==A==c===AaAa=a'
 'A====C==a=====A=a=B==aA=a===A==b====A=a=A==a==A=aAa===C==a==A==c====B====b==A==a=A==c===Aa=a'
 'A===B=====a===A=a==B===b===A==a=A=a===A=a=A==a====C==a====A==b===C====c===A==b=A=b==A=a==a'
 'A====C==b====Aa===C===d====E=d====C==c===A=b=====a'
 'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a'
 'A======C==a=Aa=A==c========E===e=====A===aa'
 'A=A=a=A=a==A=====A==a===A==a=A===a====A=a==D==e========A==a==B===b==A==a====A===aa'
 'A====C===a====A=a===C==b==A==d====A=a=a'
 'A=A==a====B===a=======A=aAa===D===b=A====c======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
 'A=A=a=====E====bA=d==Aa=a'
 'A=====D===c==A=a=A==a=A===b=====E===e=====E===d======A==b==Aa=a'
 'A=====B====a==A====b====C=a=C====e========A==a=a'
 'A==B==a=C===b==Aa=====C=====e=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c=====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A==c=====A==a=a, 44, 19, 59, A=A==a====B===
A=A==a====D====c========B=====a==C=aA==c===A===c=========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 22, 59, A=A==a====B===
A=B==a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c========C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 21, 132, A=B==a==C=====b
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A==b=======C===a=A==d=====A==a==a, 46, 20, 59, A=A==a===B===a
A===B==a=C=======b====B==a===B==a=A=b=Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b==a, 52, 20, 132, A=B==a==C=====b
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 2


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 631


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1040
```

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 681

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1056

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 646

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 999

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 667

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1052

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 769

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 964
Final centroids: ['A=A=a=A===a=A==a=A=======C=====a==A==b===Aa==C===d=====B==a===C==d===A==a=====A==b=a'
 'A=Aa======E===e=====A=a==a' 'A=A=a=Aa=====E==d====A==b=A==a=a'
 'A=A=a===C==a=A=a=Aa=A==b======D==aA====e====A==a==a'
 'A==B==A==a==B===b=====C=====e===Aa=a'
 'AA=a==C===a==C===b==A=a==A==c==A==b===a'
 'A==A=a===D===a==A===d=====E========e===========A=a=a'
 'AA=a==A=a=A=a==Aa==B===b==A==a====A==a==E===e====Aa==A==a==C==c===A===a===A===a=a'
 'A==E=======b=====A==b====C=====b==B=====d==Ab====a'
 'A==B=a===D=e===A==a==A=aa'
 'A==B==a==B==a==Aa=A===b=======D==aA==d====A===b=a'
 'A=A=aA=a===B==a==B==b===B=====b======A=a====D===b=Aa===B===c==A==b=A==b===a'
 'A=A====a====B==a=A===a====A==a=A=a==Aa=A=a=====D=b==A==b==B==c==AA==c=======a'
 'C=Ba=B====d==AA=a==A==ac'
 'A==C==a=B==c===B===a==B====c======D===e=======Aaa'
 'AA==a====C=====c======B===a===D====c===A===b=======C=a=A====d===A==a=a'
 'A==B=a=D===b==A=a=A===c===Aa=A==a=A==b=a'
 'A=====D====b==A==c======E======e=======A==a=a'
 'A=Aa=====C=a==C=====b=Aa==A===d=====a'
 'AA==a===D==c======D===d===A=a=A==a=b'
 'D==b===A==a==D===c==A=b==A=b=A=aa'
 'A=A==a=A=a===B==a===A===a=====B===a======C===d==A==b====a'
 'A===A===a==A==a====E==b==A==d==A====a=a'
 'A==D==a=A==b==A===a===C=====a==A===e========a'
 'A=A=a====C===a=A===b=====D=======e=====Aa==A=a=a'
 'A==A=a====C==a===A==c========E===e====A==a=a'
 'B==a======B=a====D===e=========D==c=======a=a'
 'A=A=a=A==a==B=a=A===b==A==a=A==a=====B==a=B===aA===a==C===c==A=a=A==c=====a'
 'A==D======a===A==c=====D====c==A===c====A=a=a'
 'A=A====a====E===e===A=a==A==a=a'
```

```
'A=====B====a=A===b=====Ba===D=d==A=b==Aa==A=a=a'
 'A=A===a==Aa==A=a==A====a===B=a==A=a==A==a=A=a====C=======a===B====d===A=b====Aa=Aa=a'
 'A=Aa==B==a===C==d===E===d=====B====a==A==c====Aa=a'
 'A=A=a===B==a======B===a===C==c=====A===b====C===b=A==c===A==a=a'
 'A=A=a==C==a===Aa=C===d====A==a=A==b=a' 'A=A=a===C=a=C===b=====A=====d==a'
 'A====C===aA=a=A==b=====D=======e======A===a==a'
 'A===A====a==C==c==Aa====E===e========a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 27, 86, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b=a, 40, 26, 86, A=A=
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A==b=====Aa=C===d======B=====a==B===c===B==aA===b=A=b==a, 153, 25, 86, A=A=
A==B==aA==a=A==a===B===a==B=====a==A=====c=====C=====b=====C===a=A===b==B===c====A====c=a, 146, 29, 86, A=A=
A===B======a==A====a=A=a===B=====a====A==b=====B===b======C===a==B===c===B===b==A====c==a, 152, 29, 86, A=A=
Accuracy: 0.018181818181818181818

++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 720

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 936

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 601

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1136

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 691

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 997

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 635

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 921

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 642

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 890

```
Final centroids: ['A=A=a==A====a=======B=a==C==a=====B==c===A===c==Aa===A==a=A=aa'
 'A==B=a==C===a==A===a=A===a===B===a=A==a=A====a==A==a=A===e===Aa=a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a'
 'A=A=aA==a==C=========a=====B===a==B==e=====A=a=a'
 'A=B==a==C====b======A==a==B==a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
 'A=Aa====E===d=======C==b===A===a===C=====b===A====b==A==a==A===c=====a'
 'A=B==a==B====a===A===a===C==c=====A=a===A===c===A=a=a'
 'B=B=a=A==a=A=a====C==a=A=====c==Aa===A==a===A====a==A===b===A===b==a'
 'A=B=a===B=a=C===c=====B===d===a'
 'A=B==a===B=====a==C=d===D======b==B==bA=d====A==a=a'
 'A====B=====a=B==b===D===d=====A==a==A==b======a'
 'AAA=a===B==a====a==Aa=====C=a==B===c==A==b===A=a=B=a==C==e====A=a=a'
 'A==C==a==C===b==A=a====Aa=A==a==A=======a==A===b=====A==a=A==b=A=b=a'
 'A=A===a===E====e====A====a=a'
 'A===C==aA=b====C=d========E===e=====C===c===Aa==a'
 'A=====B===a==B==c==========E===e========AaA==a=a'
 'A=A==a===B==a=======B===a==B==a=Aa==B===b===A==a==A==c===A===b=a'
 'A=B=a===D==a=A===b===B==e====a'  'B=A=a=A=a==B====a=====C==b==A==c=A=a=b'
 'A=A=a====C===b=====A==a===A=a==C=b===A===b====D===aA===d===A=b=a'
 'A=====B==a===D====b=A==b===B==d===Aa==a'
 'A=A=a=A==a===B==b==D====b===B==c====D==d===A=b==a'
 'B=a=B==a=Aa==D===d======C===d=======a'
 'A=AaA==a====C=aB===d===B=====b====A==a======D=====c===D===e====A==a=====a'
 'A=====C==b===A==a=A=aA==b=====E===e=====D===d====A==a==A=a=a'
 'A==Ba==C===a==A===b====C==aA===aA==d====A===b=a'
 'A===C=a=C==a====A=a=A==b=Ab==A==a====b=a'
 'A=A=a==B==a===B==a==C===a=A==c==A==c==a'
 'A=A==a=A=a==C==a===C=d====B===a=A==c====Aa=a'
 'A=Aa==B=====a===A====b========E===e=======A===aAa=a'
 'A==Aa====D====c======D=====e=====a'  'A==A=a=====E===e=======A==a=a'
 'A==B==a=B=a==C==d===A=a=====B==c====Aa=a'  'AAa====E==d===A===b==A=aa'
 'A==B==a=A=a==A=a==B===b===A==a=A=a==A=aA===a===C==a=A==b===C===c==A==b=A=b=A=a=a'
 'B=B=a=A=a==C====b=====A=====d=a'
 'A=C=aB==a=A=a=A====c=====D====b===A=====d===A==a==a'
 'A=A=a====E===d======C======d==A=aa']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 9, 114, A=A=a====E===e======Aa=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 5, 114, A=A=a====E===e======Aa=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 6, 114, A=A=a====E===e======Aa=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 5, 142, A=A===a===E====e====A====a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 7, 114, A=A=a====E===e======Aa=a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 4


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 594


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 801


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 585
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 895

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 583

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 898

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 669

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 943

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 708

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 934
Final centroids: ['A===E====a==A==b==A=aA===d===a'
 'A===C==aA==a=A==a=B===a==B===b====A===c==A===b==a'
 'A====E====c==A==a=Aa=A==b=====D===c====C=d====A==b==Aa=a'
 'A==C==a=B==c===C==d=======D====c===D=b=A=d====a'
 'A===D===aA===b===B==b====A=a==C===c===A===b=A=b==A=a==a'
 'A==A==a=A==a===A==a===A==a=A=a=B==a==A=a=A==a==A==a===B==a===A==a==C=====d==A==a=A==b==A=a=a'
 'A=A=a==B==a===A==b=======E===e=========A==aa'
 'A=A=a==A==a====A==a===E===d====B====b=A===b==A===a=a'
 'A=A=a==Aa===E=====d=======A==ab' 'A=A=a=====E==e=========A==a=a'
 'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A===b===A=a==B==c==A=a=a'
 'A===A==a=A=a====E==e==A==a==A=a====a'
 'A=A=a====C=====c========E====e======a'
 'A====C==a====A==a===C===a=A==c=Ac=====a'
 'A=B===a==B==a=A=a===C===c=====A==b==A===b===A==a==a'
 'A==Aa======E==e====A==a==A=aa'
 'AA=a=====B==a===A==a==D===b=A==c==A==b=a'
 'A==B==a==B===b=======C==a==B=c=====B===b===B==b==A==bAb===A==a=a'
 'A==B=a===C==a==B===b=====B===e=====a'
 'A=====D===b==A=a==A=aA==b====D===d====D===d===A==a=A=b=a'
 'A=B==a=A==a==A==a==B==a=A=a==A====a=C===c==A=c=====a'
 'A==Aa=====C==b=====B===c==========E=====d======A==b===a'
 'A======E===b==A=====d===a'
 'A=B==a==C====b=Aa===B===a====B===c====A==b===Aa==D==a=A====e=====A=aa'
 'A=====C===a=A==b===C=a=B===c=Ac======A=a==a'
 'B=B=a==B==a====Aa=B===c==A=a==A=aA==b=b'
 'A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a'
 'A=A=a===C=aB==aA===b=B==b====B==a=Aa==B==c===A=====c=A=a=a'
 'A==B===a===C==b=A=a===C=====e=====a' 'AA=a===E=d====A===b====a'
 'A==C==a=A===a===A===b==A=a=C===b=====C====e======Aa=a'
 'A=A=a==A=a===A=a=A=====a==B===a==Aa=A=a===A==a===C==a=A=b===C==d===A=a==A=b==Aa=a'
 'A=B=====a==Aa=A=a==B==a=B=======a==A===c=========C==a====B======a=A====b==A====b===A====c==a'
 'A==A=a==B=a=A=a=A=b=========E===e=========Aa=A==a=a'
```

```
   'AA==aAa===A==a=Aa==Aa===E===b=A==c====A=a=B==c=========B=a==C==d===A===a===Aa=A==aa'
   'A=A=a====E==d==A=a==A=a=b' 'A=B===a===D===d=======A===b=a'
   'A=A=a====E==e===A=a===Ab']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 15, 35, A=A=a==B==a===A==b======E===e=========A==aa
A===B=a=A===a===C==a=B==d====B===a=A=c===Aa=a, 18, 15, 158, A==C==a=A===a===A===b==A=a==C===b====C====e==
A=A=a=A==a===C=b===D==d====B=a===A==c===Aa=a, 20, 12, 35, A=A=a==B==a===A==b======E===e=========A==aa
A=A==a==A==a=C==a=C===c===B===b==A=b===A=b==a, 35, 13, 37, A=B===a==B=a=A=a==C===c=====A==b=A==b===A==a=
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a=A==c====Aa=a, 58, 13, 35, A=A=a==B==a===A==b======E===e=========A==aa
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 698

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1005

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 649

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 943

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 658

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 943

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 678

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 969

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 656

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 864
Final centroids: ['A=Aa=======E===b======B==b=====B==a=A=a=A===c===B======c==A=b==a'
  'AA==a==B=a==D===d======C===d==a'
  'A=B==a==A=a=C===b==B==b====C==b==A=c==A=b==a'
  'A=B=aA=a==D==d=======A==b=a'
```

```
'A=B=a=A===a==A=a==B==a=====B====b===C==e==A=a====a'
'A======E=======a==A=b==B==b====B===a=A==a=A==a===A=========e===a'
'B=Aa==B==a===B=a=B===c==A=a==A==a=A=b=b'
'A=C===b=======A==a===D===c===C==d==A==b===a'
'A==A==a==C==b=====C==d========E=====e====A==a=a'
'A====E===b==A=a=A==aA==c====D===d====D====c==A==c====a'
'A=====CaA==a==A==b===A=a==D===e========A===a=a'
'B=A=a===Ba==C===c=====C==e====a' 'AA=a=A==a==E==e======A=a=A=a=a'
'A=B=a===B==a==B=a=B===d======A==a==A==b=a'
'A====D==c==A==a====D==e=====D==c=====C==d==A=a=A=a=a'
'A=B=aA==a=Aa==D==c=C====b==A===a=A==c====A=a=b'
'A===B==a==A=a==B======a==B==a=B==b===B===d==A=b=====a'
'A=B==a==A==a===A==a====A=a====B===a====C===d==Ab===Aa==a'
'AAa====B==a====A===a=====D==b==A==d=====A=a=a'
'A==A=======a===E==e===A==a=A==a=a' 'Ba=A==a===E====e=======a'
'A===E======a==A=====c=====C====b===B=======e======a'
'A=A==a====E==e======A=aA==aa'
'A=A==a==C==a====A==a===C===b==A==c==A==b=a'
'A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a=a' 'A======E====e==Aa==A=a=a'
'A==A=====a=A=a===E===d===A==b===A=a==a'
'A=A==a=A==a======BaB=====a=A==a====B=a=A==c=========D==d==A===a==A==b=a'
'A=A==a====B===a===A==b======Ca==C==e=======Aa==A===a=a'
'A==A==a=A=a===E===e==A==a=Aa=====a'
'A==C=======a==A==a====B==a=B===aAa==A===c=A=c====a'
'B==B==a===C===c====A=====c==a'
'A===B==aA=a====B==a=B===aA=a=A==b===A==a=C===d======B===a==C==d===C==c===A====b==a'
'A=A=a==B==a=A=a==A==a=A==a==B=====a==C==d==A=b====a'
'A===D==a==B====c===A===c====a' 'AAa=====E==e====A==a====Aaa'
'A==B==a=A=a====D==d=C===c===A=====a==B==c===A=a=a'
'A==C==a==B==b===C===b=====B=====b==B===c=A=c==A=a=a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 4, 103, A=B=aA=a==D==d=======A==b=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 9, 90, AA===a==B=a=D===d======C===d==a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 7, 103, A=B=aA=a==D==d=======A==b=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 5, 65, A=A==a====E==e======A=aA==aa
A===A=a===E==e===A=a=A==aa, 160, 7, 65, A=A==a====E==e======A=aA==aa
Accuracy: 0.00909090909090909

+++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 731

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1069

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 624

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1028

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 656

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 897

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 711

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1048

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 765

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1039
Final centroids: ['A=A==a========E==e====A=a===a'
  'A=A==a=A=a==A=a=A====a==B==a=A=a=====A==a====C==aA==c===D==d======A==b====a'
  'A=A=a====D=====a==A=a==A===a===B===a===A====c===A===a=A==c==a'
  'A==C==a=A=a==A==b====D====b===B==bA=d======a'
  'A=A==a====C====b=======A==a===C=a=B==d==A=aA==a======B==aA===c=====A===a=a'
  'A======C===a==B===c=====B=a==C==c=A=c======A=a=a'
  'A====E==d==A===b===A==aa'
  'A===B==a====B===a====A==a===C===c====C====e======A=a=a'
  'A====C=====a=======C==d=====C==b===C==d===A=====b=a'
  'AA==a=======E==c=A=b====B===c==a'
  'A===B====a==Aa====C====d====D===c===D===d==A==b====a'
  'A======E===e========a'
  'A=B==a=B====a==C==c===C=====c===C===b=A====d==Aa=a'
  'A=A=a==A==a==A=a==B==a==A====aAa==A==a==A=a===D====a===A===aA====e====A=a=a'
  'A=B=aA==a==A==a=======B=a===C=====c===B===c=A=b===A=a=a'
  'B==a====B==a===A=a===D==a=A==e====A==a=a'
  'A=A==a===A==a=A=a===B=====a=A==b=====B==a==B==b====A==a==D==d==A==b===A===a=a'
  'A===B====a===A===a====D===c==A==c===A==a=a'
  'A=A=a===A=a====E===e===A=a=Aa=a'
  'AA==a====B==a==A==b========E====e=========A=a==A=a=a'
  'AA==a===B==a==B===b=========D=====e====A=a=====a'  'A=Aa===E====e===Aa==a'
  'A=B=a==A==a==D====c===A=a=C==e===a'  'BA=a=====B=a=C=aA==c===A======c=a'
  'A=A==a==B==a==C=a=B===c=======A===c===A=a=a'
  'A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a'  'A=A=a==C=a=C===c===B=====d====a'
  'BA==a======B==a===C==d=====B==b==A===b==A==aa'
  'A==D=aB==c===A==c==Aa===a'
  'A=B=aB==a=A==a=Aa=A=a====B===a===B==c=A=c====a'
  'A==A=a==D====b==A==a==A==a=A=a==C===========d===B=aA====c===Aa=a'
  'A=A=a==A=a==A===a=A===a===A==a==A=a=A=a=A==a====C==a=A=a===C===c==A==b==A==b==Aa=a'
  'A=A=a=A=a===B==a=A=a====B===a====C==e=====A=a=a'
  'AA==a====E===e=========B===a=B==a=A==b=A====b=====A=a==E======e======A==a=a'
  'A=A=a==A==a==A======a==A=a=====C====b===D==d===A=b======a'
  'A=A=a==Aa==C==a==A==a===B==a=B====a==A==a=A==aA=b==A====c==A=b=a'
  'A====E==b===A=a==A=a==A===c====D===d=====D=d====A==b====a'
  'A=B=a==B==b=======B==a===C==a=Aa==A===b===B==b=A==d====A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d=A=a==A==b====a, 4, 9, 66, A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a
```

```
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 6, 66, A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 10, 66, A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a
A===B===a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 9, 66, A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 8, 62, A=B=a==A==a==D====c===A=a=C==e===a
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 616

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 981

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 818

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 804

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 609

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 938

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 676

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 795

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 616

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 903
Final centroids: ['A=C===a===C==d==A=a=A====b=a'
 'A=A=a====C==a=B=a=B===b=A=b====B==d===A=a===a'
 'A=A==a===D==a=B=a=A==b=A=b===C===e===Aa=a'
 'A====C==a=B====b======C====e======a'
 'AAa===B=a=Aa=Ba=C===b=A=b===A==c==A=a=A=b'
 'A=B===a==A==aA=a=====D===cAc====a' 'A=Aa===D=a=B==d===A=bAa=a'
 'A==A==a===C==b=A=a===B===a===C==aA==b===A===b====Aa==C==a=A==e=====A==a==a'
 'A=A==a=Aa=A=a======A==a=====C==b===B===b======A=a==B====b=======A==a===D====e===A===a=====A===a==a'
 'A=A=a==B=a===B==a==C===c===B==b==A=c===Aa=a']
```

```
'A=B=a==D========d====B===b=A=b===a'
'A=Aa==C===a==A===b====C=a==B====e=====A=a=Aa=a'
'A=C==a=A===a=A===c=======E==c===B===c=Ab===A=a=a'
'A=A=a====E==d======D===e=======a'
'A=A=a=A==a=A====a====A==a===C===b===A==b===Aa==A=a==C==c=======B===a===D==e=====A==a====A====a=a'
'A=B=a==D======a=A=b===A==a==B=====a====A==b====A======cA=b=a'
'A=B=a====D===b=A==aA=a===A==a===B==a=A=a==A===b==A=a==A===d====a'
'A=Aa==Ba==C==c==Aa===D======e====a'
'A=Aa=A=a=A==a======B==a==C==b======B====b====C==c==A==aA==aA=c==a'
'A=====C==a===A==a===C=========d===A=b==a'
'A=B====a====D=====c===A==a===A==c===A=a=a'
'A===B=a==D===e=======E=====e===a'
'A===Ba==D====b==A===c====D==========e=====A===a==a'
'Ba=====C=====a==C==e========E=====e=====A==a=a'
'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
'A=A=a==B==b=======B==a===D=aA==c=A===b=======C=a=A===d===A=a=a'
'A====C=aA=aA==a====C=======a==A====b======Aa=B===c======B===a=A====b==A===a==A===c===a'
'A===A===a===E===d======A===b=a'
'A====C====bA=b===A=aA=a=Aa====E=====c=A==c=====A=a==B==b===A=aa'
'A==C====A=a=A=a=B=====c======A===c==a'  'B=a=====E====e===Aa==a'
'A======E==a=A=aA====c=======A===c==a'
'AA=a=====D===a=A=a==A==b=====B==a====B===d=====A==b=A=a=a'
'A====C==b=A=a====C===d=====C===c=====E==e==A==a=====a'
'A=====D===aA=a====A=aA==c======D====c===C====c==A====c====a'
'A=A==a====B==b========E=a==A==c==A=a==A===c====D===b==A==c=====A=a=a'
'A=B==a==B==a=B=aA=b====C===e===a'
'A=A=======a=A==a===A==a===B====a===A==b===A=a==B=a=A==b=======B===a===D==e===A====a===A====a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a===B======a=====C===a=A==b===B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 29, 6, A==A==a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a=Aa==A==a====D=b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 31, 6, A=A=a=A==a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a=Aa==A==a====D=b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 31, 6, A=A=a=A==a
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a==A=a=A=a===C==a==A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 28, 64, A=A==a==
A==A===a==A==a=B==a=B==b==B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b=A=b===Aa==a, 159, 29, 64, A=A==a==
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 885

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1112

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 794

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1161

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 705
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1095

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 762

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 925

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 799

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1110
Final centroids: ['BAa==A==a====D===d======A====b==A=a=a'
 'A==B=a====B====b=======A===a====B==a==A==a=AaA==a===A=aA==a==C==a=A=c=A==c===a'
 'A=A=a===CaC===e====A=a=a' 'A=A==a===B==a===A==a===D===a==A===c=A=c====a'
 'A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a' 'A=C====a==C==d======A===b=a'
 'AA=a==E==e====A==a==A=a=a'
 'A=A=====a===B=a=A==b===A==a==A==a===A===a====D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
 'A=A====A===a====D===d==A==a=A==b==Aa=a'
 'A=A=a====C===a===C==c==A===a=====B==a==Aa=B===c=====A==b==A=aA=b==a'
 'A=B=a==B=a==C=====a=A==c====A==a==A===c==A=a=a'
 'A=Ba==D=aA===d==A==b===a' 'AA=a====C==a====C===b=A==a==A==c==A=b=a'
 'A=A======A==a====B==b==A=a=====D===b=A===c===A=aA==b==A=a=a'
 'A=B==a===D===d======C====d======a' 'AA=a==Aa==E===e====Aa====A==aa'
 'A=A=a==A=a====A==a==E===b==A=c==A==b==a'
 'A=B=a==B=====a=====C=aA===b=======A===a==A===a=A==c=====A==b=a'
 'A==A==a==B===a======D====d=Ab==a'
 'A====E===d===A=a=====C==d======D==d=====C===b===A==b====a'
 'A======E===e====A=a==A==a=a'
 'AA=a==A==a==B=aA===b===A=a==A==a=A==a==A==a===D=====b===C===e======A==a==a'
 'AA=a====C==a===C=====c==A=a==B===d==A=a=a'
 'A=A=a======E=====c====B====d=a'
 'A====D===c===A=a=====A=b=Aa====D====d=====E===d===A====b====a'
 'A=C==a==C==a=A==b==A=a=A==c==A==b===a'
 'A=B=aA===a====B=a==B==c=====B==a=A==a=A=a==A==b=====C==a=A==b===C==b===A==b===A=c==Aa=a'
 'B==A===a======A=a=B==aA==a===C===c=====C==e=======a'
 'A=A=======D===b=====A=a==A==b====B===a==B======d======A=====b==A=a===a'
 'A=A==a===B===b=======A==a===D====c=Aa==A==b======E======e=====A=a==a'
 'A=B=a==B==aA=b====B=a==C==b==A=aA==c======C==a=A===d===A=a=a'
 'A==B=a==C==a===B=a=A===b===Aa==A=====c=b'
 'AA=a=====D==c==A===a====D===b==A==d===A==a==a'
 'A==B=a===C==b==C===d=========D===c=====C==b=A=d=====Aa=a'
 'A=A==a===B===a===B===a==C===a==A===c==A=c===a'
 'A===A=====a==A==a=A==a=A===a==A==a=Aa===E==e===A==a===a'
 'A==E========c==A=A==c======D====a==A====e========a'
 'A=B==a=A==a=B==a=A===b==A=a=C==c====A===a===B==a=A==a===C====b==A=c=A=b===Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 57, A=C====a==C==d======A===b=a
A=A=a==E==b==B==b====A=====d===a, 88, 9, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
A=A=a===C==a=A=====a==B=a=B===e=a, 100, 8, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
A=C==a=AaA==a=C==a========A==e===a, 68, 9, 57, A=C====a==C==d======A===b=a
A===D==aA=a==B=====a==A=====e==a, 120, 11, 7, A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a
```

```
Accuracy: 0.013636363636363636
```

```
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 876
```

```
Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1262
```

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 895
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1309
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 836
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1305
```

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 913
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1143
```

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 746
```

```
Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1179
Final centroids: ['A=A=a=A=a===B=a===B==b====A==a==A=a==A==a=A==a====D===aA==c===B====b==A=a=A==c======a'
  'AA=a=======E===e========a'
  'BA==a==B===b=====B=a==C==b==A===aA==b=====C=========d==Ab==a'
  'A=A=a==A==a=A====a=B==aA=a===D====d====C==d====A=a====a'
  'A====D==a==B==d====A==b===a' 'AA=a===B==b=====A==a===E======e==A=a===a'
  'B=C=aA==a===B==c==Aa==A===c=a'
  'A=A=a====D==a======B====c====A==a=A==c=a'
  'A=A==a===C======a==B==a=A==a===B===a===AaA===c==A=====c====A=a=a'
  'A=B==a==B====a=a===A==a===D=aA==c==A=b===A==B=aA===c====A==b=a'
  'A=B==aA=a==B===a=Aa====A=a==B====b=====C==c=A=c====a'
  'A=A=a===D===a======B===d=====A=a=A=b=a'
  'A======E===c===B===b=Aa=A==a===C==a==A==a=A==d====A==a==D==e===Aa=a'
  'A====B===a========D==c==A==aA==c=====a'
```

```
'A=A=a=A==a=====D==b====B====a==B===e=====A=a=a'
'A=A==a=====D==a==A==b===C==c====A====a=A==a=A==b======A===b=A=a=A=a=a'
'A=Aa=B=a=D==c======C====e======a'
'A=Aa==B====a===A==a====D==c==A==c===A==a=a'
'A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a'
'A======C==a==C=====a=A==b=A===d==A=a==a'
'A====Ba=B====a=Aa==A==c=========E=====e=====A==a=a'
'A=Aa=====D===a==B==b==A==b=====A=a=Aa=A=a=A=c===Aa==B==a=A=b=Aa=a'
'A=B==aA=a===B==a===C=====a==A==c==A=c===a'
'A=Aa==A==a=A=a===B===a===D===a==A==c=====C====d=======C=a==B==d===B==b====A===b==a'
'A=A==a=A=====a===B=a=B====a==A==c=====C==b===A==a=====B==a=C==c==A==b=====A==b=a'
'A=Aa==C==aA===b=====D===e====Aa==a'
'A=A=a==B=======a==C==d=======E=====e====A==a=a'
'A====E==d===A==a==A==b=a' 'A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e=====a'
'A===C====a=A=a===C===d=========A==b=a'
'A=A=a==A==a===B==a==D===c==B=====b==A==c==Aa=a'
'A===B===a====D===a=A=====c=A==c=====a'
'A==B=a==C===a=A====a==B==a=Aa==A==a==A=a=A==b====A===aA==d==a'
'A=B=a=A====a==D===c======B====d=a'
'AA=a===B===a===A====a==D===a=A==d===A=b===a'
'A=A===a======E====c=====A===c=====a'
'A=Aa====D===a====A=a=A===a====B===a====A===c=====B=====d====a'
'A=Aa======C===b=A=a=A==a=A==a===D======a==A===c===A=a==A===c===Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c=========E===b===B===d======a=a, 7, 11, 91, A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e=====a
A=D===a=A==b=A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 91, A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e=====a
A=B======a====A==a==B====b====D====e======Aa==a, 93, 14, 135, A====Ba=B===a=Aa==A==c=========E=====e=====A==
A==E=======b==A==a===B====b===A=====d========a, 132, 12, 91, A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e=====a
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 13, 91, A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e=====a
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 800

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 762

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 603

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 746

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 659

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 839
```

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 738

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 750

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 614

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 880
Final centroids: ['A=A==a=======E==c=====B===d===a'
 'A====A====a====A=a====Aa===C===b===A===b========E====e======A=a====C===c==A===a===A====a=a'
 'A=B=a=A==a===B=a===A==a===C===b====B==d====A=b===a'
 'A=A==a=A==a==B=a=A==a==B====b==A=aAa=====C====a===B==b=A=b=A=c===A=a=a'
 'A=A=a===C===b======B==a===C====c=Aa=A==b=====C==aA===d====A=aa'
 'A==A==aA==a==A==a=A==a====A==a===A==a=A=a===A===a===C===a=A==a===C==c=A==c===A=a====a'
 'A=B=a======D==c====B===d====a'
 'A=B==a===D======d====B===a==B==a==A=a=A====c===D======a=A====c==A==c==a'
 'A=B==aA==a=C===a===B=a==A======a==A====c=A=c====a'
 'A=D==a=A===b=A===b=====D=====a==A======e===Aa=a'
 'A======D====a=====B===d===A===a==A==b=a'
 'A=C===aA==a==B==b===C===c=B===b=A==b==A==b=a'
 'A=B=a===D====c=====C======e====a'
 'A==B======a===A=a==B==c=====A=a=A=a==Aa=Aa=A===a===C==a=A==b===D====c==B===c=Ab=====a'
 'A==B==a==B==b====A====b=====E======d====A=b=a'
 'A=======E=====b=A=a==A==a=Aa===B======a===A===c===A=a=B===d==Aa==a'
 'A=Aa===C===a====B===c=A=a===D=====b===A==c====AaA===b=====a'
 'A====B==A==b===D==e=======D===c===B==b=Ab=====a'
 'A=B=a===B==a=A==c========D===b===C===cAc==A=a=a'
 'A=======E=====b=====A===d======E=======d===A==b==a'
 'B=D=====d===A==a===A=a=b'
 'A=Aa====E==d=====C===c==A===a====D====b===A==c=====A=a==A==b==A=a=a'
 'A===A==a===E===d======a=A===a=a'
 'A==B=a=B==a==A==a===C===b===B===b=A===d======A=aa'
 'A=====C======a===A==b====C=a==B==c=A=c=======A==a=a'
 'A========E===aA==b==A==a==B==e=========a'
 'A=A=a===C==a====C==c===A=a===B=======a==A==b==A=a=A===c===Aa=a'
 'A=======E===e====Aa==a' 'A=Aa==E===d===A==a=A==a=b'
 'A=B===a=B===a=B====b==A==a===C=a=A=a=A===d==A==a=A===b====a'
 'A==B=a===D===c=====C=====e====a' 'B=C==a==Aa=B===d==Aa==A==b===a'
 'A==A===a==A=a===B===a====A==a=A=a=======A=a===D=====b===B====d====A====b====a'
 'A=A=a=A==a====E===d====A==b==A=a===a' 'AA=a=====E==e=======a'
 'A=A=a=Aa===B==a=A====a===B====b====D==d=======a=a'
 'A===A==a==A=a=====A=a=====C==b===A=a=======B===a==A==b======A===a==D===d===A===b====A==a=a'
 'A=B====a===D==d=Aa=A===b===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A====b=a, 60, 10, 24, A=B=a==D====c=====C======e====a
BA=a===C==a==A=a==B==d==A=a===A=b=a, 65, 12, 51, A=====D====a=====B===d===A===a==A==b=a
AA=a===E==c===C=====e========A===a=a, 90, 11, 16, A===A==a===E===d======a=A===a=a
A=====D====a=====B====d====A=====b==a, 107, 7, 51, A=====D====a=====B===d===A===a==A==b=a
A=A=a===D===a===B===c====A======c==a, 109, 9, 24, A=B=a===D====c=====C======e====a
Accuracy: 0.0
```

```
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Average accuracy: 0.005909090909090909
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 41

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 771

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1228

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 804

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1146

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 819

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1175

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 820

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1135

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 785

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1015
Final centroids: ['A=A==a====B=a===D===b==A=a==A==d==A=a=a'
 'A=====C==a==A=a==A=====a===C==a=A=a=A===d===B=a=C==e====a'
 'A=B=aB=a==C==d===C==b===C====c======B=a=A==d=====A=aa'
 'A=A==a===E===e====A=a==a' 'A=A=aA====D===e=====A=a=A==aa'
 'A=Aa===E=d====A=a===aA=aa' 'A=AaA=a====E===e=======A==a=a'
 'A======D====b===A=a===A=a==Aa===C=a=A===b==A==b===Aa==A==c==A=a==a'
 'A========D===b===A==c==========E====e====A====a=a'
 'A======C===a===A==b=====A=a==D===e===========A==a=a'
 'A======C===c===Aa===C==a==C===d======B==b====A===a==A==a===a==a'
 'A=Aa===C==a=A=b==D==e=========D==a=A=d=====A==a=a'
```

```
 'A=A==a==C====aA==b=====D==c==Ac==Aa==a'
 'A==A==a==Aa==A=a=Aa===B====a==A==b=====Aa===E==e=======A==a===C==c===A===a===A===a==a'
 'A======E===b=A==a===A====a===B=====a==A==c=A=a=A==c=====a'
 'B=B=aA==a=A===a=A=a=A==a==B==a=A=b===C===d==A=b==Aa=a'
 'AA=a==C===a==C===b==A=a==A==c==A==b===a'
 'A==B====a===B====aA=a===B===b===C==d===Ab====a'
 'A=======E=====b=====A===d======E=======d===A==b==a'
 'A=Aa=Ba==D==d=======D===e==Aa=a'
 'A==A=======A==a=A=a=====D===c==A==c======C===b=Ab=======A=a==E==e====A==a====A===a==a'
 'A==B===a=B==a===C=====c===A====c===a'
 'A==A==aA=a=======E=d==A==a=A=b==Aa=a'  'A==A==a===E==e=====A==a=A=aa'
 'A=A=a======B=a=Ba==C==b==Ab===B===d===A=a==a'
 'A====B====a=A====a====A=a===C===A=====d===Aa==A==b==A=a=a'
 'A=====CaA==a==A==b===A=a==D===e=======A===a=a'
 'A=A==a==B=a==D===c==A=a=C==e====a'
 'A====D===b=A=a==B======c====D==c===C===d====A===b=a'
 'AA=a===B==b======A==a===E=======e==A=a===a'
 'A=A=a===C==a=====C===d=====A=a==A=a=b'  'A=A==a===E======e======a'
 'A=A==a=======E==c=====B===d===a'  'A==A=a=====E===d==Aa====A==b=a'
 'A==D====a==B==c======A===c===a'  'A=A=a===E===e=====Aa=a'
 'A==D==b==C====b=Aa===B===aA===a=A=a==A=a=A===c======C===aA=====c===A==c==a'
 'A==B==a==A==a==A=====a===D====d====C===b==A===c===A=a=a'
 'A===D==a==B==d===A====b===a'  'A==B==a==A==a==D==c==A==b=A==b===a'
 'AAa==B=a=D===e===A==a===a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 28, 139, A==D==b==C===
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c=========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 26, 20, A==A==a==Aa==A
A=B==a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 26, 139, A==D==b==C===b
A=A==a====C===c=======A==a===E====c=====A===b=======C===a==A===d=====A==a==a, 46, 24, 20, A==A==a==Aa==A=a
A===B==a==C=======b======B==a==B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a==A===c===A==b==a, 52, 22, 139, A==D==b==C====b=
```
Accuracy: 0.00909090909090909

++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 766

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 938

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 685

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1016

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 740

Iteration 6
Found empty cluster

```
Terminal measure: Et = 1011

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 751

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 917

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 667

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1025
Final centroids: ['A=A==a==B====a====B==c=========E====e====AaA==a=a'
 'B===B==a=====B==a==B===a==A==d====A==b=a'
 'AA=a===B==a====A==a===D===b=A=d=====Aa=a'
 'A=B==a==A=a=C===b==B==b====C==b==A=c==A=b==a'
 'AA=a=====B==a==A==a===D=====a==A==d===A==b=a'
 'A=C======a=A=====a==C===c===B===b==A==b==A=b=a'
 'A=====C===a==A=a==B==c====D===d====B===b==A=b=A==a=a'
 'A==C==a=B===b=======B==a==B====a===A==c===B===b==A==b====A==b=a'
 'AA==a====B===a==D=====d========A==b=A=a=a'
 'A=====E===c====A===c=====C==a==B==c=A=b==A==aA=a=a'
 'A=A=a==A==a====A==a=====E===d====B====b==A===b==A===a=a'
 'A=====E==e===A=a==A===a=a'
 'A==B==aA===a====D=c==C===d=====B==b===A==b===A=a=a'
 'A=A=a===D===a======B===d=====A=a=A=b=a'
 'A=====B==a======D==b=A=b===B==d====A=a=a'
 'A=A==a=A==a==B=a=A==a==B====b==A=aAa=====C====a==B==b==A=b=A=c===A=a=a'
 'A=A==a====C====b========B===a====C=====c==A=b=A==b========C===a==A==c======A==a=a'
 'A=A=a====B===a==B===c========E====e=======A=====a=a'
 'A====B===a========D==c=A==aA==c======a'  'A========E==d===A==b==A==aa'
 'A==C=====a===A===a====B==a=A=====a==B=====e=========a'
 'B=B=a===B=a=B===b====Aa=A===d===a'
 'A==A=a==C==a===A=a=C==c==A==a==B===d===A=a=a'
 'A=B=a==B=a=B===c=======D======e====a'
 'A======E=====b==A=a==A==aA=a===B===aA=a==A==c===B=a=A==c=A==b=a'
 'A=Aa===B=====a==A===b======C=a=C====c=A=c=======A==a=a'
 'B=C==a==Aa=B===d==Aa==A==b===a'
 'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a'
 'A====B=a=B==a==A=aA=a==C===d====C===c===B==c====A==a=a'
 'A==C===a==B==a==A=b===B======a==B=====e====A=a=a'
 'A======E====e==Aa==A=a=a'
 'A==D======c======D===aA=aA=a===A==a==A==aA=b=A=d=====a'
 'A=Aa==B===a====D==e======B==b===A==aAa==Aa==a'
 'A===C===a==A==a=A=a=A==c====E====d===D====d===A=b==Aa=a'
 'A==A==a===E===d=A=a==A====b=a'
 'A==B=a==C===a==A====a=A===a====B===a=A==a=A=====a==A==a=A===e===Aa=a'
 'A===B==a=A==a===D==d===D===d====B==a==A===c==A=a=a'
 'A=A==aA=a===A==a=====D===a==A==d======E==aA==e========C=a==C==e====A==a====A==a=a'
 'A===C==a====C==c=A=a==A===b=b'
 'A=A=a=====D==b===B=c===B==a=====B==a==A=a==B==c====B==b=A=c=====a'
 'A===B==a==C==a=A==c===D===d======C===b==B===d==A=a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 28, 72, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b==A===b==a, 40, 26, 72, A=A=
```

```
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 30, 72, A=A=
A==B==aA==a=A==a===B===a=B=====a=A======c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 28, 46, A=A==
A===B======a=A=====a=A=a===B=====a====A==b=====B====b=======C===a==B===c==B===b==A====c==a, 152, 28, 46, A=A==
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 803

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1043

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 791

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 941

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 787

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1201

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 962

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 874

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 643

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1099
Final centroids: ['AA==a==B====a===A==a====D====aA===c=A=c====a'
 'A==A==a==E==e======A=a==A=a=a'
 'A===A=a===A=a====C=====a=A==b=====A=a====D==e========A==a=B===b==A===a===A=a=a'
 'A=B===a===A==a=A===a===D===c===B=====b=A==c===AaAa=a'
 'A=D==a=A==b==A==a=====B====a===B==e======Aa==a'
 'A=A==a====E==d===A==a===A==b=a'
 'A=A=a===Ba=B=a===C===c=A==b===B==c===A=a=a'
 'A==A==a====B===b========A===a====E=====e======Aa=======A=a==B===b===A==a==a'
 'A==A=a=A=a=A=a===E===e==A=a=A==a=A=aa'
 'A===D==a=B===c==A===a===C===b==B=======e====A=a=a'
```

```
 'Ca===B=B==c====A=a=A==b=b'
 'B=A=a==A=a=A==aA=a=A===a=A==aA=a==D===d==Ab====a'
 'A==A=a==A=a==A=a===C======b===C==c===Aa=A==a==B==b======B==a==C==d==A===b===A====a=a'
 'A=A=====D==e===A====a=A=a=a'
 'A==B====a==A===a=A=a=A=a==B=aA===a===C==d===A=bAa==a'
 'A=B==a===B==b=======C==a=A==a====B==b===A===b=A===b=A==b=a'
 'A=A=a===E====d=A=b==A=a=a'  'A=Aa=Aa===E==e====A=a==A=a=a'
 'AA=a====B=a==C=a=B==c======A===c==Aa==a'
 'A==C==a=A===a===A===b==A=a==C===b====C====e======Aa=a'
 'A======E====e====A=a=a'
 'A=Aa===A==a===B==b=====B=a=D===e=========A===a=a'
 'A=B=a====D===b=A==aA=a===A==a===B==a=A=a=A===b=A=a==A===d====a'
 'A==A===a==A==a===B=a=C====b=A==b==A=a=Aa==C===d=======C==a==C==d===A==b====A==a=a'
 'A===C===b==A=a====B==c=====E==e======E==d====A==b====a'
 'B==a====B==a===A=a===D==a=A==e====A==a=a'  'AAa==D=aB==e===A=a=A=a=a'
 'A==B==a=A===a=====B=a=C==b======B===c====B===a=A==c===A=aAb===a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a'  'AA=a=====E==e==A=a===A=a=a'
 'A=A==a====C==b=A=b====B=====a==C===a==A==a=A=aA==b===Aa==C==a=A======e===A=a=a'
 'B=A=a==A===a==B==a==C===d====A==a===A==b====Aa=a'
 'A=A=a=A=a=A=a=A=a==A=a=A=====a=A===a===Aa=Aa==E===e=========A===a==B===b===A===a===A====a=a'
 'A=B=a==D========d====B===b=A=b===a'  'AA=a=Aa==Aa===E===e==A=a==A=a=A=aa'
 'A==B====a==Aa====B===c====C==b====D===e==A=a=A=a=a'
 'A==Aa=B=a==B=b==A=a====D==aA==e====a'
 'A=A==a=Aa=A=a=======A==a=====C==b====B===b======A=a==B====b=======A==a===D====e===A===a=====A===a==a'
 'A=B=a=A==a==A==a=A=a====B=a=B=====a==B===e====A=a=a'
 'A=A=a===D====b=====A==c======E=====d===A==b==a'
 'A=D===a==A==b==B===b=====C=====a===A=======d===A=b=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 7, 35, A======E====e====A=a=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 4, 35, A======E====e====A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 4, 21, A=A=a===E====d=A=b=A=a=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 4, 35, A======E====e====A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 6, 35, A======E====e====A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909

++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 904

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1120

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 949

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1061

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 729

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1079

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 843

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1220

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 889

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1129
Final centroids: ['A=====C==a==Aa=B=a=B===c====A=a=A===c===a' 'AA=a====E====e=====A=aa'
 'A=A=a====E==d========A=b=a' 'A=C==a==C==a=A==b==A=a=A==c==A==b===a'
 'A==Aa==B==a===Aa===D==a==A==d==A=b===a'
 'A======D===b=======B===c======D==c==C===c==A=aA==c===a'
 'A===B==a=====D========c===A===c=====a'
 'A=A=aA==a==C========a=====B===a==B==e=====A=a=a'
 'A=A=a==C=a=C===c===B=====d====a'
 'A======B==a=A==a==A====b======Ba==D===d====A==b=====a'
 'A========E===e=======A=a=a'
 'A=Aa===E======a==Aa====A==b=====B===a==Aa=A===a===A==a=A====e=a'
 'A=A=a===B=a==C==b==C==e====B==a===A===b======a'
 'B=D======b====A=c=======D====c==C===e======Aa=a'
 'A==B==a==C==aA=c=====D=======e====a' 'A=B==a==B=a==C====c====B===d====a'
 'A=Aa=C==a=B==b==B==d======E====d====C===b=A=c=====Aa==a'
 'A=A=a===E===c==A=a=Aa==A==c====a'
 'A=A==a===E==b==A=a=A===d====A==a=A==a=a' 'A=Aa===E==d===A==aA==b=a'
 'A=B===a==C====b=====A===c======E==a=A===d===A====b=a'
 'A=====C====a==A=a==A=a=A=b======D===d=====C====c===A==aA==b=a'
 'A=Aa====D===b=A==aA=a==A=a==C=======a=A==c===A==aA==c=Aa=a'
 'A=Aa====C===a==A==b=====C==a=B==aA=e========A=a=a'
 'A=A=a====E===d==A==b==A=a=a'
 'A=A==a=A====A==a====B==a=B===a===B===e========a'
 'A=A==a===B=====a=======Aa===D==b=Ab=Aa=A=b=====A=a=A===aA=b==A=a=a'
 'A==D===a==B==d=====A====b=a' 'A=Aa=Aa===E===d=======C===a=A=d=====a'
 'B=B=a======C=====c=====B=====d==a' 'A=A=aA=a===E===e==Aa==A==a=A=a=a'
 'A=====E===a=A=a=A=a=A=aA=a===A===b====B===a==A===e=====a'
 'A=A=a====D===b=====C=====d=====A=======b=a' 'A=A=a====E==d==A=a===A=ab'
 'A===D==a==B==d===A=====b=a' 'A======D==a======B====d===A==a=A===b=a'
 'A===C=====b=======C==a=B==a=Aaa=A==b==B=====b=A==c===A=a=a'
 'A=A=a==A=a==A==a=A==a===B===b======A===a====D======a==B===d=====A==b=====a'
 'A==B=aA=a==A=a=B==b===A===a==A=a=A=a=Aa======C==a=A=a===B===c==Ab=Ab==A=a==a'
 'A=Aa===E===c===B===b===A=a===C==aA==a==A==c===B=a==A==d=====a'
 'A=====B===a===C==d====E===d===C==a==A===d======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 13, 90, A=A=a===B=a==C==b==C==e====B==a===A===b======a
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 13, 99, A=====B===a===C==d====E===d===C==a==A===d======a
A=A=a==A==a===C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 11, 90, A=A=a===B=a==C==b==C==e====B==a===A===b======a
A=A==a==A==a=C==a==C===c==B===b=A=b===A=b=a, 35, 12, 90, A=A=a===B=a==C==b==C==e====B==a===A===b======a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 11, 90, A=A=a===B=a==C==b==C==e====B==a===A===b======a
Accuracy: 0.004545454545454545
```

```
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 748

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1183

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 804

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1073

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 724

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1124

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 850

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1029

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 737

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1002
Final centroids: ['A=Aa=B=====a====C==a==B=====a==A==b==A==b==A==b==A==b=a'
  'A=A==a===B==a===A==a===D===a==A===c=A=c====a'
  'A==A=a====E===e======Aa==a' 'A=====B=aA=a===D===c=======A===c=======a'
  'A=A=a===C==a=Aa====A==c======E======e===A===a=a'
  'AA=======C==b=A=a====B==d=========E==aA==e====A====a=a'
  'A=B=a==B==a==C===c===A======c==a'
  'A=A===A===a=====D===e==A==a=A=a==Aa=a'
  'AA=a==D======a==A==a==B==b======B===a===A==a=A===b====A======d=====a'
  'A===C=====b=====D==a=A===b====A==a==A===b=A=b==A=b==a'
  'A=A=a==E===d==A=b==A=a=a'
  'A=A=a====C==a=B=a=B===b=A=b====B==d===A=a===a' 'A=A=a==E====e===A=a=a'
  'A=A=a=====D===a==A=a==B===b====B===a===A=====c=====B===c==A=b===a'
  'A=B=====a==A==a===B===a==C===a==A==c===Aa====B===c====Aa==A=a==B==c===A===a===A====a==a'
  'A=Aa====E===e=====A=a==a']
```

```
'A=B==a==C=====a==B==d======D======d====A==b=a'
'A====A=a=A=a==E====d==A=a=A=b======a'
'AA==a==A====a=======E====aA=c=====A===b===A===b==A==a===A==a=a'
'B===D=====a=A==a=A==a=A=b===A==b==A==b==A==b=a'
'A=A==a==A=a=====E===d==A====b=A=a==a'
'AAa===B==a==A==a===D==a==A==e===A==a=a'
'BAa===A===a===A====a===D==b=A==d=====A=a=a'
'A==B==a==B=a=C===a====A====e==a'
'AA=a==A==a==B=aA===b===A=a==A==a=A==a==A==a===D=====b===C===e======A==a==a'
'A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b=A==b=A==b==a'
'A=Aa=A==a===B=aA===a=====B====a===C==e=========a'
'A=B==a=C====b=B===bAb====D==a=A==d===A==b==a'
'A=======E===aA==b==A==a==B==e=========a'
'A==C====a===B===c=====C==aB==aA===d======A===b======a'
'A==E=======c==A=A==c======D====a==A====e=========a'
'A=A=a======E==e======A==a=a'
'A=A=a=A==a=====D==b====B====a==B===e=====A=a=a'
'A=B===a==A==aA=a=====D===cAc===a'
'A=A=aA=a===E==e========C==b==A=b===Ab'
'A=====D=a=B==b==A==c=====D=====c====C==b=A==d======a'
'BB==a===Ba=B==aA====a=A==a===A===d==Ab=a'
'A====D==c==A==a====D==e=====D==c====C==d===A=a=A=a=a'
'A==A==a==A=====a=====C=aA===b==A=a===A=a==C==d=======B===a===D==e===A===a===A===a=a'
'A==A==a=A==a==A==a===A==a=A=a=B==a=A=a=A==a=A==a===B==a===A==a===C=====d==A==a=A==b==A=a=a'
'A=Aa===B===a==B==a===C===b===A==c==A=b====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 5, 64, A=A=a=====E==e=====A==a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 10, 114, A=B=a==B==a==C===c===A======c==a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 3, 64, A=A=a=====E==e=====A==a=a
A=A===a===E==e========A==a=a, 156, 4, 64, A=A=a=====E==e=====A==a=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 7, 4, A==A=a====E===e======Aa==a
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 787


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1162


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 842


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1086


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 818


Iteration 6
```

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1052

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 787

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1096

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 774

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1032
Final centroids: ['A=Aa=====D===a==B==b==A==b=====A=a=Aa=A=a=A=c===Aa==B==a=A=b=Aa=a'
 'A=======E=====e====C===c=======D==a=A===d====A==a==a'
 'B==Aa===B====a=A=a=A==a=======C==a=A=a==A=c===A=a==A==c==A==a=a'
 'A=A=a===B==a==Ba=C===c==A=b====B===c===A==a=a'
 'A=Aa==E=========a=A=a==A===a=====A===a==A=====b===A=a=A==b=A=c=a'
 'A=Aa=A=a==E===e===A=a=A==aa'
 'A=D==a=A===b==A===b=====D====a==A=====e===Aa=a'
 'A====D==aA=a==B====d==B==b=A=a=A==A===b==A==b=a'
 'A=A=a====A==a========D===b==A==b===B=a===C==d=====A==a==C==d===A===a===A==a=a'
 'A===B==a==D==e==A=a=A==a=Aa=a' 'BAa==A==a====D===d======A====b==A=a=a'
 'A=Ba=C==b==C===c=A=a==A==c===a'
 'A========C==a=A==b==B==b====B===a=====C==d====A==aA==b===a'
 'A=A=aA=a==A=A=a=====Aa===C===b===A===a=======C=aA===d=======B==a===C==d====B===b====A==b=a'
 'A==D==aA===a=A===d==========E===b===B=====e======Aa=a'
 'AA=a=====E===e=======a'
 'A====D===c===A===a==Aa==C==d======E===e====C=====b===A==b==Aa=a'
 'A=B====a==C===c======D==c=A=c==Aa=a'
 'A=Aa=C===a====B=a==B==c===A=a=Aa==A=b=b'
 'A=B==a=B=a==C==aA==a==A===d=A=b=a'
 'A=Aa==B==a===D==aA===c==Aa===A==c===A=a==a'
 'A=A==a===C=a=C==c======B==d====a'
 'A====Ba==B===a=Aa==A==c=========E=====e======A==a=a'
 'A=A==a==B==a==C=a=B===c=======A===c===A=a=a'
 'A==E=====a====A=c=====Aa=A==c==a'
 'A=A==a===C==a===C=====c==A=a===B==c===A=a=b'
 'AA=a==C=a====A=a===C===a==A==d==A==b=a'
 'A==B==a=A===a=======D==aA=====a==A==a==A====aA==c=A==c==a'
 'B=Aa=B==a==C==c=======B======d===A=a=a' 'A=A=======D==e========A==a=a'
 'A==A=a=======B==b====E==e===A==a==A===a==A=a=a'
 'A==C=a=Aa==C==aA=b===A=aA==d==a' 'A=A=a=Aa======E==d====A==b=A==a=a'
 'A=A=a=A=a===B===a==Aa==B========a====A==a=A=a===C====b=====B===a=A====c===B===a===A===d===a'
 'B=D=====d===A==a===A=a=b' 'A======D=aB==e=====A=aa'
 'B=====D===d==Aa=Aa=A==b=a'
 'A==C==a=A=a==A==b====D====b===B==bA=d======a' 'A=A=a====E===e======Aa=a'
 'A=C=======a==C====c===C=====e===a'
 'A=A=a=A=a==A=====A==a===A==a=A===a====A=a=D==e========A==a==B===b==A==a====A===aa']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b=====a, 4, 7, 58, A===B==a==D==e==A=a=A==a=Aa=a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 8, 51, A=A=======D==e========A==a=a
A=D====a==B==b==Aa==A=====d==a, 53, 10, 68, A=B==a=B=a==C==aA==a==A===d=A=b=a
A===B===a===D==e===Aa==A==a==a, 62, 7, 58, A===B==a==D==e==A=a=A==a=Aa=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 9, 58, A===B==a==D==e==A=a=A==a=Aa=a
```

```
Accuracy: 0.004545454545454545

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 745

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1046

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 860

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1050

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 818

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1029

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 739

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1052

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 803

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1037
Final centroids: ['A===E===a=AaA==a==A====e====a'
  'A==B=a=B=a=A==a=A=a==B==a==B=====b==B===d==Ab==Aa=a'
  'A==C===a==B=b=A=a====C==aA==e=====a'
  'A=Ba=B==a==A===aA=a===A=a==A=aA==a===C==c==A=c===a'
  'CA=a=====B==a==A=a=B===d=======A==a=A==b=a'
  'A======B=====A==a====C==a===A==c==A==c==a'
  'A==B=a=B=a==B==a==A===a==A=aA=====a===B===c==A==c====a'
  'A==B==a=A==a===B==b===C==a=B===c==A=b===Aa=A==b===a'
  'A=B==a==B==a=B=aA=b====C===e==a' 'B=B=a==C===d====A==aA=a=b'
  'A=A==a===D==a=B=a=A==b=A=b===C===e===Aa=a'
  'A==B=a=B==a==B==a==A=====c==B==b=A==a==A=a==A===a====C====aA==a==B====b==A===b=A=c===Aa==a'
  'A=A=a===B==b========E=====c=======A==a==B===b==A===c===A==a=a'
  'A=B=a=A===a==A=a==B==a=====B====b===C==e==A=a====a'
```

```
'A===D=====a=A===a=====B===========a===A====b=A==d====a'
'A=====D====b==A==c=====E======e======A==a=a'
'A=Aa=====B====a=====A=b==========E====e=====A==a===a'
'A=Aa===C=a=B==c===D==c=B==b=======B==a===A=a=A===b=====B==aA===d====a'
'A==B=a===Ba=C==d======A====b==a'  'A====E==e====A===a=A==aa'
'A=Aa==A==a====B===b=======Ca=C===e=========Aa=A=a=a'
'AA=a==C==a===A==a====C=b===B==d==A==b==a'
'B=a===B=a=D==e=========E=====d=====aa'
'A=Aa=Ba=C==b======C====e===Aa=a'
'A==A=a=C======a=A=a=A==a=====C=======aA=b====A===d=====a'
'A=C====a=C==d==A=a==A===b=a'
'B=A==a===B=a=A==a===C===d====B===a==A====c===A=a=a'
'A=Aa=B=a=B=====a===A==b====C=a==B===aA==d=====a=A==aa'
'A=C===aA==a==B==b===C===c==B===b=A==b==A==b=a'
'A==A====a=A==a========DaB====b==A==c========D====d=======C==a==B===c==A===b====A===b===a'
'A=====C=====a===A===b====C=a==B==c=A=c=======A==a=a'
'A=A=a=A==a===A==a=A===a===Aa==B==b=====A===a===C===aA==a===C==d===A=aA==b===Aa=a'
'A===D==a=B=====c===A==c====a'  'A==A==a===D==d=======E===e=======a'
'A==E=======b=====A==b====C=====b==B=====d==Ab====a'
'A=Aa====D===b==C===b===A==a==B==aA==a=====c==A=a=A==b=A=a=a'
'A=A=a=A===a===E===c=A==b=A=b====a'
'A==B==a==B==a======B=a=B=====a====A==a===A===aA==d===A==b==a'
'A====D===b==A==a=====B===d======E===e====E===d==A====b====a'
'AAa====B==a===A==a===D===c==A==c==A=aAa=a'
'A=Aa==B=====a=B==c=====D==aB===d==Ab====A==a=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b=A====a=A=a===B=====a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 24, 140, A==B=a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 27, 140, A==B=a=B
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 27, 140, A==B=a=B
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A===a=A=a=A=a====C==a==A==a==C==d====A==a=A==b==A=a=a, 130, 24, 65, A=A=a=A==
A==A===a==A==a==B=a=B==b===B===b==A=a==A=a=A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 25, 140, A==B=a=
Accuracy: 0.004545454545454545

+++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 770

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 959

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 619

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1191

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 803

Iteration 6

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1045

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 748

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1029

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 650

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1119
Final centroids: ['A=Aa===B===a==A==a==B==b====A==a=A==a==A=a==A==a====D==a=A=b====B==a==A==b=A==d======a'
 'B==A==a==D===c===A==a=====a-b' 'A==C=a=C==c===A==b==A=b=a'
 'A=B==a===D======d====B===a==B==a==A=a=A====c===D======a=A====c==A==c==a'
 'A=A=a====C==a===A=a==A======a==C==a=A==a=A===d====A=a=A===b==A=a=a'
 'AAa===C==b=====A==a===D==b==A==c==A==b===a'
 'A=A===a===E===e=======A==a=a'
 'A===Aa===C==b=====D==e==========E====e=====A==a=a'
 'A=Aa===C===a====B===c-A=a===D=====b===A==c====AaA==b=====a'
 'A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a' 'A=B=a===D==d===A==a=A=b===a'
 'A=B==a====Aa===D===b===A=======d===a'
 'A=B=a=B==a==A=a=A==b===A==a=A==a===A=a=A=a===C===a=A==a===B==b=A=b=A==c==Aa=a'
 'AA==a==B====b=======A=a===E======b=A==d======C===aA==c=====A=a=a'
 'A=AaA=a===E==d====A=a====aa'
 'A=B===a==A==a=B==a===C==d===B==b==A=a===a=A=a==a'
 'A=A=a===B===a======B=aA==b====B==c==Aa==A==a=A==a========C===a==C==d===A==a===A==b=a'
 'A==B==aA=a=A======a=====D====e=======a' 'AA====a=====E==e=======E==e==a'
 'A=Aa=Aa=A=a=====C==b===D==d======A==a===B===c===A=a=a'
 'B=B=a==C==a==A=======d======A==a=A==b=a'
 'A==B==a=A=a==A=a==B==b====A==a=A=a==A=aA===a===C==a=A==b===C===c==A==b=A=b=A=a=a'
 'A=D===a==B==d=====A====b=a'
 'A==C==a===B====b====A==c=========E======d=====A==b=a'
 'A=A==a=====E=====c=A====b=A=b=a'
 'A===A=a==B===a===A==b=======E====e========A===a==a'
 'A=A=a===B==a=Aa==A==b=======E=====e===A===a=a'
 'A=B==a==C====b======A==a==B==a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
 'A=A==a=A=a=Aa=======D===b===A==b====B==a==A==b====B==a=C===e=========A==a=a'
 'AA=a=====E===e=====Aa=a'
 'A==C======a==A==a===B==a==B==aAa==A===c=A=c====a'
 'AAa===Ba=D==e======A=a=a' 'A=A=a=====E===d==A=b=a'
 'A=B=a=A==a=B===a===A===a=====B==b==C===e==A=aAa==a'
 'A=B==a===C======b=======C===e====A=a=a'
 'A=A==a==A=a==Aa=A==a==C=====b=A=a===B==a=B====c====B==a==C==d===A==a===A==b==a'
 'A===B==a===D==d======A===b===a' 'A==B==a==C===b==Aa=====C=====e=====a'
 'AA==a==A=====a=====A===a===E===c==A==b====Aa==B==a=A===c====A=a=a'
 'A=A=a==B==a=A=a==A==a=A==a==B====a===C==d==A=b====a'
 'A=C=====a==A==a==A==b===B==b=====A==a==A==a==B==a==A==b====D==b==A=b==A==c===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 82, B==A==a==D===c===A==a=====a=b
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 9, 156, A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a
A=A=a===C==a=A=====a==B=a=B===e=a, 100, 11, 156, A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 8, 156, A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a
A===D==aA=a==B=====a==A=====e==a, 120, 8, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
```

```
Accuracy: 0.0

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 670

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1027

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 783

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1013

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 720

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 967

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 708

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1054

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 766

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1101
Final centroids: ['A=A=a====D===c====A==a==A===a===D=====a=A===c====A=a==A==c===A==a=a'
  'A==E====d===B===c==A===a=a' 'A=A=======a====E===e==A=a=A=a===Aa=a'
  'A=A==a=A=aAa===E==e==A==a==A=a====a'
  'A=A==a=A=a===Aa==A==a===A==a=A=a===A=a=A=a===C==a=A==a====C===c==A==b=A==b====a'
  'A=C==a===B==a==A====c======D====c===B=====d====A=a=a'
  'A=B=a=A=a==Ba=C==b=A=bAa==A==c==A=a==a'
  'A==Ba==C===a==A===b====C==aA===aA==d====A===b=a'
  'A=A==a===C===c=======A==a=====C====c===A==a=========E===d===Ab==Aa==a'
  'A=B======C===d===A=a=A==b=a' 'A====E===d==A===b=A=a=A==aa'
  'A=A==a=====B===b========A=a=A=a==B=====a=Aa==A=====a===A===B==a==B===e=====A==a=a'
  'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
  'Ba======A==a==A=a=Aa===E====b===A===c=====D=====d=====B=a==B===b===A===b===A===b=a'
  'A=Aa=Aa=B==b===E==e======E===d====C==d=======a']
```

```
 'A===A==a==E=====d=====A===b==a'
 'A=Aa=====D==c===B=====b==A=a====D==aA==a==A==c====Aa==A==c===Aa=a'
 'A=A===a=====E===e===A=a==A==a===a'
 'A====E==c=======A==aA==b====D==d===C===c==A==b==Aa=a'
 'A=B=a=B==a==A=a==A==b==A=a=A==a=A=a===A==a==B==a=A===a==C===c==A===a=A==b===b'
 'A=A==a=A=a==C==a===C=d====B===a=A==c====Aa=a'
 'A======D==a===B==c==A==b====C==a====B===d=====B===c==Aa==a'
 'A==B==a=B==a=B===b==C===c======A==a=A==c=====A=a=a'
 'A=A=a===B==a====A==a=========C===a==B===d===A=b==Aa=a'
 'A===C=====a===C==d====C===b===A==b=A=b===Aa=a'
 'A=A=aAa==B===a=====B=a=B=a=A==a===B===b===A====b==A==c====A=a=a'
 'A===A=a==B==a=A=a==B==c========E=====e====A=aA=a=a'
 'A====E======b=====B=====a=A==a==A=====a===A====a========d====a'
 'A=Aa=A=a===E=e====A=a==A==a=a'  'A=A====D===d===A==b==A==a=a'
 'A=C==a===C=====d===A==b=a'
 'A==C==a=B==c===D=d=====D==c====B=====d=====Aaa'
 'A====D==b=A==a====C===d===C===c===C===d===A==a=Aa=a'
 'AA=a===A===a========C=a===C==c====A===b====A===a=A==b====A==a=a'
 'A====B==a===Ba===C==a=A======c=A=c======a'  'A==D===a==B==d==Aa=A==aA=ab'
 'A==B==a==A==a====B==b==D====c=====B==b==A==c====A=a==a'
 'A=A=a=A==a==A==a=A=a=Aa=Aa=B=====a===A===b===A==a======E==e========AaA===a===C===c====A===a===A===a===a'
 'BA==a==A=a==D======c==B=a=B==d=Ab=a'  'A====A=a==E===e===A===a==a'
 'A=A=a=A====a=B==a====C===a=A==b===B=a===B==d=====B==a=B==c===B==b==A===b==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 13, 137, A=Aa=Aa=B==b===E==e=====E===d====C==d========a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 126, A=C==a===B==a==A====c======D====c===B=====d===
A=B======a====A==a==B===b====D====e=====Aa==a, 93, 13, 69, A=A=a===B==a====A==a========C===a==B===d===A=b=
A==E=======b==A==a===B====b===A====d========a, 132, 13, 69, A=A=a===B==a====A==a========C===a==B===d===A=b
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 13, 174, A===C=====a===C==d===C===b===A==b=A=b===Aa=a
Accuracy: 0.004545454545454545
```

+++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 715

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1044

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 800

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1062

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 718

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1039

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 748

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1017

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 754

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1068
Final centroids: ['A=A==a==A==a=======D=a=B==c====A==b==B=======bAb==A==a=a'
  'A=AaA=a==C==c==A=a===E=====e=====a'
  'A=B==a===B=a==C===b======A=====d=a'
  'A===D===b===Aa==BaB===d====D==c===C====d==A==b=====a'
  'A==A=======a==A==a==C==c======B==b==A==a==A==a==A==a====B===a==A===b===E====c==A==c==A==a==A=a=a'
  'A=A=a=A====a==A=a=A==a====B====b===A==a==A==a=====C===b=======A=a===D==d====A==b===A===a=a'
  'A===E===a=A==d====A==b==a' 'A=A=a==C=====b========D======e=====a'
  'A==C===a==A==aAa=B==d======E==e====C===b==A====b====a'
  'A=====D====a====B==a=A==d===A==a=A==b=a'
  'A=A======B===b===A==a=A=a===Aa====D====d=============B===c=======a'
  'A==A=a====E====b==A==a==A==a=====A==a=Aa==A==b====A=======b=A=b==a'
  'A===B=a=D==a==Aa==A==d=======Aa=A==b==a'
  'A=B==a====B=a==C===c======B==d===a'
  'A=====A==aA=a==E===c===A=c=====A=a=a'
  'A==B=a=A===a==A=a=A==a==A==a=A==a=A==aA==a====C==a=A==a=B===c===A=b==A==b=====a'
  'A==A===a==A=a===B===a====A==a=A=a=======A=a===D=====b===B====d====A====b====a'
  'AAa==A==a=====E==d===A=a===D==e===A=a=a' 'A=B=a===D==d==A=====b==A=a=a'
  'A=B==a==C===b==Aa====A===a==C==c==A=a=A==a=A==a==Aa==B=a=A===c=====A==b=a'
  'A=B===a====D=====b=====A==b=A=bb' 'A======E=======d===Ab===a'
  'A==B=a==A==a=A==a==D===e===A==a====A===a=Aa=a'
  'A=======C==a==A==b=====Ba=C======e====A=a=Aa=a'
  'A=====E==e====A=a===A=aa'
  'A=A=a==B===a===C==c=======B=a=Ba=B==c==Ab==========a=a'
  'A====A==a=========A==a==C====b==A==aAa======AaA=a=B==c==========B==a==D==e====B==b===A=====a=a'
  'Ba=====C==a===A==a====C==a=A==e====A==a=a'
  'AA==a===A===a=Aa====A===a===E=====d==A==b=======B=a==A==b====A=a=a'
  'A=A===a=====E==e========A==a==a'
  'A=====E======b==A==d=========E======d===A==b==a'
  'B=A=aA=a===B==aAa======C==d=====A=b=a'
  'A=B==a=A=a====C=a=A===c=====A==a=A=a=A=a==A=a====D==a=A==a===A===a=====b==A==c==Aa=a'
  'A===B==a====B===a====A==a===C===c====C====e=====A=a=a'
  'A=A==aAa===E==e======A==aa'
  'A=Aa==B==aa==D===c==D===e=====C===b===B==c======a'
  'A==A==a=Aa=====E==d===Aa==A=a===a=a'
  'BA=a==A===a===D==c=B==d=====B==a===A==b===A=a=a'
  'A=A=a==E==d==A==b=A==a=a'
  'A=====C====a===A===c=====E=========e===A==aAa==a'
  'A=B==a==A=a==D===c====C===e====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d=======A=====b=a, 60, 10, 180, A=B==a===B=a==C===b======A=====d=a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 11, 38, Ba=====C==a===A==a====C==a=A==e====A==a=a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 9, 167, A=A=a==C=====b========D======e=====a
A=====D====a====B====d====A=====b==a, 107, 8, 164, A=====D====a====B==a=A==d====A==a==A==b=a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 8, 167, A=A=a==C=====b========D======e=====a
```

```
Accuracy: 0.00909090909090909

++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.005
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 44

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 919

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1159

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 888

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1123

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 756

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1152

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 886

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1291

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 921

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1207
Final centroids: ['A=B==a=B===a==C==c===C=====c===C===b==A====d==Aa=a'
 'A=BaB==a==C==e======A===a=a'
 'A==D===a=A=====a===A=a=A=a====B=====a=A==a====A==a=A==d==Ab==a'
 'B=a=====A=a==A=a==A==a=====C====a==C==d==A=b====a'
 'A=B==a==A=a===D====c=====B===d====a'
 'AA=a=====D===a=A=a==A==b=====B==a====B===d=====A===b==A=a=a'
 'A=Aa==A==a=A=a===B===a===D===a==A==c=====C====d=======C=a==B==d===B==b====A===b==a'
```

```
 'A===A====a==C==c==Aa====E===e========a' 'AA==a=====E====e====A=a=a'
 'A==A=a===E====e=====A===a=a'
 'A=B==a=A===b=====A==a===D=aB==d===A=a======A=a=A==b==Aa=A=a=a'
 'A=Aa=======E===b======B==b=====B==a=A=a=A===c===B======c==A=b==a'
 'A==Ba=B==a=B===aA=b=====C===d======a==a'
 'A=A==a==B==b=======D===a=A===a===A==a=B===a=A==d===A=b==a'
 'A=C=======a==A==a=A====a==B==b==A=a=A==a=A==a===C===a=A==a===A==c===A==b==Aa=A==b==a'
 'A==C=====a===A===a====B==a=A====a===B===e=========a'
 'A=A=a==A=a====E===d===a==A==a====a'
 'A=====Ba==C===a==A===d======E=====e====A==a==a'
 'A=A=a==A===C===a===B==a=A==b=====A==a=B==a=A===c===B===c==A=b==a'
 'A=====D===c=====A=a===B==c=======D===d=====E===c==A===c=====a'
 'A=A=a===C=aB==a=AaA==b==B==b=====B====a===B=a=A==b====A=====b=A=b=b'
 'A=A==a=====A=a=====D===b===A==b===B==a=C===e======B=a==C===d===A==a==A==a=a'
 'A=A=a====E===d======A==b=a' 'A==A==a=Aa===E===e====A==a=A===a=a'
 'A==B===a==C==c========D==aA=e======a' 'A=C===a==C===d==A=a====a=a'
 'A=A==a=====B===b========A=a=A=a==B====a=Aa==A=====a===A===B==a==B===e======A==a=a'
 'A=====D===b==A=a==A======c=====E===e=======D====c==A===b===Aa=a'
 'A=====C===a===A===a====B==c======D===d=====D===d=====A===b===a'
 'A=====E====a==AaA==b===B========c=====A===c=====a'
 'A=Aa===E==d==A==b==A=a=a' 'A=A==a====E==d===A=a==A=b=a'
 'A=======E==b==A==a=A==d=====A=a=A==a=a' 'A======D=aB==e======A=aa'
 'A=======D==b==A=a===A==a=====C=====b=A===c===A=a=A==b===Aa=a'
 'A==C=====a==A======a===C===c====A===a==A==c====A=a=a'
 'A=Aa===D=====b=A=a=A===a=A=a==C======b=A===b=A=a=A==c==A==a=a'
 'A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a'
 'AAa====B==a====A===a=====D==b=A==d=====A=a=a'
 'A=A=a==A=a===A=a=A=====a===B====a==Aa=A=a===A==a===C==a=A=b===C==d===A=a==A=b==Aa=a'
 'A==A==a======E==b=====B===e===a' 'AA=a===D===b====C===c=====A=a=A===c=a'
 'A=B=a==C==b=A=b==B==c=========DaB======e===A==aA=a=a'
 'A==B=aA=a=A=a=B==b===A===a=A=a=A=a=Aa======C==a=A=a===B===c==Ab=Ab==A=a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c=====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 22, 53, A=A==a=====B==
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c=========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 23, 53, A=A==a====B==
A=B=a===C======c======B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d===A==b=a, 60, 23, 53, A=A==a=====B===b
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b========C===a=A===d=====A==a==a, 46, 19, 53, A=A==a=====B===b
A===B=a==C=======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b==a, 52, 23, 53, A=A==a====B===b
Accuracy: 0.01818181818181818


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 927


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1134


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 850


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1115
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 851


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1018


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 753


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1032


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 803


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1057
Final centroids: ['A====Ba=B====b====B==a=BaB==b====A==b===C===b=A=c====A==b=a'
  'AA==a====C====c======B===a==D====c===A===b=======C=a=A====d===A==a=a'
  'A===D==a==B==c==A===a==C===b==B=======e====A=a=a'
  'A==C==A==a==B==c==A==a=A==c===a'
  'A=A=====A===b=======D=aB==c=====B===b===A==a=A==c===A==a==a'
  'A=A=a==C==a==A=a==C==d===Aa==A==aA==b=a'
  'A=A==a====C=a==BaB===b=A=aAa==A===d===Aa===a'
  'A=A=a===D===a======B===d=====A=a=A=b=a'  'A====E==d===A==a==A==b=a'
  'A=A=a==A==a==A=a==B===b====B==a=AaA=a==A==a=Aa==C===a=A==b===C===b==A=d=======A=a=a'
  'A===C===a==A=a====B==c======D==d=====D==e=====A==a=a'
  'A==B=a=C=====a==A==a===B=====a=A==b==A=c=A=b=a'
  'A==A=a===D===a=A==a=A=====a=====B==a=A==a=A===b==A======c=A=b=a'
  'A==E===a==A===d==A=a=A=b==Aa=a'
  'A==B==a=B===a==Aa=A=c=========E======d===A==b=a'
  'A=A=a===E===c==A=a=Aa==A==c=====a'
  'A=A==a==C=====b=======B==a==C===a====a=A====c===Aa==D==aA=====e===A=a==a'
  'A======E======b==A==d=========E=======d===A==b==a'
  'A===C=====a===C==d====C===b===A==b=A=b===Aa=a'
  'A==B==a==B==a======B=a=B=====a====A==a===A===aA==d===A==b==a'
  'A==E=====b==A==c===A=a=A===b==a'
  'A=======D===b===A===a===A==a==C===aA==a=A==c=======B==d=======a'
  'A=A=a==E=====b=Aa=Aa==B===b===A===a==A=a=A==b====B==b==A==c==a'
  'A=B=a==D======a==A=b===A==a==B=====a====A===b====A======cA=b=a'
  'A=======E===aA==b=A==a==B==e==========a'  'AA=a=====E==e==A=a===A=a=a'
  'A=A=a===E==c==A=b==A==b==a'  'A=A=aA=a===B===a====D=b==A==c===A=b==a'
  'A=B==a===D===d=======A==a===C==aA=aA=b=A===c=======C==a=A===c===A===a==a'
  'A=A=a=====E===e====A=a==A=aa'
  'A====C===b======B=====b====D==d===C===d======A==a=a'
  'A======D===a====B=====c====A====c==a'
  'A==B=a=C==a=A==a=B==d========D==aA===e====A===aa'
  'B=a====B==a=====Aa====D======d===A=b==a'
  'A===B=a=D==c===A=a==A=a==A=a=====B==a=A===b==A==c====B==a===C==d===A=aa'
  'A=A=a===C===c=======E=====c====Aa=A===b===B=====aA=c=====Aa==a'
  'A=B=a=B=a==B=a=B==b===A=a==A===d===A=a=a'
  'A===C=====b=======C==a=B==a==Aaa=A==b==B====b==A==c===A=a=a'
  'A==Aa===C===a=B===c===B=a=C===e=========A=a=a'
```

```
 'A=Aa===E=d====A=a===aA=aa' 'A=B=a==A=a==D===c=====B====d==a'
 'A=B==a====B=a==C===c======B==d===a'
 'A=B==aA====a===B==a=B===c===A==a=A=a=A=a==A=====a===C==a=A==b=====C==c=====A=a=A==b=A=ab'
 'A=B===a===A==a=A===a===D===c===B=====b==A==c===AaAa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 34, 119, A
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A=a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 31, 119, A=A
A====B==a=A==a=A==a==C======a==A===b=====Aa=C====d======B=====a==B===c==B==aA===b=A=b==a, 153, 34, 119, A=
A==B==aA==a=A==a====B===a=B=====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 29, 6, A=B==
A===B======a==A====a=A=a===B=====a====A==b=====B====b=======C===a=B==c===B===b==A====c==a, 152, 33, 88, AA==
Accuracy: 0.0136363636363636
```

++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 892

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1221

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 882

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1297

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 950

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1463

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 899

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1185

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 874

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1262
Final centroids: ['A==A==a=A==a=A==a===B==a====C===b===C===e=====A=a=a'
 'A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a=a'
 'A===B==a=C===b==A==c====A=a==E===c===B====d======Aa=a'
```

```
 'AA=a====E===e=======Aa=a'
 'A==D===a=A==a==A==b====C====b===B====e====A=a=a'
 'A=A==a===B=a=C=====c=====D==d=Ab=a' 'A======E===e====A=a==A==a=a'
 'A=====C==a=Aa=B=a=B===c====A=a=A===c===a'
 'AA=a===B==a==B===b=========D=====e====A=a=====a'
 'A=A=a===B=a==C==b==C==e====B==a===A===b======a'
 'A=A==a=A===a====B==a===D==d=====A===a==A===b====A=a=a'
 'A=A=a===C===a==A=a===A==a=Aa====C=====a=A==d====A=a==A==b==A=a=a'
 'A===B==aA=a====B==a==B===aA=a=A==b===A==a=C===d======B===a==C==d===C==c===A====b==a'
 'B======C==a=A=a==B===d==A=a=A=a=A==b=a'
 'A=A==a==A===a=======E==aA==c====B==a=A==a=A===d====A==a=a'
 'B=A=a===A==a==D===c=====B==d===a' 'A=Aa=A=a===E===d==A=a==A==b=a'
 'A==D===a====B===c======A==c=a'
 'A=B=a==B===a==A==c======D===c=====D==c==A=c====A=aa'
 'A=Aa===E====e===A=a===D===aA==c==A=a===D==e====C===a==A==c==A=aA==a=a'
 'A=AaA=a====E===e=======A==a=a' 'B=B=a==C==a==A======d======A==a=A==b=a'
 'B=B=a=====C=====c=====B=====d==a'
 'A=A==a====C==b=A=b====B=====a==C===a==A==a=A=aA==b===Aa==C==a=A======e====A=a=a'
 'A=====C==b===A==a==Aa=A==b=====D==d====E===d===A===b==A=aa'
 'A===B=====a===B=a=B===c==A===a=Aa===A=a=A===a====D======b==B===a=A==c=Ac========a'
 'A=B==a==C==a=A==a==B==c=====A====c==a'
 'A=A=a==D==a=B======b=A=b===B==d===Aa=a'
 'A=B=a=A=a==Ba=C==b=A=bAa==A==c==A=a==a'
 'A=A=a==B=a==D===b==B==d====C==a=A===d=======a'
 'A=Aa======E===e=========a' 'B=B=a=A=a==C===b=====A=====d=a'
 'A==A=a===C===a===C==e========E=====e====A===a=a'
 'AA==a=====Aa===Aa===B===a==A==a====Ba=C==d=====A=a==B==c=A==a====A==a=a'
 'A=Aa===E===c==A==b==A=b=a' 'A===B====a=====D===c==Aa=A==c====a'
 'AAa==C==a=====A===a===C====a=A===c==A==c====a'
 'A=B=a==B===b======A==a===B======a==A===a====C=======d==A=b=a'
 'A=A=a==B=======a==C==d=======E=====e====A==a=a'
 'A=A=a=B==a====B==a=A==a=Aa=A=====a==C===e=======Aa=a'
 'A===C===a==A==a=A=a=A==c====E====d===D====d===A=b==Aa=a'
 'A==C====a===A==a====A==a======C===b===B===e======A==a=a'
 'AAa====E==d===A===b==A=aa' 'A==B=a=C==a===B=a=A===b===Aa==A=====c=b']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 8, 43, A=Aa======E===e=========a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 5, 164, AA=a====E===e=======Aa=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 6, 128, A=Aa===E===c==A==b==A=b=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 6, 43, A=Aa======E===e=========a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 8, 164, AA=a====E===e=======Aa=a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 4


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1131


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1195


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 860
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1167

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 909

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1191

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 999

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1261

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 936

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1098
Final centroids: ['A=B==a==B===b======C==a==B==b=====A==b===B===b==A==b==A==b=a'
 'A==B=a==B==a==A==a===C===c===A====a==A===c==A=a=a'
 'A=B=a==D==d===A====a=A=a=b'
 'A====D==b===A==a=====A===c=====E==e=====D===d====A===a=A=a=a'
 'A==B=a=B=a=A==a=A=a==B==a==B=====b==B===d==Ab==Aa=a'
 'A=B==a===C====a=====B===d======A==a==A==b=a'
 'A=A==a==A==a==B=a=B==a==C===c=====B==d==A=a=====a'
 'A=A=====D=====aA=a==A===c========A=a=A===c==a'
 'A===B====a===B==a==A===b===B=b==A==b=======C==b===D==b==A====c===B==aA=a=A==b==A=b===a'
 'A==C====a===C==d=======A==b=a'
 'A======C==a==C=====a=A==b==A===d==A=a==a'
 'A=B==a===D===d======C====d======a' 'A====A==a===E===e==A==a==A===a=a'
 'A==C==a==Aa===C=====c=====A===c==a' 'A===C=a=B=====b=====C===e========a'
 'A=A=a=====E====bA=d==Aa=a'
 'A=A=a====C===c======A==a===C=aC==d===A==b========D======d=======Ab'
 'A=A=a====E=====b=A===a==B==b=====B===a=A==a=A==b====B===a====d==a'
 'BA=a==D===d==A==b=A==a=a' 'A====E=======e========a'
 'A====C===a========B==c====C===b===C===e====A===a==a'
 'B=D======b====A=c=======D====c==C===e======Aa=a'
 'A==Aa====D===b==A=aA======a===C===========d===A=a==A===b==Ab'
 'A=Aa===C==a===C=====d=======B==c=======a'
 'A==Aa======D==b==A==b===D==c====B===a===B==a=A===c=====B======d=====a'
 'AA=a===B==b=====A==a===E======e==A=a===a' 'AA=a=====E==e=======a'
 'AA==a=======E==e=====Aa=a'
 'A==C==a==A=a==B==c=====D==c===B=====d===A=a=a'
 'A=B==aA==a==C===a===B=a==A======a==A====c=A=c====a'
 'A======E===c===B===b=Aa=A==a===C==a==A==a=A==d====A==a==D==e===Aa=a'
 'A=Aa===D===a===A====c========D=====b=A==c===A==aA==b===A=a=a'
 'AA=a=====D==c=A===a====D===b==A==d===A==a==a'
 'A====E=====b=======A=aA=a===B====a===A===a=A====e=====a'
 'A======C=a==C===c==A===b====B==a======C===d====B=====c====a'
 'A========D===b===A==c==========E====e====A====a==a'
```

```
 'A=A==a====E==e======A=aA==aa'
 'A=A=a==B==a==A====a=A=a=Aa===D===a=A==aA=c===A==a=A==b=Ab=a'
 'A=======E===b=A==b===A=a==A==a===C==aA=a=A===c==A==a==A===c==A=a=a'
 'A=A==a===E==d=====A=a=A==b=a'
 'A==A==a====A=a====Aa===E===b==A=c=======C====d=====B=a=C==d===A==a===A====a=a'
 'A==Ba=D===b=A=a==B===d=====A=a=A==b=a'  'A=======E====e======a'
 'A=A==a=Aa=A=a======A==a=====C==b====B===b======A=a==B===b=======A==a===D====e===A===a=====A===a==a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b==A==b=a, 131, 13, 124, A=B==a===C====a=====B===d======A==a=A==b=a
A===B=a=A===a===C==a=B==d===B===a=A==c===Aa=a, 18, 13, 129, A==B=a=B==a==A==a===C===c===A===a=A===c==A=a=
A=A=a==A==a===C=b===D=d===B==a===A==c===Aa=a, 20, 14, 127, B=D=====b====A=c======D====c==C===e======Aa=a
A=A==a==A==a==C==a=C===c===B===b=A=b==A=b=a, 35, 11, 129, A==B=a==B==a==A==a===C===c===A===a==A===c==A=a=a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 13, 129, A==B=a==B==a==A==a===C===c===A===a==A===c==A=a=a
Accuracy: 0.0

+++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 660

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1183

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 787

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 935

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 678

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1003

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 650

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 965

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 696

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1124
```

```
Final centroids: ['A=A=a==C=====a==A====c====E==aA===d===A==b=a'
 'AA==a=======E===e===A=a=a'
 'A==A=a==D====b=A==a==A==a=A=a=C===========d===B=aA====c===Aa=a'
 'AA==a==B==a=====A==a====C==a=B===e========a'
 'A==Aa====D====c======D=====e=====a'
 'A=Aa=B=====a====C==a=B=====a==A==b==A==b==A==b==A==b=a'
 'A==A=a===D==aA=a=A=a====B===a===A===a==A=aA==a=A=a====AaA===b=A===d=a'
 'A==C===a=A==b==B==c========E===c===B==b=A=c====A==aa'
 'A====E==c=======A==aA==b====D==d===C===c==A==b==Aa=a'
 'A=A=a=A=a====C===aA==a====B====a=B==d=A====b=a'
 'A=B==a==B=====b====D==c=A=c====a'
 'A=C===a=A===a=A==b=====D===c====B===d======A=a==a'
 'A====C==b====Aa===C===d====E=d=====C==c===A==b====a'
 'A======C===a==A====b===D========e=======A==a=a'
 'A=A==a=A====A==a====B==a=B===a==B===e========a'
 'A=Aa====E==d=====C===c==A===a===D===b===A==c=====A=a==A==b==A=a=a'
 'BA==a===B==a=C===c====B=====d=a'
 'A=A=a===C===aA=====a==B===a=====B==a=A====c====A==a==A==c==a'
 'A=====D===b==A=a==A=aA==b===D===d====D===d===A==a=A=b=a'
 'A======C===a====C===c===B==a====B=====a====A===b====A=====d=====a'
 'A==AaA=a==A==a==A=a===C====b=A=a====B=a=A====c=======B=a==D==e====A==a===A==a=a'
 'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A===b===A=a==B==c==A=a=a'
 'A=B==a==A=a====D===c====C====e==a'
 'A=A=a==C==aA==a=A==a===A==a====C===a=A==a=A====b===A=a=A===c==A=b===a'
 'A====D===b==A=a===A==c====E===e====D===d===A==a=A=a=a'
 'A====B===a==A===a=======C==a=B===c====A===a===A===a=A===b==A====b==a'
 'A=Aa=B===a==B=a=A===b===A==aAa==A=a=A==a===C=======a===B====b==A===d===Aa=a'
 'A=A=a===C=======a==A===a===B===a====B===a====A=a=A=c======B==b=A=b=A==b=a'
 'A====D==a==A==a===B==c===A=a===A===c=a'  'A=A=a=====E===e====A=a=a'
 'AAa===B=a=Aa=Ba=C===b=A=b===A==c==A=a=A=b'  'A====E==d==A===b===A==aa'
 'A=A==a==A==a========C=a==B==b=====B==b===C===b=A=d====A=a==a'
 'B=B=aA===a==C===d==A==a=A==b=a'
 'AA==a===B=a====A==a===D===b==A===c===A==b=a'
 'B=C==a==Aa=B===d==Aa==A==b===a'  'A=A=a====E==d==A=a===A=ab'
 'A==B=a==C==a===B====b===A===d===a'
 'B=B=aA==a=A==a=A=a=A==a==B==a=A=b===C===d==A=b==Aa=a'
 'A==Aa===D=======a=A===b==C==b=====B==a=AaA==a=A===b====B==aA===e====a'
 'A=A=a==C===a===Ba=B===d====A======b=a'
 'A==B=a=A===b=====E===a=A=a====A==b==A==a=A==c==A=b===a'
 'A======C===a==B==a=B===a==A====d==A=b===a'
 'A=A==a==B====a==B===c=======Ca=C==e====A===a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 6, 51, A=A=a=====E===e====A=a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 10, 30, A====E==d==A===b===A==aa
A=A=a=====E===e=======A==a=a, 145, 3, 51, A=A=a=====E===e====A=a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 6, 51, A=A=a=====E===e====A=a=a
A===A=a===E==e==A=a=A==aa, 160, 7, 30, A====E==d==A===b===A==aa
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 818


Iteration 2
```

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1090

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 819

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1025

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 772

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 945

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 787

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1104

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 909

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1025
Final centroids: ['A=A=a===B==b=========E=====c=======A==a==B===b==A===c===A==a=a'
 'A=======E==c==A===b===A==b=a'
 'A======D==c===A=a==A=a==B==c=======E==e======E==d=====A==b=Aa=a'
 'A=A==a==B===b========C==a==C===d====B===b===A====a==A=b==A==a=A=a=a'
 'A===A=a==E===bA=c==A==b=A=aa' 'A==Aa=B=a==B=b==A=a====D==aA==e=====a'
 'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
 'A=A=a===B=a=B==a===A=a===B===b====B=====a==A=a=A==a===B===c==A==c==a'
 'A=A==a===C====b=====B==a===C====b===A===c======C===aA====d====A=a=a'
 'A==A==a==Aa==A=a=Aa===B=====a==A==b=====Aa===E==e=======A==a===C==c===A===a===A===a==a'
 'A==B===a==A==b========C===a==C=a=A=b==A==b====B=a=A==c=====A==b==a'
 'A=B==a==C=====a==B==d======D======d====A==b=a'
 'A==D====a=A===b===B==c=======D===c====C===b=A==d===A=a=a'
 'A=B==a==A==b=========E=====a==A==a==A======d=====A=b==a'
 'A====E====c====Aa=A==b====A===aA==b=a'
 'A===A=a===C==b=====B==c==========E======e====A===a=a'
 'A=A==a===E==e====A==a====a' 'A==B==a==B=a=C===a====A====e===a'
 'AA=a======E===e====A=a=a'
 'A=A==a==A==a======D==aB==b====A===a==A==a=A==c===A===b==a'
 'A=A=aA==a===A==a=A==a====A=a=B=====a====D==e==========a'
 'A=B====a===D===e=====A===a=a'
 'A==B==a=B===c====C==c========E===d===C======d===A=a=a'
 'A===Aa====E=e=====A=a=A=a=a' 'A=A=a=A===a====E==e==A==a=A=a==Aa=a'
 'A=A=a===B==a======B=aA===b====B=c==Aa==A==a=A==a========C===a==C==d===A==a===A==b=a'
 'A=A=a=====E====e====A=a=a'
 'BA=a==A===a===D==c==B==d=====B==a===A==b===A=a=a'
 'A=A===a==Aa==A=a=A=====a===B=a==A=a==A==a=A=a====C=======a===B====d===A=b=====Aa=Aa=a'
```

```
 'A==D====a=B===d==A===b=====a'
 'A==B=====aAa===A==a==A===b====B==b===A=a==A=a====A===a=====D===aA==a===B====c==A===b=A=b====Aa==a'
 'A=B=a==C=====b=A==a==C====b===A====b====B==a==A==d===A==a=a'
 'A==A=a=====E====d====A====b==a'
 'A=A==a===C======a==A=a====B===b====B===a======B==c======B=====c==A=b==a'
 'A======E=====c===B==c=C==c=====B===a====A=a=A==b======C====c=A=b=a'
 'A=Aa===C==a==B===c=====C=a==B==c==A=b=====a=A==aa'
 'BAa===A===a===A===a===D==b==A==d=====A=a=a'
 'A=====C====a===A===c=====E==========e===A==aAa==a'
 'A===B=a=A===aA===a====A=a====D====b===B====d======a===a'
 'A=B==a==B==c======C===a===C==b=A=a==B==b===A==a==A==b=Ab===A=ab'
 'A=B==a==B=====a=a===A==a===D=aA==c==A=b===A==B=aA===c=====A==b=a'
 'A=A===a===E==e===A=a===A=a=a'
 'A==A=a==B===a===A==b======C=a=C===d==Ab===A====a==a'
 'A=A=a===C===b====D=e=======C==a=B===d===A===a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 8, 164, A==D====a=B===d==A===b=====a
A=B=a=A=a===D==d=====A===b===a, 12, 8, 56, A=B====a===D===e=====A===a=a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 7, 164, A==D====a=B===d==A===b=====a
A===B====a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 7, 22, A=A===a===E==e===A=a===A=a=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 8, 56, A=B====a===D===e=====A===a=a
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 895

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1221

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 813

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1199

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 959

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1156

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 818

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1235
```

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 925


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1267
Final centroids: ['A====C==b==A==a=====C==d=======E==e=====E==e=====A==a===a'
 'A=====E==e====A=a===A=aa' 'A=A=a=A=a===E===d==Aa===C=b==A==c====a'
 'A==A=a====E===e=======A==a=a'
 'A=Aa==A==a====B===b=======Ca=C===e=========Aa=A=a=a'
 'A=A=a======B=a=Ba==C==b==Ab===B===d===A=a==a'
 'A=====E===c====A===c=====C==a=B==c=A=b==A==aA=a=a'
 'A====C==b==A=a====C===d=====C===c====E==e==A==a=====a'
 'A==A==a===E===d=A=a==A====b=a'
 'A=Aa==B==a==C=a=B=c===A==a===B==d======A=aa'
 'AA=a===B=a=B==b======D===c=A=c====a'
 'AA========C==b=A=a====B==d=========E==aA==e====A====a=a'
 'A=B=aA=a==D==d=======A==b=a' 'A=Aa===E==e===A==a===A==aa'
 'A==A==a=A==a===E==a=A==c==A=c=====a'
 'A=====E===d=A=a===A=====a====A=====a===B===b=====Ca=B==e====a'
 'A=======E====e=======a' 'A==C==a==C===c=====C===e=======a'
 'A======D===a==A==b=====C==========e====Aa=A=a=a'
 'A=B=a=A==a==B=a=A===b==B==a=A=a=====A==a==B======b====C==c===A=b==A=b=Aa=a'
 'A=A==a===B=a=D===c======B===d==a' 'A====A==a=====E==d===B==c========a'
 'A==D==aA===a=A===d==========E===b===B=====e======Aa=a'
 'A=Aa=B==a=Ba==C==c===Aa==A==c===A==a=a'
 'A==C==a=B===b=Ab=====D=====e====a'
 'AA==a===A===a=Aa====A====a===E=====d==A==b========B=a==A==b=====A=a=a'
 'A=Aa==E==d==A===b==A==a=a' 'A=A=a==B===a===B==a===C=======d===A=b==a'
 'A=B==a===D===c=======B==a===B=====c===A==a=A==b======B====a=A=b=Ab===A===a=a'
 'AA=a=A=a=A=a======D====a=A==b=====Aa=C===c======B=a==B==c===A==b===A===b=a'
 'A=====B====a=A===b=====Ba===D=d==A=b=Aa==A=a=a'
 'A==B======a===C=======b===A==b==A=a=====A=====a===D======a==A=====a=A=======e===Aa=a'
 'A===A==a==Aa===B==a===C=====a=A===c=======D====d=====Aa===C====b==A===b===A===b=a'
 'A=B=aA===a====B=a=B==c===B==a=A==a=A=a==A==b=====C==a=A==b===C=b===A==b===A=c==Aa=a'
 'A=B=====aA=a==D==d===B==b======A==a=A==b==A=a===a'
 'A======D======b===A===c=======E======e===A==a===a'
 'A======E=====aA=b===A===a===A===a==AaA===a==Aa==A=====c=A=b=a'
 'A=C=======a=A===b=======D==a=A==e==========a'
 'A==B====a===B=====aA=a====B===b===C==d===Ab====a'
 'A====B==A==b===D==e=======D===c===B==b==Ab=====a'
 'A=A=a====E===d==A==b==A=a=a'
 'A==B=a==B==a==A=====a===Aa===C==aA=b=A=c===A=a==A==b=A=a=a'
 'A=B=a=B==a==A=a=A==b==A==a=A==a===A=a=A=a===C===a=A==a===B==b==A=b=A==c==Aa=a'
 'A=A==a=A==a===E===d==A=b=A=a=A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a===B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 23, 61, A=B=a=B=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a===D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 142, A==B=====
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a===D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 142, A==B=====
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=====C==a==A==a=C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 24, 100, A=B=aA==
A==A===a==A==a==B==a=B=b===B===b==A=a==A=a==A==a=C=======b==C====c=A=b==A=b===Aa==a, 159, 23, 171, A=B=a=A=
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8


Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 747

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1018

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 806

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1139

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 873

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1172

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 902

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1237

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 905

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1173
Final centroids: ['B==A==a==D===c===A==a=====a=b' 'A=A===a=A=a====E==c==A=a===A==c===A=a=a'
 'AA=a=====B==a===A==a===D====a==A==d===A==b==a'
 'A===A=a===E==e=====A=a=A=a=a'
 'A======D===c===A=a==A====b========E===d===C====d===A=a==A=a===a'
 'A=====E==c=======A=aA=c=====C==c====C==c===A=a=A=a=a'
 'A=A=a==B===a==A===b====CaC====e=======A==a=a'
 'A=======E===aA=b=Aa===B====a===A===a=====A=====b=====A===d======a'
 'AAa===B==a==A==a===D==a==A==e===A==a=a'
 'A=A=a==C==a==B=a==B=====a==A=====cA=c===a'
 'A=Aa==B==a===D==aA===c==Aa===A==c===A=a==a'
 'A==A==a===C===b======B==a==B====b===C====c===B===a=A==d======A=a==a'
 'A====C===aA=a=A==b=====D========e======A===a==a'
 'A=A====D===d===A==b==A==a=a'
 'A===C=====b=====D==a=A===b====A==a==A===b=A=b==A=b==a'
 'A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a'
 'A=====D===aA=a====A=aA==c======D====c===C=====c==A====c====a'
 'A===A=a===E==e=======A==a=a'
 'A=B==a===D=====d=======C==a=B==a=A=aA=====d=======D===aA====c==A==c==a'
 'A=B==a==A==a===A===b======E===c====B====d====A=aa'
 'A=D===a==A==b==B===c========D===c=====B=====d====Aa=a'
```

```
 'A==B===a=B==a===C====c===A====c===a' 'A=A===a=====E==e========A==a==a'
 'A=Aa==E===c===A=b=A==b=a' 'A=Aa==A=a===E=e=====A=a==A==a=a'
 'A=B==a==C====c=====B=a=B==a=A=aA=====c====D=======e====Aa=a'
 'B=A=a==A=a=A==aA=a-A===a=A==aA=a==D===d==Ab====a'
 'A====D==c==A==a====D==e=====D==c=====C==d===A=a=A=a=a'
 'AA==a===E==d===A=a==A==b==a'
 'A=D=a==A===b==A==c======E==b==A===d=======Aa=a'
 'A======D===a===A==a==B=====a==A==b==A==d====a'
 'A=C===b=======A==a===D===c===C==d==A==b===a' 'A========E===e====Aa==a'
 'B=C===a=A==b==B==b=====B=====b==C==c==A=c==A=aa' 'AA==a=====E===e==A=a=a'
 'B=B==a=B==a==A==a===B=====c===A===a===A===c====A=a=a'
 'A=====C===a==A=a===B==c====D===d====B===b==A=b=A==a=a'
 'A=A=====D==e===A====a=A=a=a'
 'A=======C===a==A=====c==========E=====e====Aa=Aa=a'
 'A=Aa=Aa==B==a=======D===d====B=====a=B===c===B===a=A=====bAa==A==b=a'
 'A====C===a====A=a==A==a=B===aA=a===A==b=====B=a==A====b====B=====a==B===c===B==b===A====c==a'
 'A=A===a==A===a==A=====C=====b====A==b========D=====d======B===a==C===d===A==b===A=====a=a'
 'A======C===c===Aa===C==a==C===d======B==b====A===a==A==a===a==a'
 'A===B===a==A=a==B==c====E===e====E==e=====A====a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 82, B==A==a==D===c===A==a=====a=b
A=A=a==E==b==B==b====A=====d===a, 88, 9, 133, A=A===a=====E==e========A==a==a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 9, 164, A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 9, 164, A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 10, 164, A==B===a=B==a==C====c===A====c===a
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 9


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 757


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1134


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 702


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1279


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 811


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1153


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 818
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1199


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 800


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1092
Final centroids: ['A====A==aA=a===E===d===A==a=A===b===a' 'BA==a=A=a=Aa==D==e===A==a===a'
 'AA==a==B====a===A==a====D====aA===c=A=c====a'
 'A=A=a==A=a==A==a=A==a==B===b====A===a===D=====a===B===d=====A==b=====a'
 'A=====E====a==A==b===B==aA====a=A==c==A=====c==a'
 'AA=a======C==a==C==e===A=a====B=====b=A==a====A==aA==a===a'
 'A=A==a=Aa=A=a===E==e=A==a=A==a==Aa=a'
 'A==A==aA==a===B===a==A==b====A===a=Aa=====A==a======D===aA==b====C===c=A==b=A===b=====a'
 'A==A===a==A=a===B===a====A==a=A=a=======A=a===D======b===B====d====A====b====a'
 'A=====C=====a=A=a==A==a====C======aA==c=Aa=A===b===a=a'
 'A=====D====b==A==c======E======e=======A==a=a'
 'A=A=a====E===d======C======d===A=aa' 'A========E===e=====A==a=a'
 'A=A=a===C===b======B==a===C====c=Aa=A==b=====C==aA===d====A=aa'
 'A======D=====a==A==b====C==========d===A==b===a'
 'A=Aa=Ba=B===a==B=a==B==d=====A===a=A==b=a'
 'A====B==a==A==a====C==d=====D==d====E===e===A=a=A=a==a'
 'A=B===a=A===a==A==a==B==b======A==b===A==a=A==a==A====a=====C==a=A==a=====C====c==A==b=A=b==A==a=a'
 'A=A=a=A===a====E==d=A=====b====a'
 'AB==a==C====c======C=a=B==aA=aA==aA==c====C===a=A====d=Ab=Aa=a'
 'A=A==a==C==a====A==a===C===b==A=c==A==b==a'
 'A=A=a======E===e=========a'
 'A======E==d==C=====c=========D===a=A====d====A=a==A=b====a'
 'A=Aa=A==a==A=a==Aa==A==a===C=====a===A==b=====A=a==C==c==Aa===B=====a==C==c====B==b===A====c==a'
 'A==A===a==A==a=======D====b===A==b=====B=a=B=====c=====B==a==C==d===A==a=A===b==a'
 'A====A==a=========A==a===C====b==A==aAa======AaA=a=B==c=======B==a==D==e===B==b===A=====a=a'
 'A==B===a===C==b=A=a====C=====e=====a'
 'A======D===a====B====d====Aa===A===b=a'
 'A===C=====a===B===c===D===d======C==a==A===c==A=b==a'
 'A===D==a=B===d===A====b===a' 'A==D===a==B==d=====A====b=a'
 'B===D=====b====Aa==B==d===Aa====A==b=a'
 'A=======E===b==A==a=Aa==Aa==B==a=A=a=A==b===Aa=A===d=====a'
 'AA=a====E==e==A==a=A==aa' 'A=A=a===B=a==D====d===Aa==B==c===A==a=a'
 'A=A=a==C==a===Aa=C===d====A==a=A==b=a'
 'A=A==a===B==a===A===a===A==a===D======b=Ab=======A==b=A=b=a'
 'A===B=====a====D====c==A=a=A==c====a' 'A==E===b===A==b=====A===c===a'
 'A===A===a==A==a===E==b=A==d=A====a=a'
 'A=Aa==B=a=A=a==D====b==A=a===A==d===A=a=a'
 'A===C======a==Aa===C===c====A===a=A==c=a'
 'A=AaA=====D==e====A==a=A==a=a'
 'A===Ba==D====b==A===c===D=========e=====A===a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c=======E===b===B===d======a=a, 7, 11, 1, A=====D====b==A==c======E======e======A==a=a
A=D===a=A==b=A==c=====E===c===A==b=Ab===Aa=a, 16, 10, 1, A=====D====b==A==c======E======e=====A==a=a
A=B======a====A==a==B===b====D====e=====Aa=a, 93, 12, 142, A===Ba==D====b==A==c===D=========e=====A===a=
A==E=======b==A==a===B====b===A====d======a, 132, 11, 1, A=====D====b==A==c======E======e======A==a=a
A===D==aA==b===B==b=====C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 1, A=====D====b==A==c======E======e======A==a=a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1059

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1230

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 941

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1221

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1064

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1294

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 876

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1302

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1044

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1182
Final centroids: ['A=======E====d==Aa===D===a=A===b===A==a===A===a==A==c==Aa=A=b==a'
 'AA=a======E===e====A=a=a' 'A=A======D==e=====A=a=A=a=a'
 'A=B===a===D==b=Aa====B==e=======E==b=A===c===A====b=a'
 'A===A===a=A==a==A===a=====C===a===C===e========a'
 'A=A=a===C===a==A==a==C===aA==c=A=c====a'
 'A====B=a=B==a==A=aA=a==C===d====C===c===B==c====A==a=a'
 'A====A=a===E====d==A=a==A===b=a'
 'A===B==a=A==a===D==d===D===d====B==a==A===c==A=a=a'
 'A===C===a====C=====a==A====e===a'
 'A=B=a====D===b=A==aA=a===A==a===B==a=A=a==A===b==A=a==A===d====a'
 'A=B==a==B===a===A===a===C==c====A=a===A===c===A=a=a'
 'A=A=a===C==a===A=aA=a===A=a===B=a=B==b=A==b==A=a=A==b==A=b=a'
 'AAa======E===e====Aa=a' 'A=A=aA==a======E===d======B==c====a'
 'A===E=======b==A===b=====B=======a===B======e========a'
 'A=A=a===C==b===C===c==A==a===D===a==A===d==A=a==A===b=A=a=a'
 'A=BaC==aA==a==Aa=B===d======A====b==a'
```

```
 'A=A===a=====E===e===A=a==A==a===a'
 'A=B==a====D===e=======B==a==C====b==Aa==A====c=======D==a=A===d====A=a=a'
 'A=B=aA==b==A==a=B==aA=a====D====c===C==d==Ab==A=aa'
 'A=B==a===B==b=======C==a=A==a=====B==b===A===b=A===b=A==b=a'
 'A====Ba==B===a=Aa==A==c=========E=====e======A==a=a'
 'A=======D======b===A===c======E=======c===A==c===a'
 'A=Aa====C=====a==A===b====B=a==C===c==A==b===A=====b=a'
 'A=B=a=B====b==B===b======D==c====C==e=======a'
 'A=A====a====B==a=A===a====A==a=A=a==Aa=A=a=====D=b==A==b==B==c==AA==c=======a'
 'A=======E===c===A==a=A=======a====C==a=A==b===A==c===A==a==A==b====a'
 'A=======C===a===A==b=====A=a==D===e===========A==a=a'
 'A=A==a=A==a==B=a=A==a===B====b===A=aAa=====C====a===B==b=A=b=A=c===A=a=a'
 'A==B==a==A=a==C==a==B==d===A==a==A===b===A==aa'
 'BB==a===Ba=B==aA====a=A==a===A===d==Ab=a'
 'A=B==a===C===a==B==e========D======d===A==a=a'
 'A==B=a===C==b==C===d==========D===c====C==b=A=d=====Aa=a'
 'A=Aa=C===a=B==b==B==d=====E====d====C===b=A=c====Aa==a'
 'A=B==a==A==a==D===c=====A==b=A=b=a' 'A=Ba==D=aA===d==A==b===a'
 'A=B==a=A===a==A=a==B======c===B===a==B==a==Aa==AaA=a===C===c===A==a===B====b===A==aA===c==Aa===a'
 'A=A=a==C==a=A===b==D===c=A===b==A==b==A=a=a'
 'AA==a===B==a====B=a==C===a==A==c=A==c==a'
 'A=Aa==B==a======A=a===D==b==A=d=====A=a=a'
 'A=Aa====C===a=A=a=A=a=A=a====C==aA==b=A==c=====A=a==A==b====A=aa'
 'A=B==a==B==b=======C==a=B==b===A====b==A====a=A===b==A=b==a'
 'A=====B=a==B===a==A==a=Aa===A===a===C==a=A=a==A==c=====Aa=A==c==A=a===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d=======A=====b=a, 60, 9, 122, A=A=aA==a=====E===d======B==c====a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 10, 158, A====A=a===E====d==A=a==A===b=a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 11, 122, A=A=aA==a=====E===d======B==c====a
A=====D====a=====B====d===A=====b=a, 107, 10, 120, A===C===a====C=====a===A====e===a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 10, 149, A=A=a==C===a==A==a==C===aA==c=A=c====a
Accuracy: 0.0136363636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.007272727272727273
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 47

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 789

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1170

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 913

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1045
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 862


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1087


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 826


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1068


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 780


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1098
Final centroids: ['A=====B===a==B==c=========E===e=======AaA==a=a'
  'A=Aa====E==d=====C===c==A===a====D====b===A==c=====A=a==A==b==A=a=a'
  'A=B==a====D==c==Ab===A=a=Aa====C==a=A==a=A==aA=b========C==a=A====c===A===c==a'
  'A==B=a==C==a===B====b===A===d===a'
  'A==C==a==C===b===A===a====A=a====B==a=A=a==A===c====A==a==A==c==Aa=a'
  'A=B===a==A==a=B=a===C==d====B==b=A=a===a=A=a==a'
  'A=A====a==A=a====B=a===C==b===A==c========E===e=======A===a==C==c===A====a==A====a==a'
  'A=A=a==Aa===E=====d=======A==ab'
  'A==B=C==a=A==b===A==c===Aa=C====b====A===aA=c====A=a=a'
  'A=A=a==A=a===A=a=A=====a===B====a==Aa=A=a===A==a===C==a=A=b===C==d===A=a==A=b==Aa=a'
  'A=A==a==A=a=A==a==A====a==B====a==A==b===A=a====E=====e========A==a==C====c===A==a====Aa=A=a=a'
  'A=A=a==A==a=A=====a=B==aA=a===D====d====C==d===A=a====a'
  'A==C==a===B====b====A==c=========E=======d=====A==b=a'
  'A======B==a==B===a==C==d====B===a=A==c=======a'
  'A=A=a==B===a=B===b====D=======e========A==a==a'
  'A=A=a===B==a==Ba=C===c==A=b===B===c==A==a=a'
  'A=B==a====B=a=C====c=====C====e==a'
  'A==B=a=B==a=B===b==C===c======A==a=A==c=====A=a=a'
  'A=Aa====E===b==A===aAa=A=a====B==a=A=a==A===c===A=a==A==c==Aa=a'
  'A====C====bA=b===A=aA=a=Aa====E======c=A==c=====A=a==B==b===A=aa'
  'A======E===b=A==b===A=a==A==a===C==aA=a=A===c==A==a==A===c==A=a=a'
  'A======D===a=A==d====E=========e=====A==a==a'
  'A=B====a====D====c===A==a===A==c===A=a=a'
  'A=A==a===B==a===A==a===D===a=A===c=A=c====a'
  'A=A==a====B==b=========E=a==A==c==A=a==A===c====D===b==A==c=====A=a=a'
  'A=A=a==B===a====C==d========E=====e====A==aa'
  'A=A==a==C==a====A==a===C===b==A==c=A==b=a'
  'A=A=a=A==a==B=a=A==b===A==a=A==a==A=a=A=a===D===a==A=a==B====c==A==b=A=b=A=a=a'
  'A===C=====b=====D==a=A===b====A==a=A===b=A=b==A=b==a'
  'A=B=a===C==a=B====b=====B===e===a' 'AA=a====E==e===A==a==A==a=a'
  'AA=a===D==d=======E===e===Aa=A==aA=aa' 'A==Aa======E==e====A==a==A=aa'
  'A====C==b==A==a=====C==d=======E=e=====E==e=====A==a===a'
  'A=B==a==A=a===D===c====C====e===a'
  'A===Aa===C==b=====D==e===========E====e=====A==a=a'
  'A=Aa=C===a====B=a==B==c===A=a=Aa==A=b=b'
  'A==B====a==A=====a======D====e=======a'
```

```
 'A=Aa===C==a==BaB==c==A==a==A==c===A=a=a'
 'A=A=a==A=a==A=a=====A====a-A==a==Aa===E==e======A=a=B==b===A=a==A===a=a'
 'A==Aa====D====c======D=====e=====a'
 'A=B=aB==a=AaA==a=======C=====d==A=b=a'
 'AA=a==A=a==B==a==A==b==B==a==A==b===A==a=====C===a=A==a===C==c==A==b=A==b==Aa=a'
 'A==B==a==B=a=C===a====A====e===a' 'A=====E=====e====A=aa'
 'A==B==a=A===a===B===b===D===e===A===a=A==a=Aa=A==a=a'
 'A=A=======a=A==a===A==a===B====a===A=b===A=a===B=a=A==b======B===a===D==e===A====a===A====a==a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 24, 64, A=A==a===B==b
A=A==a===D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A===a=a, 19, 24, 64, A=A==a===B==b
A=B=a===C======c======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 25, 177, A=B==a====D==c
A=A==a===C====c=======A==a====E====c=====A===b========C===a=A===d=====A==a==a, 46, 22, 177, A=B==a====D==c
A===B==a=C======b======B=a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B=a==A===c===A===b==a, 52, 21, 177, A=B==a===D==c==
Accuracy: 0.00909090909090909

++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 793

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1092

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 759

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1037

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 817

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1016

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 731

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1123

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 860

Iteration 10
Found empty cluster

```
Terminal measure: Et = 1189
Final centroids: ['A========C==a=A==b==B==b====B===a=====C==d====A==aA==b===a'
  'A=B=a===D==b==A==b====A==a==C===aA=a=A==c===A=a=A==c==Aa==a'
  'A======D==a===B==c=A==b====C==a====B===d=====B===c==Aa==a'
  'A====E===b==A=a====A====c==D====d===D===b==A==d=====a'
  'A=Aa======E=====a==A=c===C=c=======C==a===A==aA==c=======B==aA==d====a'
  'A==A==a======E==b=====B===e===a' 'A=D==a=B==c===A===a=A===b=b'
  'A=A==a==A=a==A====a==B==b====A===a=A==a===A=a=A======a===C===a=A==b====D===d===A===aA==b======a'
  'A=B=a==B==a==A==b===D===c====B==a=A======d====a'
  'A=A=a==C===a===B===c====C=a=B=====e=======A==a=a'
  'AA=a=====B==a===A==a==D===b=A==c==A==b=a'
  'A=Aa==E=========a=A=a==A====a=====A===a==A=====b===A=a=A==b=A=c=a'
  'A=A=a==A==a==A======a==A=a=====C====b===D==d===A=b======a'
  'B==B===a==AaA=a===B=a=B===aAa==A==b======A=a=B==c=======B==a==A===c===A===b===A===a=a'
  'A=B==a===D====d=======C==a=B==a=A=aA=====d=======D===aA====c==A==c==a'
  'A===C==a==C==d=A=b=A=a=Aa=a'
  'A=A==a=A=====a===B=a=B====a==A==c=====C==b===A==a=====B==a=C==c==A==b=====A==b=a'
  'A=Aa=Aa==B==a=======D===d====B=====a==B===c====B===a=A=====bAa==A==b=a'
  'A=A=a======E===e=========a'
  'A==A=a===C===b======C==a===A==a==Aa==B==b==A====a==A=a=A==b=A=b==b'
  'A====E==e====A===a=A==aa'
  'A=====E==c===A==a==A=a=A===c=====E===e====E====d===A==b===Aa=a'
  'A====D===c===A===a==Aa==C==d=======E===e====C=====b===A==b==Aa=a'
  'B=A=a=B=a==C==c==Aa==C===e====A=a=a'
  'A=A===a===B==a=A==a===B===b====A===a=====D======a=A===aA==d====A===b=a'
  'A=A==a==A==a======D==aB==b====A===a==A==a=A==c===A===b==a'
  'A=A=a==A=a==A==a=A==a===B===b=====A===a====D======a==B===d=====A==b=====a'
  'A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e======a'
  'A=B=a==C=====b==A==a==C====b===A===b===B==a==A==d===A==a=a'
  'A=B=aA==a==A====a===B==a====A====a===C==c=A=c=====a'
  'A=B=a===D==a=A===b===B==e====a'
  'A=C===a==B==a==A==b===C===d=====C===b===A==c===A=a==a'
  'A==B===a=Aa===C====b===C===c=====B===b===A==c====A=a=a'
  'AA=a=====E===e=====Aa=a' 'AA=a=Aa====E==e====A=a==A=a=a'
  'A=B=====a==Aa=A=a==B=a==B=======a==A===c=========C==a====B======a=A====b==A====b===A====c==a'
  'A========E==e======A==a=a'
  'A=A==a===B=====a=======Aa===D==b=Ab=Aa=A=b=====A=a=A===aA=b==A=a=a'
  'A=A=a=B===a==A=a==Aa=B===c====E==d====C====d===A=a=A=a=a'
  'A===E===a=AaA==a==A====e====a'
  'A====E======b====B===a===A===a==A===a===A===a=A=======e===a'
  'BAa==A==a====D===d======A====b==A=a=a'
  'A=Aa====C===a====B==d========E======e=====A=a=a'
  'A=A=a==B===b=====B=a=D======c=A=b=====B==aA===c====A=a=a'
  'A====C=a=B===b====B===d=====E======e===A===a=a'
  'A=Aa====D==b=A==aA=a==A=a==C=======a=A==c===A==aA==c==Aa=a'
  'AA=======C==b=A=a====B==d========E==aA==e====A====a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b========D=d======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 28, 63, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a-A=a-A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 23, 102, A=A
A====B==a=A==a==A==a=C=====a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA===b=A=b==a, 153, 27, 146, A=7
A==B==aA==a=A==a===B===a==B=====a==A=====c=====C====b=====C===a=A===b==B===c====A====c=a, 146, 20, 146, A=B
A===B======a==A====a=A=a==B======a===A==b=====B===b=======C===a=B===c===B===b==A====c==a, 152, 25, 146, A=B
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 3


Number of unique labels in the training data: 170
```

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 766

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1128

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 740

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1150

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 816

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1259

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 876

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1036

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 812

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1134
Final centroids: ['A=====C====a===C==c===A=a=A==c=====a'
 'A=A=a=A===a============E====d====B==b===B===b=A==b====A=a=a'
 'AA=a=====E====e=======A==aa' 'A=A=a==C==a==A=a==C==d===Aa==A==aA==b=a'
 'A====C===a========B==c====C===b===C===e====A===a==a'
 'A=====C===a==A=a==A==a=A=b=======D==d=====C==d=====A=a=A==a=a'
 'A====E====c====Aa=A==b====A===aA==b=a'
 'A=A=a===C====a=====A===c========E=======e===A=aA=a=a'
 'B=a=====E====e===Aa==a'
 'A==Aa===B====a=A===b========E====e=========A==a==a'
 'A=A==a====B===b========A===a====C=a=C==c=A===b=======B==a=A===c=====A==a=a'
 'A==E======a==A==b======B===b===A=====d===A=a=a'
 'A=====B====a===D==d==A=b===A==a=Aa===B====b===A=a=A=aA==a==a'
 'A=====C=====a====A=a===B=a==B===b=Ac=====A===b==a'
 'A========E===e====Aa==a'
 'A=A==a=====B===b========A=a=A=a==B====a=Aa==A====a===A===B==a==B===e=====A==a=a'
 'A=A=a====B==a==A===a==A==a=======D=====b=A==c===A==a===A===b====a'
 'A=======D==c==A==a==A==aA=a===D==aA==b=A==c===A=a=A==b===Aa=a'
 'A==B===a==A==b========C===a==C==a=A=b==A==b====B==a=A==c=====A==b==a'
 'A=Aa====B==a===A====b=====C=a=C====e========A==a==a'
 'A=B=a===D==d==A=====b==A=a=a'
 'A==C==a=B====c======Ba=B===a=Aa=A====c====D============e===a'
```

```
 'A==B==a==C===a=a===C=d=======D=======d===AaA==b=a'
 'A=A=a==D===b===B=a==B===d===A==a==A==b=a'
 'A=A==a===C===c======A==a=====C====c===A==a========E====d===Ab==Aa==a'
 'A==B===a=C==c========D==aA=e======a'
 'A=A==a===B===a==B===a=C===a==A===c==A=c===a'
 'A=A=a=A=a==A=a===E===d=A==a=A=b=====a' 'A=A====D===d===A==b==A==a=a'
 'A==A==a=======E===c====C====e===a'
 'A=A=====a==B===a=A==a==A=a===A=a==A=====a====D======b===B==c==A=c========a'
 'A=A=a==B===a====D==e===C===c====C==b===A==b======a'
 'A=A=a===D====b=====A==c======E=====d===A==b==a'
 'A=======E==e=====Aa==A===aa' 'AA==a===E====b=A=a====A==d===a'
 'A=A=a===B==b=======E=====c==Aa==C==c===A========c====A==a=a'
 'A=A==a==B===b=======D===a=A===a===A==a==B===a==A==d===A=b==a'
 'A=Aa======E==e========a'
 'A====A==a=A=a====A==a=====D===b===B==d=======C==a==A==b==Aa=====B==a==C===e====C==c====B===b====a'
 'A==Aa===E====e=======a' 'A=====E====a=Aa=A===e=====a'
 'A=A=a==A=a===B===a=B===a====A===b===D===c====b======a'
 'A==Aa===D=======a=A==b=C==b=======B==a==AaA==a==A===b====B==aA===e====a'
 'A==B=a=A==a======C=a=B===a==A==a=A======d==Ab=A=a==a'
 'A====D==aA==d====C==c========E===d====D===bA=d========a'
 'A======E===c===B===b=Aa=A==a===C==a==A==a=A==d====A==a==D==e===Aa=a'
 'A=====C====a===B===c========D=====c===B==b=A==c======a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A==b=a, 143, 8, 70, A=Aa======E==e========a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 4, 153, A=======E===e====Aa==a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 6, 70, A=Aa======E==e========a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 4, 88, B=a=====E====e===Aa==a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 9, 153, A=======E===e====Aa==a
Accuracy: 0.004545454545454545

++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 924

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1205

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1074

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1199

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 985

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1108

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 847

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1238

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 984

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1070
Final centroids: ['A==B=a=B=a=A==a=A=a==B==a==B=====b==B===d==Ab==Aa=a'
 'A=A=a====C===a=A===c========E===e========A=a==A==a=a'
 'A=C==a=C==c=A==c=======E===d====C===b=A==c=====Aaa'
 'A======D===a=A==b====C==========e===Aa=A=a=a'
 'AA=a=Aa===E==e========A==a=a'
 'A=A=a===B====b========Aa===E===a=A=b=A=b======B==a==A===c===A===b==a'
 'A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e========a'
 'A=A==a===B=a=C=====c=====D==d=Ab=a'
 'A=A====a===Aa=A=a=A=a===C===b==A==b=======E==e======A====a===C==c===A===a===A====a=a'
 'A=Aa=====B==a===A==b========E===e========A=====a=a'
 'A=Aa==B==a=C=a=B=c===A==a==B==d======A=aa'
 'A=A==a=====E==e==A=a==A==a=a'
 'A===A=a===A==A=a=A=a===D===b==A==b==A=aAa===C==d======A===a=D==e====A==a===A===a=a'
 'A=Aa=====E===aA=aA=a==A==b==B====a===A===b====A===c==A=b==a'
 'A==B=a=C===b=Aa=A===c======E=====d===A==b==a'
 'A===C=====a==A=====a===A==a====C==b=====B===c==A===c==a'
 'A====D==b===A=a====C=c=====C===d==D===d===A==bAa==a'
 'A=A=a==B===a====B==aA==a==B=a=B==a=A====bA==c===A=b=a'
 'A==B==a==A==a==A=====a===D=====d====C===b==A===c===A=a=a'
 'A=C==a=B=a=B====b====B=====e==a'
 'A=A=a=======C==b====A==b=========E=====e======A==aa'
 'A==B==a===D======c=====A========c===a'
 'A=Aa====C=a=C==b==A=a===B===b=====B===a==A=a=A====b===A======d==Aa==a'
 'A======E====e====A=a=a'
 'A===A=a=A=a==B=a===D====c===A==c====C=aB===d=====A==a===D==d===A===a====A==aa'
 'A=A==a====C=a==BaB===b=A=aAa==A===d===Aa===a'
 'A=====C==a===A==a===C=========d===A=b==a'
 'A==B==a=A====a=======D==aA======a==A==a==A=====aA==c=A==c==a'
 'A=B=aB==a==A==a==A==a==Aa==B=aA==a=====B==d===A=b=A=a=a'
 'A==A==a==C==b=====C==d=========E=====e====A==a=a'
 'A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a'
 'A==B==a=A=a==A===a==C==b===B==c======D===d=====B=a=C==d===A==a===A==b==a'
 'A==B==a=A===b=====Aa===C=a=C====d=====B==c=====C==a=A==c====A=a====a'
 'A==A=a===B==b======C===a=B===a=====B==b==B===a=A===e===A=a==a'
 'A=A=a=====E===a===A==a=A====b===B==a===A======c=====B======d==Aa=a'
 'AA==a===B==a====A==a===D=====a=A===d==A=b==a'
 'AA=a=====D==c==A===a====D==b==A=d===A==a==a'
 'A=A======a===E====d==A=a=A=b====a'
 'A=A==a====B==a===D=====c======B=====d=====a'
 'A=A=a===C==a==Aa==C===d=====A=a=A=b==a'
 'A====C======a===C===a=A=====e======a' 'AA==a=====E===d=====a=a'
 'AAa====B==a====A===a=====D==b==A=d=====A=a=a' 'A======E====e=======a'
 'AA=a=====D===a=A=a==A==b=====B==a====B===d=====A==b==A=a=a'
 'A==B==a=B==a=B==a===B===d===C===b==A===c==A=aa'
 'A====A==a=====E==d=A=a==A=b=====a']
```

```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 14, 72, A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a
A===B=a=A===a===C==a==B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 14, 56, A==B=a=B=a=A==a=A=a==B==a==B=====b==B===d==Ab==A
A=A=a==A==a===C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 10, 72, A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a
A=A==a==A==a==C==a==C===c===B===b==A=b===A=b==a, 35, 12, 148, A=====C==a===A==a===C=========d===A=b==a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c===Aa=a, 58, 13, 122, A=Aa====B==a===A==b=======E===e=======A====a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 5


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 836


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1124


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 821


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1143


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 913


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1107


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 884


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1057


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 834


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1138
Final centroids: ['A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a' 'B=B=a==C==a==A======d======A==a=A==b=a'
 'A==A==a===D==b=Ab=====B==a==B==a=A==a==A====b=======C==a=A==d====A==b==a'
 'A=A==a==A==a=======D=a=B==c====A==b==B=======bAb==A==a=a'
 'A==A=a=====E====d====A====b==a'
 'CA=a=====B==a==A=a=B===d========A==a=A==b=a' 'B==A=a==D==d==A===a==A=ab'
 'B=B==aa=A==a=D===bA=b==B===b=Ab=b' 'A=A==a===E==e=====A=aA==aa'
 'A======D===b=======B===c======D==c===C===c==A=aA==c===a'
```

```
'Ba=Aa====B=a=A=a==C===b==A=a===C===e=======a'
'A==C=====a==B===b======C==b=A=d==A=a=a'
'A======D==b====B==a=B==d=====A=a==A==a=b'
'A=A=a=====C=====a===C====e==A=a=a'
'A====A===a====A==a=Aa==C====b===A===b========E===e=======B===a=C===d===B==b===A=====a=a'
'A=Aa===E=d====A=a===aA=aa'
'A====D==b===A==a===A===c=====E===e=====C====c===A==a=Aa=a'
'A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a'
'A======E====a====A===c===A=======c==a'
'B==a====B==a==A=a===D=a=A==e====A==a=a'
'A=B==a=======D==c=====B===d===a'
'A=Aa====D===a====A=a=A===a===B===a====A===c=====B=====d====a'
'A====C===a==A==a===A=====b====D====d====D====d==A==b==Aa=a'
'A==A==a===E==e===A=a=A=a=a' 'AA==a=====E===e====A==a=a'
'A==AaB=a=B=====b======D====e=======a'
'AA==a=====C==c============A==a====E====d==Ab=======A=a==B==a=A===b====A==a=a'
'A==A=a===E===d===A=a=A=a=b'
'A==Aa===E==aA==b=A==a==A==a=====A====a===A=a=A===a===A==a=A==d=====a'
'A=A=a=====C==a=A=====a==C==c=====B==a=A=a=B==d====A==a=A====b==a'
'A=A==a====E==d===A==a===A==b=a'
'A====A==a==Aa==B==a=======C====b==C===d==A=b====a'
'A====A=a==A====a=Aa====D=====b==A==b========C==c======B=a===C==d===A==a==A===b=a'
'A=B=a==A==a======C=a=A===a====B==a==A==aA=bA=c==A=b=a'
'A=A=a==A=a=====E==e==A=a==Aa=A=a=a' 'AA=a=====E===e=======a'
'A=A====a====E==d====A=a====A=a=b'
'AA=a===C==a==B=a=B==c==A==b===B==c==A==a=a'
'A=A=a====B==a==A==a===D===aA==e=======a'
'AA==a==E==a==A===d===Aa=B==c==a'
'A=A=a==C==a==B=a=B==b=A=b==A==c==A==a=a'
'A=C=====aA==a====C======a=A==a==A===a==A=====a=A=aA=====d=b'
'A====C=====a=======C==d=====C==b===C==d===A=====b=a'
'A===D===b===Aa==BaB===d====D==c===C====d==A==b=====a'
'Ba====D==c=====A==a====D==b=A=c===A==b==a'
'A======E=====c==B==c==C==c=====B===a====A=a=A==b======C====c=A=b=a'
'A=A=a===C==aA=a==B==d========E======e=====A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 6, 65, A=A==a====E==e======A=aA==aa
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 11, 64, A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 5, 7, AA==a=====E===e====A==a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 5, 65, A=A==a===E==e======A=aA==aa
A===A=a===E==e==A=a=A==aa, 160, 4, 150, A==A==a===E==e===A=a==A=a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 985


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1081


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 822
```

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1182

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 859

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1219

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 956

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1160

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 960

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1139
Final centroids: ['A=A=a=A=a==A==a==Aa====C===b===A==a=A=a===C==b======B==a=B==c=A===b===A===b=a'
 'A=A=a====E====e=======a'
 'A=A=====A===b=======D=aB==c======B===b===A==a=A==c===A==a==a'
 'A=Aa=A==a===B=aA===a=====B====a===C==e=========a'
 'A=======C==b===A=aA=a===Aa=====D==aA==b=A==c===A==a=A==b=====a'
 'A======E====e==Aa==A=a=a'
 'A===B==aA=a====B==a==B===aA=a=A==b===A==a=C===d======B===a==C==d===C==c===A====b==a'
 'AAa===C===b======A==a===D===b=A==c==A==b===a'
 'A==D==aA===a=A===d==========E===b===B=====e=====Aa=a'
 'A=Aa=A==a==A=a==Aa==A==a===C=====a===A==b=====A=a==C==c==Aa===B=====a==C==c====B==b===A====c==a'
 'A===B==a===D==d======A===b===a'
 'A=C==a=B======a==A==a==B=====b===B===e======A=a==a'
 'A======C==a===C=d======B==a==C==b=A=d=======Aa=a'
 'A====A=a===E===e=====A===aA=a=a'
 'A====D=aB===c==C===d======D===c===B==c==Ab=====a'
 'A==Aa====D=====a===A==d=======E==aA===d===A==b==a'
 'A====A====a====A=a=====Aa===C===b===A===b========E====e======A=a====C===c===A===a====A====a=a'
 'BA=a=====D===d===A=aA==b=a'  'A=======E====e=======a'
 'A=A==a===E==b==A=a=A===d====A==a=A==a=a'  'BA=a==D===d=====A==b=A=a=a'
 'A=B=a===D===d==A==a==A==ab'
 'A=A=a==E=====b=Aa=Aa==B===b===A===a==A=a=A==b===B==b==A==c==a'
 'A===E======a==A=====c=====C====b===B=======e======a'
 'A==Aa=B==a==B====b=====D===e========a'
 'A=Aa=C==a=B==b==B==d======E====d====C===b=A=c====Aa==a'
 'A=Ba=C==b==C===c=A=a==A==c===a'
 'A=B===a=A==a======C==a==A=a==Aa==B===c=====A==a=A=a=A===c====a'
 'A====B=======a====D====a=A=======e=====a'  'A===Aa==E==e===A==a=A=a=a'
 'A======C===a==A==b====D=======e======A====a==a'
 'A=C=aB==a=A=a=A====c=====D====b===A=====d===A==a==a'
 'A=A=a===C==a=Ab=====A===a===C=a==B==c==A====b======C==a==A===d===A=a==a'
 'B=a===B=a=D==e=========E=====d=====aa'
 'A==B==a=A=a=C==c=Aa=====D=====e========a'  'A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a'
```

```
 'A======E======b==A=a==B===b===A===a===B=a=A==c===C======d=Ab==a'
 'AA=a======C==a==C==e===A=a====B======b==A==a====A==aA==a===a'
 'A==C==a==C===b==A=a====Aa=A==a=A======a==A===b====A==a=A==b==A=b=a'
 'A=Aa===E==e===A==a===A==aa'  'A=B==a====Aa===D===b===A=======d===a'
 'A===C==a====C==c==A=a==A===b=b'  'A==A===a===E===c=Ab====A==aA=b=a'
 'A==A=a==B=a=A=a=A=b=========E===e=========Aa=A==a=a'
 'A==B==a==A===a======B==a=C===b=====B==b==A===b==A===c===A==a=a'
 'A==C====a==B==a==A=aA=a==B===b====B==e=========a'
 'A=Aa=Aa===E===d=======C===a=A=d=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b=====a, 4, 6, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
A=B=a=A=a===D==d=====A===b===a, 12, 5, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 9, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
A===B===a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 7, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 6, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 960


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1334


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 992


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1283


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 935


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1252


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1008


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1238


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 885


Iteration 10
```

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1315
Final centroids: ['AA==aAa===A==a=Aa==Aa===E===b=A==c====A=a=B==c=========B=a==C==d===A===a===Aa=A==aa'
 'A==C===a==B===c======D==a=A===aA=a=A===b==A=====a==A====b==A===c=a'
 'A=======E====d==A==b==a'
 'A=B=a==A==b=========E=====a=A==a=A======d=====A=b==a'
 'A=A=a=A=a==A=====A==a===A==a=A===a===A=a==D==e=======A==a=B===b==A==a====A===aa'
 'A=====D===c==Aa==A==a=A==b===E===e===D===d==Aa=A==a==a'
 'A=A=a=====E===d=====A==ab'
 'A=Aa=Aa=B==b===E==e======E==d====C==d=======a'
 'A=A=a===B===a=======A==a===C=a=B=c=A==b=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A=Aa==Aa=E===d=======D==e====A=aa' 'A=A=a===E===e=====Aa=a'
 'A===B===a===C===a=B==d====B==b==A==b==A=a=a'
 'A==A=a===D==aA=a=A=a===B===a===A===a==A=aA==a=A=a====AaA===b=A===d=a'
 'AA==a===B===a====A==a===D==a=A==d===A==b===a'
 'A=B=a==B==a==C===c===A======c==a'
 'AA==a===B==a=A==a====D===aA==d===A=b===a'
 'A======E====a==A==b===B==aA====a=A==c==A=====c==a'
 'A=B==a=A=a====C=a==B==e===B===b==A===a==A=aa'
 'A=B==a==C====b==B===bAb====D==a=A==d===A===b==a'
 'A===E===c==Aa=====B==d======E===e====E==d===A==b==Aa=a'
 'A=A=a==C======a==A==aA====a===C======b=A==b==A=a==A===c=====a'
 'A========D===b==A=a==A===a===C==aA==a=A==c===A=aA===b====a==a'
 'AA==a===A===a=Aa====A===a==E=====d==A==b========B=a==A==b=====A=a=a'
 'A=A==a===E=======e=====a' 'A=A=a===E==d===A===b==A=a=a'
 'A=B==a===B====a==C==d====D======b==B==bA=d====A==a=a'
 'A=B==a==B==c=======C===a===C==b=A=a==B==b===A==a==A==b=Ab===A=ab'
 'A=====D===c==A=a==A===C=d======D==d=====D===d====A==b=Aa=a'
 'A===B===a==Aa====C====d====D===c===D===d==A==b====a'
 'Ba=====C======a==C==e========E=====e=====A==a=a'
 'A===C===a====C=====a==A====e===a' 'A==C==a==B==a=B====b====B===e===a'
 'A==B==a==A==a====B==b==D====c=====B==b==A==c====A=a==a'
 'B=A==a=Aa=A=a===C==c==D===d=====B===b==A===b==A===a=a'
 'A=====Ba==C===a==A===d======E======e===A==a==a'
 'A=B=a=B==a==A=a=A==b===A==a=A==a===A=a=A=a===C===a=A==a===B==b=A=b=A==c==Aa=a'
 'A==B==a==B==a==C===d=======D===c==B==b=A=c===A=b'
 'A=A==a===B=a==D===c======B===d==a' 'A=Aa===E==d===A==aA==b=a'
 'A==C===a==C====aA==b===B===a==A====c===A==a=A===a===C======a==A===b=A====d=a'
 'A=A==a===C=====a==B==a=A==a====B===a===AaA==c=A=====c====A=a=a'
 'A======D====a=====B===d===A===a=A==b=a' 'A========E==d===A==b==A==aa'
 'A=A===A==a=A=a======A==aA=a=B======b===B===c====A==a=D=d=======B====a===D===d======B==b======A===b===a'
 'A===B=a=A===aA===a====A=a====D====b===B====d======a===a'
 'A==C======a==A==a===B==a=B===aAa==A===c=A=c====a'
 'A====DaB====bAd======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A====a=A=a===B=====a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa=a, 158, 23, 61, A=B=a=B
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a=Aa==A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 146, A==C===a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a=Aa==A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 146, A==C===a
A=A==a=A=a===B==a=B==c=====A==a=A==a===A=a=A=a===C==a=A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 24, 154, A=A=a=A
A==A===a==A==a=B==a=B==b===B===b==A=a==A=a=A==a=C=======b==C====c=A==b=A=b===Aa==a, 159, 26, 146, A==C===a
Accuracy: 0.02727272727272727


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 8


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
```

```
Terminal measure: Et = 956

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1320

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 820

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1248

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 822

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1381

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 903

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1301

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 849

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1330
Final centroids: ['A==A=======A==a=A=a=====D===c==A==c======C===b=Ab========A=a==E==e====A==a====A===a==a'
 'A==B=a==C===a=A===a==B==a=Aa==A==a==A=a=A==b====A===aA==d==a'
 'BA==aA=a=C==aA=b=====C===aA=bA=c=b'
 'A==C=a==A==a==B====a==A==a=Aa==A====a===B====b=A==d=====a'
 'A=====E==d===A==b==A=a==a'  'A========E===e=====A==a=a'
 'A=====A====a==E===d==A=a=A=b====a'
 'A=A=a==A==a====A==a====E===d====B====b==A===b==A===a=a'
 'A====C===a====A=a==A==a=B==aA=a===A==b=====B=a==A====b====B====a==B===c===B==b===A====c==a'
 'A=B==a===D==c===A===aA==b=b'  'B=B=a======C=====c=====B=====d==a'
 'A======B==a==A===b=======E===e========A=aA=a=a'
 'A======D==a======B====c====A======c==a'
 'A=Aa==B===a==A=a===A===aA=a====D===e=====D=d====A==a==A=a=a'
 'A==B==a==B==b======C===b==B====a=A=a==B===c====B=a==A==b=Ab==A=b=a'
 'AA==a==A====a=======E====aA=c=====A===b===A===b==A==a===A==a=a'
 'A=Aa======C===b==A=a=A==a=A==a===D======a==A===c===A=a==A===c===Aa=a'
 'A==B=a===C==b==C===d========D===c====C==b=A=d=====Aa=a'
 'A====C==a=====A=a=B==aA=a===A==b====A=a=A==a==A=aAa===C==a==A==c====B====b==A==a=A==c===Aa=a'
 'A=A=a===B=a=B==a===A==a==B==b====B====a==A=a=A==a===B===c==A==c=a'
 'A==C=a=A=a==A==a=A======b==A==b==A=a=B==a=A==a====C====a==Aa===B===a==A==b=A==d===a'
 'A===E===a==A===c====A======c==a'  'A=AaA==aA=a===E===c=A=c===A==a====a'
 'A==A==a=A===a===E====b=A=b=A=c===Aa==a'
 'A=B==a========D===c======C===e====a'
 'A=A==a===C=a===C====c==A=a===B==c===A=a=b'
```

```
'AA=a==Aa===E===e====Aa====A==aa'
'A==B=a====B====b=======A===a====B==a=A==a==AaA==a===A=aA==a==C==a=A=c=A==c===a'
'A=B=a==B=a=C====a=A==c====A==a==A===c==A=a=a'
'A====E===a===A===a=A===b====B====b=A====b====A====c==a'
'A===A=a===E==e========A==aa'
'A======C==b===B===c===A=a====E=====c=A==c========B==b======a'
'A=A==a==A==a====E===d==A==a=A=b==Aa=a'  'AA=a=====E==e==A=a===A=a=a'
'A=A=====C===b===C==e========E=====e===A==a=a'
'A=A===a==E===e========A==a=a'
'A======C==a==B===c====D==aA=====e====Aa=A=a=a'
'A=D==a=A===b==A==c======E==b=A===d=======Aa=a'
'Ba======E===e==========B===a=B===b==B==b===A===b===A=a===D===a==Aa=A==d====A==a=a'
'A=B==a=C==a=A==a=A===d=======E==aA==e===A===a=a'
'A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a'
'AA=a====E==aA==c==B==b==C===d===Aa==C===b===A=a==C==d===Aa==B===bA=b===a'
'A=A=aA==a===A==a=A==a====A=a==B=====a===D==e==========a'
'A=A=a==B==aA=a==B====a===C===a==A==c==A===c==a'
'A=A==a====D======b=====C==e====a'  'A=A=a===E==e===A=a===Ab'
'A=Aa=B=a=Ba==C==c===Aa==A==c===A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 140, A===E===a==A===c====A======c==a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 8, 58, A=A==a===D======b=====C==e====a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 9, 164, A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 9, 164, A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 8, 140, A===E===a==A===c====A======c==a
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 9


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1073


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1296


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1000


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1212


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 908


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1216


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 996
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1155

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1112

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1343
Final centroids: ['A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a'
 'A===C=====a===A=====aA==b===D===d===C===b===A=c=====a'
 'A==A=a=C======a=A=a=A==a=====C=======aA=b====A===d======a'
 'A==B=aB===a=A==a====C==c===A====b==A=b==A==a=a'
 'A===B===a==A=a===B==c====E===e====E==e=====A====a=a'
 'AA==a==D===c=======A==a==D==aA=b==A===c======C==a=A===d==A=a=a'
 'A=======D===a==A==c====D======bA=d=====A=a==a'
 'A=A=a==A===a=======E=====b=====A===b==A=====b==A=b===A=aa'
 'A=C==a===C=====d===A==b=a' 'A=A==a===E==d=====A=a=A==b=a'
 'A=A=a==B==a==A===b====D==aB====e========A==a=a'
 'A=A=a===C==b==A=a=Aa=A===a=====D====a==A===c=======A==c===Aa=a'
 'A=Aa==C==a==B=a=B==c==A=a===A===c=======a'
 'AA=a===B==a==C=aB==c==A=c====C==c====A=a=a'
 'A==A==a=====E==d===A=a==A==b=a' 'A=A=a=A===a====E==e==A==a=A=a==Aa=a'
 'A========E===e======A=a=a'
 'A===B=====a===B==a==A===b===B=b==A==b========C==b===D==b==A=====c===B==aA=a=A==b==A==b===a'
 'A=A=====D==e=====A=a=A=a=a'
 'A=B=a=B=a==A=====a==A==a===A=aA==a====C==c==A==c=====a'
 'A=Aa===C===a=A===c=====E=======e=====Aa=A==a==a'
 'A=B=====aA=a==D==d===B==b=====A==a=A==b==A=a===a'
 'A==E===c===A===a====C===a=A===c=A=c==a'
 'A=B==a=Aa=====D===d=======A===b==a'
 'B=a====B==a==A==a===D====aA===e===A=a===a'
 'A=B==a===C===c=======B=a===C===b==A====c=========C==a=A===d===A=a====a'
 'A========D==a==A==a=A===a====B==a====A==a=Aa==A===bA==d===a'
 'Ba====C====a===B==c=====B=a==C==e========A=a==Aaa'
 'A=C======a==B==a=A=a=A=a==Aa==A==aA==a==B===c=A=c=====a'
 'A==A=a==B===b======E==a=A==b======B==b==A==b==A==c====A==a=a'
 'A=A=a==A==a==A==a==B===b===B==b=Aa====A==a=A=a===C==a=A==a==C====d==A==a=A=b===A=a=a'
 'A==E=======b=====A==b=====C=====b==B=====d==Ab====a'
 'A==D=aB==a===A==a==AaA=b=====B===b===B====a===A=====e==a'
 'A=A=a====E====b==Aa=B==c======Aa==A==c=a'
 'A=B=a=B==a==C====d=====B==c===a'
 'A===Ba=B==a==B==a=A==a====B===a=====A===c===A===a=A===c=a'
 'A====E===d=A===b=A=a=A==aa' 'A=A=aA==a==E===e========A==a=a'
 'A=C===a=a==B==a=A==b=A==a===D==e======a'
 'A==A=a==B==a=====D===c======B===c==A=b==a'
 'A=A=a===D==b===B====a==A=a===B==aA==b==A==b==A=a=A==c=====a'
 'A=A=a==C=a=C=====c===A=aA===c=a'
 'A=B=a=B=a==B=a=B==b=====A=a==A===d===A=a=a'
 'A==C=a=B===a===B==d=====D====b==B===c=Ac===Aa=a'
 'B=C==a=AaA===a==A===b=====Aa==C==b===B======c===A=a=c'
 'B==Aa=A==a==Ba==C==b==A=b===A==b==A=b=a' 'C=Ba=B====d==AA=a==A==ac']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b==A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 12, 110, A==C=a=B===a===B==d====D====b==B===c=Ac==Aa=a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 15, 153, A=======D===a==A==c====D======bA==d======A=a==a
A=B======a====A==a===B====b====D====e=======Aa==a, 93, 13, 153, A=======D===a==A==c====D======bA==d======A=a==a
A==E=======b==A==a====B===b===A=====d========a, 132, 10, 112, A==E=======b=====A==b====C=====b==B=====d==Ab=
```

```
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 112, A==E=======b=====A==b====C=====b==B=====d==Ab=
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 952

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1139

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 808

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1148

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 835

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1189

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 841

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1297

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 884

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1330
Final centroids: ['A=Aa===B===a===A===a===D====aA==c===A==c===a'
 'AAa==B==a====D==d==A==a==A==b====A==aa'
 'A====D===b==A=a====A==c=====E===e====D===d===A==a=A=a=a'
 'A=A=a==C=====b========D======e=====a'
 'A====E===d===A=a=====C==d======D==d=====C===b===A==b====a'
 'A=A==a========E==e====A=a===a' 'A=A=a===E===e====A=aA==a=a'
 'A=A==a=A=a=Aa========D===b===A==b====B==a==A==b====B==a=C===e=========A==a=a'
 'A==B==a=B===c====C==c========E===d===C======d===A=a=a'
 'A=A==a=A=====a======C=a==C====b===A===b=A===aA==c=====A==a=a'
 'A=B===a==B=aA==aA==a======C=====c===A=======c====A=a=a'
 'A===D==a==A==a====A===c=====D===c===C====c==A==c=====a'
 'A====A==a=A=a===E==e======A==a====a'
```

```
 'A=B==a==C====b=Aa====B===a====B===c=====A==b===Aa==D==a=A====e=====A=aa'
 'A=B==aA==a==C===a===B=a==A=====a==A====c=A=c====a'
 'A=B=a==C==a==B===a===A=====e==a'
 'A=A==a====B===a=======A=aAa===D===b=A====c=======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
 'A==A==a=A==a==B==a=A==b=====A=a==A==a=A=====a====A=a==C==a==A==b====D====c==Ab====A=b==A=a=a'
 'A=B==a=A==a==B==a==C==d=====B==b==A===b==A=a=a'
 'A==D===a==B==c==AA===bAc==a'
 'A==C=a==B==a===B=a=A===d=====A=a=A===b===a'
 'A==C=======a==A===aA====a===B=====a===B==d===Aa=A==b=a'
 'AA==a====E==d========A==a==B===a=B==b==A===c=======E==b=A====d====Aa==a'
 'A===D==c===D===d===Aa==A=b====a'
 'A=Aa=====D===a==B==b=A==b=====A=a=Aa=A=a=A=c===Aa==B==a=A=b=Aa=a'
 'A==C====a===C==d=======A==b=a'
 'A=Aa===Ba=B===a==A==a==B==b====B===a=Aa==B==c=====A=====c==A=a=a'
 'A=A=a===C===a==A==a==C===aA==c=A=c====a'
 'A=B==a==A==a==A==a==A==a===B===a====C===d==Ab===Aa==a'
 'B=A==a==B=a=A==a===C===d====B===a==A====c===A=a=a'
 'A=Aa==D==a=B==e===A=a=a'  'AA=======D==e=======A==a=a'
 'BA=a==A===a===D==c==B==d=====B==a===A==b===A=a=a'
 'A=A==a=====A=a=====D===b===A==b===B==a=C===e======B=a=C===d===A==a==A==a=a'
 'A=B==a==C=====b====A===a==B==a=A=a=A======b======C==a=A==d====A=b==a'
 'A=A=a=A==a==B=a=A==b==A==a==B=b===A===a====D===a==A=a==B===b==A=aA=d=====a'
 'A==C==a=B===b=Ab=====D=====e===a'
 'BA=a==B===a====A==a===C==a=A===d====A=b==a'
 'A=Aa=A==a=A=a==Aa=A==a=====C=====a=A==b=A===a====D====d===A=a==A==a====C==d====B===b=====A==a=a'
 'A=A=a====D====a==A=a==A==a==B===a===A====c===A===a=A==c==a'
 'A=B==a==A==a===A==b======E===c====B====d====A=aa'
 'A=A=a=A==a=A==a=A=a=====B===a==A==b===A=a==C====c=====B===a==D==e====A==a===A====a=a'
 'A===B=a=B=====b===C==d========E======e=====A==a=a'
 'A==A=a===C===c======B===a==D==aA==c===A==b=====B==a=A===c=====A==a=a'
 'A=======D==b==A=a===A=a======C=====b=A===c===A=a=A==b===Aa=a'
 'A=A==a=======E==c=====B===d===a'
 'A==B==aA=a==A==a==Aa=A=a==A=a=B====b==D===d==A=b===Aa=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 11, 167, A=A=a==C=====b========D======e=====a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 12, 152, A=B=a==C==a==B===a===A=====e==a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 9, 167, A=A=a==C=====b========D======e=====a
A=====D====a=====B====d====A=====b==a, 107, 10, 167, A=A=a==C=====b========D======e=====a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 8, 167, A=A=a==C=====b========D======e=====a
```
Accuracy: 0.018181818181818

++

Average accuracy: 0.009545454545454546
++

k = 50

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 910

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1259

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 920

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1196

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 850

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1215

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 842

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1199

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 869

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1161
Final centroids: ['A=A==a=A=a==C==a===C==d====B===a=A==c====Aa=a'
 'A=Aa===D===c======C==a=A==a=Aa=B===b===B===b===A====c==A=b=a'
 'A=C=a==C==b===A===b=A==c=a' 'AA=a====E====e=====A=aa'
 'A===D====a=A====b===C=====e=====a'
 'A=B=aB=a==C==d===C==b===C====c======B=a=A==d=====A=aa'
 'A==C=====a==B===b======C==b=A=d==A=a=a' 'A=A=a====E==d==A=a===A=a=b'
 'A=====B=aA=a===D===c=======A===c=======a'
 'A=======D===b=A==a===A==aA==a===C=a=A=a===A==c====B======d=====a'
 'A=====C=====a===C==c===A=a=A==c=====a'
 'A====D===c===A====a=Aa==C==d======E===e=====C=====b===A==b==Aa=a'
 'B=a====B==a=====Aa====D======d===A=b==a'
 'A==A=a=C=======a=A=a=A==a=====C=======aA=b====A===d======a'
 'A=B==a==B=a=B=aA=b====C===e===a'
 'A===Ba==B==a==C=======d===A==a=A==b=a'
 'A=A=a=A==a=A====a====A==a===C===b===A==b===Aa==A=a==C==c=======B===a===D==e=====A==a====A====a=a'
 'A=A=a===B=a=D====d===Aa==B==c==A==a=a'
 'A====D===c==========B====c=====E====e====D===c===A==b====a'
 'AA=a===A===a========C=a===C==c=====A==b=====A===a=A==b====A==a=a'
 'A=======D===a=A==a==A==a====B==a===A=aA===c===A=====b=A=b=a'
 'A=Aa===E====e===Aa==a' 'A==D===a=A==a==A==b====C====b===B====e====A=a=a'
 'B=B=aA===a==C===d==A==a=A==b=a' 'A==C==a==Aa===C=====c====A===c==a'
 'A=Aa===C==a===A==a==C==========d===A=b==a'
 'A=A=a==C======a==A==aA====a====C======b=A==b==A=a==A===c=====a'
 'Ba======E====e=====A=a=a'
 'A===C=====b=====D==a=A===b====A==a=A===b=A=b==A=b==a'
 'A==A==a==B======b====A==a====C=aA====b=A=a=A=a====D===a=A===e=====A=a=a'
 'A=A=a==Ca=C==b=A=b====C=====e===Aa==a'
 'A=Aa=====C==a==C===b=A==b==A==c===A=a=a' 'A==E====d===B===c==A===a=a'
 'A=A=a===A===a=====C=a=A==a=====C==b===A===a=A==c===A==ab'
```

```
'A=B==a===C===b====C====e=======a'
'A=A=a==B===b=====B=a==D======c==A=b======B==aA===c====A=a=a'
'A=A=a=A====A=a==A=a===C===b===A===b=====B======b====A=a====D==d===A==a====A==b==a'
'A==A=a==B==a=====D===c======B===c==A=b==a'
'AA==a===B=a====D===d==Aa==A==b===A=a=a'
'B=C==a=AaA===a==A===b=====Aa==C==b====B======c===A=a=c'
'A=C==a=C===d===A=a==A==b=a'
'A=B=a=A==a===B=a===A==a===C===b===B==d====A=b===a'
'A=Aa===C==a==B===c=====C=a==B==c==A=b=====a=A==aa'
'A=A=a====C===b======B==c========E=====e====A====a=a'
'A=B=aB==a=A==a==C===c==C====d=====C==b===A===c===A=a=a'
'A====B===a========D==c==A==aA==c=====a'
'A=B=a=B=a=A=a==C==d====A=a==C===b===C==e========a'
'A=B==a=B===a==C==c===B===b===A====a==A==c===A=a==a'
'A=A=a=A==a==B==a===A=a====C==a===B==d===A==b==a'
'A======B===a=====D==c====A==b=Ab===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a=A=a===Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 24, 56, A==A==a==B====
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 24, 56, A==A==a==B====
A=B=a===C=====c=====B=====a==C=aA===a=Aa===A===c======C===a=A==aA==d=A==b=a, 60, 25, 56, A==A==a==B=====
A=A==a====C====c=======A==a====E====c=====A===b========C===a=A===d=====A==a==a, 46, 22, 56, A==A==a==B=====
A===B==a==C======b=====B==a==B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A==b==a, 52, 24, 56, A==A==a==B=====b
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1029

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1206

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 981

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1122

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 899

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1152

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 937

Iteration 8
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 1268

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 999

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1149
Final centroids: ['A=Aa=Ba==D==d=======D===e===Aa=a'
 'A==A==a=A==a=A==a===B==a====C===b===C===e=====A=a=a'
 'A=A=a=====E====d==A=b=a' 'A=A=a===E===d==A==b======a'
 'A=B=a=A=a=D==e======A===a=a'
 'B=B=a=A==a=A=a====C==a=A====c==Aa===A==a===A====a==A===b===A===b==a'
 'A=====B===a==A=a===B===c=====E==d====D==d===Aa=A=b===a'
 'A=A==a===C==a==A==b===D===d====C==b===B===d===A=a=a'
 'A==A=a=D====d=====B==a=C==a===A====c=======D==aA====d==A==b=a'
 'A=====B=====a===A==b=====C=a=C===d==Ab=====A===a==a'
 'BB==a===Ba=B==aA====a=A==a===A===d==Ab=a'
 'B=A=a==B==b=======C=aAaA==aA=a==B===b==B===b=A===d=====Aa=a'
 'A=====CaA==a=A==b===A=a=D===e========A===a=a'
 'A====A==aA==a===E===d==A==a==A==b=====a'
 'A==A=====a=A=a===E===d==A===b===A=a==a'
 'A==A==a==C==b=====C==d========E=====e====A==a=a'
 'A==B=aA==a====D===d=A==a=A===b===a'
 'A=A=a==Ba=C===b=====B===c========D===a=A===e====A=====a=a'
 'A=Aa=======E==e===A=a=a'
 'A===A=a===A==A=a=A=a===D===b==A=b==A=aAa===C==d======A===a==D==e=====A==a===A===a=a'
 'A=A===a===E====e====A====a=a'
 'A======C==a===C=d======B==a==C==b=A=d=======Aa=a'
 'A=A==a===B===a=======Aa==D==aA==e=========B==aA===b===A=a==a'
 'A=A=a==C===a=A==a=A==a=====C=====a=A==c==A==aA==c==A=a=a'
 'A===B==a======B=b=A=a=A==aA===a====D==c==Ab==b'
 'A=====C====a===A===c=====E==========e====A==aAa==a'
 'B==D====b==B===c=====A=====b=b' 'A=C===a===C==d====A==aA=b=a'
 'A=A=aA==a==E===e=========A==a=a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A==b===A==a=B=b===A===a====D===a=A=a==B===b=A=aA=d=====a'
 'A=B==a==A==a===A==a====A=a====B===a====C===d==Ab===Aa==a'
 'A=======E====e=======a' 'AAa===C===b======A==a===D===b=A==c==A==b===a'
 'A=======E===aA=b=Aa===B====a===A===a=====A=====b=====A===d======a'
 'A==C==a==B==b===C===b=====B=====b===B===c=A=c==A=a=a'
 'A===C===a==A==a=A=a=A==c====E====d===D=====d===A=b==Aa=a'
 'B=D==a=A=a==A==b===A==aA===c=b'
 'A==B=a==C===a==A===a=A===a===B===a=A==a=A=====a==A==a=A===e===Aa=a'
 'A=A==a==B===a======B==a==C==c==Aa=B==b====B===b==A=c=====A=a=a'
 'A==E===c===Aa=====A===c====E==d====C===c==A====b===a'
 'CA=a=====B==a=A=a=B===d=======A==a=A==b=a'
 'A=B==a==C=====aA=a===B==a=A===a====A======b=A=a=B===a=A=====c=A=c==a'
 'A===A===a====E===d======A===b=a'
 'A=A=a===C===a==A==a==C===aA==c=A=c====a'
 'A=======E===aA==b==A==a=B==e=========a'
 'A=A=a==D==a=B======b=A=b===B==d===Aa=a'
 'A==C======a==A===aA====a==B====a===B==d===Aa=A==b=a'
 'A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a'
 'A===C===a==A=a====B==c=====D==d=====D==e=====A==a=a'
 'A==C=aB===a==B==a=A==b===A==b=A==a===A=a=A===b===C==a==AaA==b==B=====b==A==b=A==b==Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 29, 20, A==
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B======a==A==a===A==a=A=a=A==b=====B===a==C===c==A==aA=b==A===b==a, 40, 29, 20, A===
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A==b=====Aa==C====d======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 28, 20, A==
```

```
A==B==aA==a=A==a====B===a==B====a==A======c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 30, 20, A===
A===B======a==A====a=A=a==B=====a====A==b=====B====b=======C===a==B===c===B===b==A====c==a, 152, 30, 20, A===
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1012

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1522

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1060

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1247

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 958

Iteration 6
Found empty cluster
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1399

Iteration 7
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1389

Iteration 8
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1078

Iteration 9
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1570

Iteration 10
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 937
Final centroids: ['A=A==a====D======b=====C==e====a', 'A=A=a=A===a=A==a=A========C=====a==A==b===Aa==C===d====
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A==b=a, 143, 10, 35, A=A=aA=a==E==e========A=a=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 7, 35, A=A=aA=a==E==e========A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 7, 35, A=A=aA=a==E==e========A=a=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 8, 35, A=A=aA=a==E==e========A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 9, 35, A=A=aA=a==E==e========A=a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 929

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1141

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 945

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1274

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 921

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1226

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 940

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1346

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 977

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1338
Final centroids: ['A===B==a==A=a==B=====a==B==a==B==b===B===d==A=b=====a'
 'A==A==a==E==e======A=a==A=a=a'
 'A=Aa====C===a==A==b====C==a=B==aA=e=======A=a=a'
 'A==A=a==B===a===A==b======C=a=C===d==Ab===A====a==a'
 'A=A=a===B====a==A==a===D===b==A=c===A==b==a'
 'A=A=a=B=a==D==d=======C===d=======a'
 'A=Aa===B===a===B==a====C====b===A==c==A=b====a'
 'A==A====a=====E==d==A==b========a'
 'A=A=a===C==a=A=a===B==c========D=a=A===d===A===b=a'
 'AA=a======E===e====A=a=a'
 'A=Aa====C=a=C==b=A=a==B==b=====B===a==A=a=A===b===A======d==Aa==a'
 'A==A==a===C===b=A=a===B===a==C==aA==b===A===b====Aa==C==a=A==e=====A==a==a'
 'A===D===b==A=a=====C==e======E===e=====E===d====A==b====a'
 'A=C===a==C===d==A=a====a=a'
 'A=A=a==B==a===A==b=======E===e==========A==aa'
 'A=A===a===B=====a======A=a===D====c===A==b==========C=======d=====A=a=a'
```

```
 'A==C==a=B=====c======Ba=B===a=Aa=A====c====D=============e===a'
 'A=A=a===C====b====B==a==C==b==A=a==A===b==Aa=B==aA==bA=c==A=a==a'
 'A==A====a=====E==c===A=aA==c=====a'
 'A===C====b========B====c====E===d===D====e==A===a===a'
 'B=a=====A=a==A=a==A==a=====C====a==C==d==A=b====a'
 'A=======E====e======a'
 'A=A==a==A=a==A==a==A==a===A==a=A==a=Aa==A====a====B===a==A===a==D===d==A=a==A==a=A=b==a'
 'A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a'
 'A=Aa===E=====a==Aa====A==b=====B===a==Aa=A====a===A==a=A====e=a'
 'A==Aa====D===b=A=aA======a==C=========d===A=a==A===b==Ab'
 'A=D=====a==A==c====D=====b=A======d===A=a=a'
 'A=A=a===C===a==A==c==========E====e=====A==a=A===a=a'
 'A=B=a==D====c=====C=======e====a' 'A======E==a=A=aA====c=======A===c==a'
 'A======B==a=A==a==A====b======Ba==D===d====A==b=====a'
 'A=A======A==a===D==d===A==aA==b=====a'
 'A=A===a=A=a====E==c=A=a===A==c===A=a=a'
 'AA=a===B=a=B==b======D===c=A=c====a'
 'B=Aa==B==a==B=a=B===c=A=a==A==a=A=b=b'
 'A=A=a==B===a====D==e====C===c=====C==b===A==b======a'
 'A=A==a=A=aAa===E==e==A==a==A=a====a'
 'A=======C===b===A=a===A=====a====D======bA===c====Aa=A====b=====a'
 'A=A=a=A=a===B===a==Aa==B=========a===A==a==A=a====C====b=====B===a=A====c===B===a==A===d===a'
 'BA=a=A=a==D===e===Aa=A==a===a' 'A=A==a==E===d====A==a=A==b=a'
 'A==B=a=A==a=======C=a=B===a==A==a==A======d==Ab=A=a==a'
 'A==C===a==B=b=A=a===C==aA==e=====a' 'A==A=a====E===d====A====b==a'
 'A=Aa===B==a==B=a==B==b===A=a==C===e===A=a=a'
 'A=Aa====E===b==A===aAa=A=a====B==a=A=a=a==A===c===A=a==A==c==Aa=a'
 'A=B=====a==Aa=A=a==B==a==B=======a==A===c=========C==a====B======a=A====b==A====b===A====c==a'
 'A==B==aA=a=A=======a=====D====e=======a' 'B=A=a===Ba=C===c=====C==e====a'
 'A=AaA==a====C=aB===d===B=====b====A==a======D=====c==D===e====A==a=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 15, 35, A=A=a==B==a===A==b======E===e=========A==aa
A===B=a=A===a===C==a=B=d===B===a==A==c===Aa=a, 18, 15, 129, A===B==a=A=a==B=====a=B==a==B==b===B===d==A=b=
A=A=a==A==a====C=b===D==d===B==a===A==c===Aa=a, 20, 12, 35, A=A=a==B==a===A==b======E===e=========A==aa
A=A==a=A==a==C==a=C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 11, 178, A=A=a===B=====a==A==a==D===b==A=c===A==b==a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a==A==c===Aa=a, 58, 13, 35, A=A=a==B==a===A==b======E===e=========A==aa
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 917

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1266

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 962

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1160
```

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 940

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1211

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 899

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1233

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 936

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1322
Final centroids: ['A======E=====c===B==c==C==c=====B===a====A=a=A==b======C====c=A=b=a'
 'A=Aa==E==d==A===b==A==a=a'
 'A=A=a====C==a=B=a=B====b=A=b===B==d===A=a===a'
 'A=Aa====C===a===A==c======C=aC=====c==Ac=======A===a=a'
 'A=A==A==a==C==b=Aa=====C=====e======a'
 'A=======D===b===A===a===A==a==C===aA==a=A==c=======B==d=======a'
 'A=A=====A===b=======D=aB==c======B===b===A==a=A==c===A==a=a'
 'A==B===a==B==a=A==b===A==a=A=a==AaA=a=====C==a=Aa===B===a=A==c=A=c=====a'
 'A=C==a=B=a=B==d=====A==aA=b=a'
 'A=A==a===C======b======A==a===B===b==D==c====A====b=======C==a=A====c==A=b====a'
 'B=D======b====A=c=======D====c==C===e======Aa=a'
 'AA=a===E==e====A===a==a' 'A==AaB=a=B=====b======D====e=======a'
 'A====D===b==A=a====A==c====E===e====D===d===A==a=A=a=a'
 'A======C===a==B==a==B===a==A===d==A=b===a'
 'A=A==a===D==a=B=a=A==b=A=b===C===e===Aa=a'
 'A======D===a====B=====c====A====c==a'
 'A=B==a==C====b=B===bAb====D==a=A==d===A===b==a'
 'A=Aa=A=a==E===e===A=a=A==aa'
 'A==B==a=A==a===B==b===C==a=B===c==A=b===Aa=A==b===a'
 'A=======C==a=A==b=====Ba=C======e====A=a=Aa=a'
 'A=A==a===E==d=====A=a=A==b=a' 'A==B==a===D======c====A=======c===a'
 'A=B=aB==a==A==a==A==a==Aa==B=aA===a=====B==d===A=b=A=a=a'
 'AA==a===B===a==D=====d=======A==b==A=a=a'
 'A==B=a==C==a===B=a=A===b===Aa==A=====c=b'
 'A=B=aA==a==A==a=======B=a===C=====c===B===c=A=b===A=a=a'
 'A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a'
 'A==Aa====D=====a=====B===e=======A=aA==a==a'
 'A==A=a===C===b==B==a==A=a=======C====a===A===c==A=a==A==c==A=a==a'
 'A=Aa======E==e========a'
 'A=B==a==C====b=Aa====B===a====B===c====A==b===Aa==D=a=A====e=====A=aa'
 'A=A=====a===B=a=A==b===A==a==A==a===A===a====D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
 'A=====C==a=A==a===B===c====D==c===C===c==A==bA==b==a'
 'A======E====a====A===c===A=======c==a'
 'A==A==a====B===b========A===a====E======e======Aa=======A=a==B===b===A==a==a'
 'A==A==a====E==d===A=a==A==b=a' 'B=A=a=A=a==B====a=====C==b=A==c=A=a=b'
 'A=A=a==A=a====A==a==E===b==A=c==A==b==a'
 'A=A=a==B=a==AaA==b==D===c====B==a===C==c==A==c=a'
```

```
'A==B=a=B===c========C==a=B=====a====A===a==B====aA==d======A==b=a'
'A======E==b==A==a=A==d=====A=a=A==a=a'
'A=B=aA==a=Aa==D==c==C====b==A===a=A==c====A=a=b' 'A=Aa===E===e====Aa=a'
'A=B==a=B==b===B===c========E====d=====B===aA==c===A=aa'
'A====A==aA=a===E===d===A==a=A===b===a'
'A=B=a=B===b==B==c=======E===b==B====e=======a'
'A=Aa===B====a==A===b======C=a=C====c=A=c=======A==a=a'
'A=A===a==A=====B====a====A===a=A==a==A=a=A=a=====C==b=Ab===C====e======A=a======a'
'A=A==a===E====e=======a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 6, 137, AA=a===E==e====A===a===a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 9, 33, A=A==a===E====e=======a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 6, 43, A=Aa==E==d==A===b==A==a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 5, 105, A=A==a===E==d=====A=a=A==b=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 5, 160, A=Aa=A=a==E===e===A=a=A==aa
Accuracy: 0.01818181818181818

+++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 866

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1222

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 862

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1119

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 841

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1246

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 912

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1183

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 873

Iteration 10

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1320
Final centroids: ['A=A=a==C===b=====C===a=B===b=A=a=A==b===B====b==A==c====A=aa'
  'A=A====a===E===e=====Aa=A===a=a'
  'A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b==A=b=a'
  'A=B==a=A=a====C=a=A===c====A==a==A=a=A=a==A=a====D==a=A==a===A===a====b==A==c==Aa=a'
  'A=B=a==A==a===D==d===B===c====A=====a===A==a==A=a=a'
  'A=Aa=Aa==B==a=======D===d====B======a==B===c====B===a=A=====bAa==A==b=a'
  'B=a=====E====e===Aa==a'
  'A=B==a===C====b=======A==a==B==a=B==c====A===b======B==a=A=====c===A==a=a'
  'AA=a====E=====e========a' 'A=A=a=A==a===E===d====A==b==A=a===a'
  'A======D===b=======B===c======D==c===C===c==A=aA==c===a'
  'A=D==aB====b==A==c=====D==a===A====e====Aa=a'
  'A==AaA=a==A=a==A=a===C====b=A=a===B=a=A====c=======B=a==D==e====A==a===A==a=a'
  'A=Aa======E===e=====A=a==a' 'A======E==c===A=b===A=b=a'
  'AA=====B====a===B==d=====B=a=D===e=========A====a=a'
  'A=A=a======E=e=====A==a=a'
  'A=A==a==A==a======D==aB=b=====A===a==A==a=A==c===A===b==a'
  'A=A=a===B==b=========E=====c=======A==a==B===b==A===c===A==a=a'
  'A===B===a==A=a===B==c====E===e====E==e=====A====a=a'
  'A=B==a==A==a===D===c===A====c===A=a==a'
  'A==C==aA==a=A=a==B==a===B==a==A==a===A===d===A=b=Aa=a'
  'A=A=a==D===b===B=a==B===d===A==a=A==b=a' 'C=B=a=B=a=A==b==A=b==Aac'
  'A=B==a==B=a=C====b====A=====d=a' 'A========E===e======A=a=a'
  'A======E====e==Aa==A=a=a' 'A==C====A=a=A=a=B=====c=====A===c==a'
  'A=====D===c==Aa==A==a=A==b====E===e====D===d==Aa=A==a==a'
  'A=A=aA=a===B==a=B==b===B=====b======A=a====D===b=Aa==B===c==A==b=A==b===a'
  'A==A========a===E==e===A==a=A==a=a'
  'A==C===a=======B==a=A===b===A==aA==a=A=a=A===a===C===b=A=b====B====b==A==b=A==b==Aa=a'
  'A=======D===a==A==c===D======bA==d======A=a==a'
  'A====C==a=B===b======C====e======a'
  'A=Aa==C==a====C===b=A=b==A==c==A==a=a' 'BA=a==D===d==A==b=A==a=a'
  'A=A=a===A=a===E===e===A=a=Aa=a'
  'A==B==a==B===a===C===b=A==a==A==c==A==b=a'
  'A=======E==b=======B===d=====A==aA=b=a'
  'A===C=====b======C==a=B==a=Aaa=A==b==B====b=A==c===A=a=a'
  'A=B=a==D==d===A====a=A=a=b' 'A=B==a==B=a==C====c====B===d====a'
  'A=Aa==B=a=C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a'
  'A==A=a==A=a==A=a===C======b===C==c==Aa=A==a==B==b=====B==a==C==d==A===b===A====a=a'
  'A==C==a===C==c===C==d===C======a=B=======e====A=a=a'
  'A=A===a===B==a=A==a===B===b====A===a=====D=====a=A====aA==d====A===b=a'
  'A==B==a=A=a=A===a===C==b===B==c======D====d======B=a=C==d===A==a===A==b==a'
  'B=a==B==a=Aa==D===d======C===d=======a'
  'A=B=a==B===a==A==c=======D===c=====D==c=A=c====A=aa'
  'A===D=====a=A===a=====B==========a==A====b=A==d====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 10, 148, A=B==a===B=a=C===b====A=====d==a
A=B=a=A=a===D==d=====A===b===a, 12, 9, 148, A=B==a===B=a=C====b====A=====d==a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 9, 148, A=B==a===B=a=C====b====A=====d==a
A===B===a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 8, 64, A=A=a=====E==e=====A==a=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 10, 180, A=A====a===E===e=====Aa=A===a=a
Accuracy: 0.01818181818181818


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1003

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1378

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1111

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1197

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 941

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1339

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1073

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1224

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 869

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1472
Final centroids: ['A=A==a===B==a===A==a===D===a==A===c=A=c====a'
 'A=D===b====C==c==A=a==A==b==b'
 'BA==a==B===b=====B=a==C==b==A===aA==b=====C=========d==Ab==a'
 'A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=a'
 'A=B==a=B=====c=======B==a==C===a===A==aA=b=======C==aA=====d==A=b=a'
 'A=A==a==A=a==Aa=A==a==C=====b=A=a===B==a=B=====c====B==a==C==d===A==a===A==b==a'
 'A====Ba==B===a=Aa==A==c==========E=====e======A==a=a'
 'A==E======a==A==b======B===b===A=====d===A=a=a'
 'B=D===a===A==b==A=a=A===d=a'
 'A=A==a=A=a===B==a===A===a=====B===a======C===d==A==b====a'
 'A====E==b==A===b==Aa==A==bA=b=a'  'A====A==a=====E==d===B==c=======a'
 'A=A==aA==a==A=a====D======aAa=A===b====A=a==C===d=====B====a==B==c===A===b===A==a=a'
 'A=A=a===C===aA=====a==B===a=====B=a==A=====c====A==a==A==c=a'
 'A=A===a===E==e=====A=a==A=aa'  'AA==a===B==a=A==a====D===aA==d===A=b===a'
 'A=====C====a==A=a==A=a=A=b======D===d=====C====c===A==aA==b=a'
 'A=A===a==A=a=====A=a===B====b===A==a=====Aa===E===e=======B===a=C===d====A==a===A===a=a'
 'A=Aa==D==a=B==e===A=a=a'
 'A=A==a===A======A=a====C===b===A==b====A==a===D===e=====A=a===C===c===A===a===A====a=a'
 'A==B===a=A=a=Aa==A====b=====E==d=====C==d=====A===a==a'
 'A==C==a=B==c===B===a==B====c=====D===e=======Aaa'
 'A==D====a==B==c=====A===c===a'  'A===D==a==B====c===A===c====a'
 'AA=a====E==e===A==a==A==a=a'  'B=Aa=B==a==C==c=======B======d===A=a=a'
```

```
 'A=B==a==A=a====D===c====C====e===a'
 'A====C===a====A=a==A==a=B===aA=a===A==b=====B=a==A====b====B====a==B===c===B==b===A====c==a'
 'A=B==a=B=a=C==aA==a==A===d=A=b=a'  'A=B=a===B=a=C===c=====B===d===a'
 'AA==a=====E===d=====a=a'
 'A=Aa=A=a=A==a======B==a==C==b======B====b====C==c==A==aA==aA=c==a'
 'A=B=====a==D==d======A==b==a'
 'A=B==a==A==a==A====a=B==b==Aa==A==a==A=a======A====a===C==a====A==b====C====c==A=a==A===c==A=a=a'
 'A==B==a==B===b=======C==a==B=c=====B===b==B==b==A==bAb===A==a=a'
 'A===A==a===A==a======E====a==A===d======C======d========B=a==D====d==B===b===A===b===a'
 'A===B=a==C=====c====B==a=A=a=A=a=A==a=A==a====C========e===Aa=a'
 'A====C===b=======A===b=Aa===E==d====D==e=====AaA==a=a'
 'A=B==a===D===c=======B==a===B======c===A==a=A==b======B====a==A=b=Ab===A===a=a'
 'Ba==A==a==A====a======B=====a==B==a=A==a==C===c==B===b==A===c=====A==a=a'
 'A=Aa=Aa=A=a=====C==b===D==d======A==a===B===c===A=a=a'
 'B=D====a==A==d=======A===b==a'
 'A====C===a==A==a==A=====b====D====d====D====d===A==b==Aa=a'
 'A=A=a====C==a=A=====a==C==c=====B==a=A=a=B==d====A==a=A====b==a'
 'A====C==b====A==a====C====d======D=d======E====d===A==b====a'
 'A=A=a===C==a=Aa====A==c======E======e===A===a=a'
 'A===A==a===========E===b===A==b====B==a=B===c=====B==a==B==c===A==b===A===b=a'
 'AA=a=====E===e=====Aa=a'  'A==C==a=A=a==A==b====D====b===B==bA=d======a'
 'A=Aa==D==b==A=a==B=====c=====D===d===D==c==A==c==A=a===a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b=A====a=A=a==B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa=a, 158, 27, 37, A=B==a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 27, 137, A=A==a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 27, 137, A=A==a=
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A==a==A=a=A=a====C==a==A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 22, 165, A=A==a=
A==A===a==A==a==B=a=B==b==B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 26, 37, A=B==a==
Accuracy: 0.013636363636363636

++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1014

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1296

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1046

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1285

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 963

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1204

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 984

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1205

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 925

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1272
Final centroids: ['A=C==a===C===d=====A===b=a'
 'A=A=a=A=a==A=====A==a===A==a=A===a====A=a==D==e=======A==a==B===b==A==a====A===aa'
 'A==B====a===B=====aA=a====B===b===C==d===Ab====a'
 'A=A==a==A==a=======D=a=B==c====A==b==B=======bAb==A==a=a'
 'A==C=====a==B==a==A=aA=a==B===b====B==e========a'
 'A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a'
 'A=Aa==B==a==Ba=C==c==A=b==A===b==A=a=a'
 'A=====C==b===A==a==A=aA==b=====E===e====D===d====A==a==A=a=a'
 'B=====D===d==Aa=Aa=A==b=a'
 'A=A===a==A===a=A=====C=====b====A==b========D=====d=====B===a==C===d===A==b===A=====a=a'
 'A=====C=====a===B===c========D=====c====B==b=A==c======a'
 'A==D==a=A==b==A===a===C====a=A===e========a'
 'AA==a=======E==e=====Aa=a' 'AAa===Ba=D==e=====A=a=a'
 'A=====E===d=A=a===A====a====A=====a===B===b=====Ca=B==e====a'
 'B=B=a===C==d===A==a===A=a=b'
 'A====A==a=========A==a===C====b=A==aAa======AaA=a=B==c=========B==a==D==e====B==b===A=====a=a'
 'A=A=a=A=a==B=a=B==a====B====b===C==e====A=a=a'
 'A=====E==e===A=a=A===a=a'
 'A====C===b====A===a===B==c========E===e=======E===d===A===b===Aa=a'
 'A==E======a===A==b===B====b===B======e====Aa=a'
 'A=B==a==A=======a===A==a======D=d===A===a======C=======c==A==b=a'
 'A=A=a==B==a==A===a=A=a=Aa===D===a=A==aA=c===A==a=A==b=Ab=a'
 'A==E======b=====A==b====C=====b==B=====d==Ab====a'
 'A==Aa===B==a==B=a=C==c===A==b==B==c====A=a=a'
 'A====C===b==A==a==A=a=B==c========E===d===D====d==A==a=A=b==a'
 'A====B==a=====D==c=A==b===D===e======a'
 'A=A=a=B=a=C===c======D==b=A=d====a'
 'A=Aa====D===a====A=a=A===a====B===a====A===c=====B=====d====a'
 'BA=====a===A=a====D====b=A=b===A===b=====a==a'
 'A=A==a==A=a=====E===d=A====b=A=a==a'
 'A==B=a===C==b==C===d=========D==c=====C==b=A=d=====Aa=a'
 'A=B=a=B==a==C=====d=====B==c===a'
 'A=A==a==A=a=A==a==A===a===B=====a=A==b===A=a====E=====e========A==a==C===c===A==a====Aa=A=a=a'
 'A=Aa===B=a=====C===a==B=====e==a'
 'A=Aa==B==a===D==d==B==c=====B==a=A==b=====a'
 'A==B=a=B===b====C===a===A===a==A==a===B==a=A==c==A==c==a'
 'A=A=a===C===b======B==a===C=====c=Aa=A==b=====C==aA===d====A=aa'
 'A=Aa=A==a===B=aA===a=====B====a===C==e========a'
 'A=A==a==B===b=======D===a=A===a===A==a==B===a=A==d===A=b==a'
 'B===B==a=====B==a=B===a=A=d====A==b=a' 'A==C=a==C==c===A==aA===c=a'
 'AA=a===E===c==B=a==A==d=======A==a=A=a=a'
 'A=B==a=B======b==A===b=========E=====e====A====a=a'
 'A=Aa====C===a====B==d========E=====e=====A=a=a'
 'A=A=a=====D==b=====C====d====A===a==A==b=a'
 'BA=a====C=====a==A=a==A==b===B===a===B=====c====A==b===A=a=b'
```

```
  'A=A=a==E=====b=Aa=Aa==B===b===A===a==A=a=A==b====B==b==A==c==a'
  'A=A===a===E==e===A=a===A=a=a'
  'A=A=a====D====c====A===b========E====e======A==aa']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 76, A=B=a=B==a==C====d=====B==c===a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 10, 18, A=A=a=B=a=C===c======D==b=A=d====a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 9, 82, A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a
A=C==a=AaA==a=C==a========A==e===a, 68, 9, 29, A=C==a===C===d=====A===b=a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 10, 82, A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 966

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1349

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 944

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1384

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1092

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1505

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1004

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1357

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1017

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1356
Final centroids: ['A=A=a===B===a==A==a====D==c==A==b==A==b==a'
  'A=B=a===D======d====B===a=B==a=A=a=A====c===D======a=A====c==A==c==a'
  'AA=a==C=aC===e===A=a====a' 'A=A======a===E====d==A=a=A=b===a'
  'A===B=a=A==a====D===b==A====d======a' 'A=B======a==D=e=====A==a===a'
```

```
 'A====A=a==A=====a=Aa====D=====b==A==b=========C==c=========B=a===C==d===A==a==A===b=a'
 'A=====E==e====A=a===A=aa'  'A=A==a=========E===d=======C===d==a'
 'A======D===a====B=====d====Aa===A===b=a'  'AA==a===E==e===A=a===A=aa'
 'A=====C===a===A===a===B==c======D===d=====D===d=====A==b===a'
 'A==A==a=A=a===E===e==A==a=Aa=====a'
 'A==A=a===C===b=======C==a===A==a==Aa==B===b===A===a==A=a=A==b=A=b==b'
 'A=Aa===E===c===B===b===A==a===C==aA==a==A==c===B=a==A==d=====a'
 'A=C====a=A=a==B==a=B===c===A==a==A==b==A=b=a'  'A=Aa===E==d===A==aA==b=a'
 'A====B===A=a=A==a==A==a===A==a==Aa=A==a======C===c======B===b===A===c=======a'
 'A====DaB====bAd======a'  'A=======C===a==C=====c==A==a=C===e===A=a=a'
 'A=B=a===C==aA===c========B==a==B==a=B==c=A==aA==b==A=a==C==a===A===c=====A==b==a'
 'AA=a=Aa====E==e====A=a==A=a=a'  'A=Aa==E===d===A==a=A==a=b'
 'A=A=a==B===a===A==a===D===b==A===c=A==b==a'
 'A=A==a=======E==c=====B===d===a'
 'A=B=a==B==a=A==a===C==c====A==b==A==a=A==b=a'
 'A=====E=====b==A==d=====a'
 'A=====C==a==A=a==A=a=A=a=====C==d====C==c====A=b==Aa=a'
 'A==B=a==Ba=C==d======A===b==a'  'A=A=a===E===e====Aa=a'
 'A=B=a==B=====a=====C=aA===b=======A===a==A===a=A==c====A==b=a'
 'A===D===a===A===aA=a=A==a===A======a===B====b=A==d===a'
 'A==A=a===D===a=A==a=A=====a=====B==a=A==a=A===b==A======c=A=b=a'
 'A==B==a==C==c========D=====e=====a'
 'AAa===B===a====A===a===D==a=A===e====A=a=a'
 'A====E===c===B====c===B=a==C====aA==d====A===b=a'
 'A=A=a===Aa=A==a==Aa=C===b==A=a=A=a==D===d=====B===a=B===c==A==a=====A==b=a'
 'A===A=a===E==e=====A=a=A=a=a'
 'A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e=========a'
 'A=======E===e====Aa=a'  'A=====A=a==E===e===A===a==a'
 'A=A===a======E====c=====A===c=====a'
 'A=A==a====C===b========A==a===C=a=B==d==A=aA==a======B==aA===c=====A===a=a'
 'A====D===b======A====b===C===c===D===d==A==b=====a'
 'A=B==a=Aa=====D===d=======A===b=a'  'A=BaB==a==C==e======A===a=a'
 'A=Aa=====B==a===A==b========E===e=========A=====a=a'
 'A=A=a=A=a=====C===aA==a=====B=====a=B==d==A====b=a'
 'A=A=a==A==a==A=a==B===b=====B===a=AaA=a=A==a=Aa==C===a=A==b===C===b==A=d=======A=a=a'
 'A=C====a=C==d==A=a==A===b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b==B===d======a=a, 7, 12, 166, A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e=========
A=D===a=A==b=A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 122, A=Aa=====B==a===A==b=======E===e========A=====
A=B======a====A==a=B====b====D====e=====Aa=a, 93, 14, 166, A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e========
A==E========b==A==a===B====b===A====d========a, 132, 11, 166, A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e========
A===D==aA==b===B==b======C===c==B===aA=d===Aa=a, 151, 15, 107, A====D===b======A====b===C===c===D===d==A=b==
Accuracy: 0.013636363636363636
```

```
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1321

Iteration 2
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1233

Iteration 3
Found empty cluster

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1539

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1335

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1069

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1425

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1318

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1626

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1195

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1683
Final centroids: ['A=A=a=====E===e====A=a==A=aa' 'A======E===e=======a'
 'A==B===a==C==c=======D==aA=e======a'
 'A=A=a==A====a=======B=a==C==a=====B==c===A===c==Aa==A==a=A=aa'
 'A==B==a==C==b==A=a==B===d=======E===a=A===e===A====a=a'
 'A=B==a==A==b=========E=====a==A==a==A======d=====A=b==a'
 'A=A=a===B=a=====D==d=======B==c===A=a=a'
 'AA==a===B===a====A==a===D==a=A==d===A==b===a'
 'A==A====a==A==aA=a=A=========C===c====A===b===A=a====A====a========A===a===E==e=====A===a=====A====a=a'
 'A=Aa====E===d=======C==b===A===a===C=====b==A===b==A==a==A===c=====a'
 'A=======E==d====A==a==A=c' 'A=A==a==A==a====E===d==A==a=A=b==Aa=a'
 'A==B=a=B==a==A==a===C===b===B===b=A===d======A=aa'
 'A=C==a==A=a==C==c=======C===b===B==e======Aa=a'
 'A=Aa=====E=====a==A=c===C=c=======C==a===A==aA==c======B==aA==d====a'
 'A=Aa==B===a==A=a===A===aA=a====D===e=====D==d====A==a==A=a=a'
 'A=Aa===C==a==BaB==c==A==a==A==c==A=a=a' 'A==E===a==A==b==A=aA===d====a'
 'A=====C==b===A=a======C==d======E==d====D===d=====A=a=A=a=b'
 'A=B==a===D====d=======C==a=B==a=A=aA=====d=======D===aA====c==A==c==a'
 'A=B=a=B=a==B=a=B==b===A=a==A===d===A=a=a'
 'A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a' 'A=B==a===C=a=B===b==A=a=A===d==a'
 'A=Aa=====E===e===A=a=a'
 'A=B==a==A=a=B===a=Aa==B======a===B====d===A==b=a'
 'A=A==a==A===a=======E==aA==c====B==a==A==a=A===d====A==a=a'
 'A===A==a==Aa===B==a===C=====a=A===c=======D====d=====Aa===C====b==A===b===A===b=a'
 'AA==a===B==a====B=a==C===a==A==c=A==c==a'
 'AA=a========E==e==A=a==A==a=a'
 'A=Aa==B=a=A=a==D====b==A=a===A==d===A=a=a'
 'A=Aa=Aa=B==b===E==e======E===d====C==d========a'
 'AA==a==B=a=D==e=======a'
 'A==Ba=D=====a===A==a==A==aA=a=A==c===A==c===a'
 'A=A=a===C==a=====C===d=====A=a==A=a=b'
```

```
'A==B=aA=====a==A==a===D==d======A===a=A==b======Aa=a'
'A=======E===c===A==a=A======a====C==a=A==b===A==c===A==a==A==b====a'
'AA=a=====D==c==A===a====D===b==A==d===A==a==a'
'A==B===a=Aa===C====b===C===c=====B===b===A==c====A=a=a'
'A====D===b==A==a=====B===d======E===e====E===d==A===b====a'
'A=C==a=B=a=B====b====B====e==a'
'A==A=====a===A==a==A=a==C====b==A=b========C=====c========C==a==C==e=====C===c====A===a=a'
'A=A=a=A====a=A==a===B==a=B==b=====B==b===A==a===D==d======B=a==Aa=C===d====B===b==A=aA==b=a'
'A===E===a=AaA==a==A====e===a' 'A========E==e======A==a=a'
'A===B=====a===B=a=B===c===A===a=Aa===A=a=A===a===D======b=B===a=A==c=Ac========a'
'A=A=a===C===c========E=====c====Aa=A===b===B====aA=c=====Aa==a'
'AA=a======C==a=C==e==A=a====B======b==A==a====A==aA==a===a'
'A==B=a==D===b==A=a=A===c===Aa=A==a=A==b=a'
'A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a'
'A=C==a=A===a=A===c=======E==c===B===c=Ab===A=a=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A====b=a, 60, 9, 61, A==B===a==C==c=======D==aA=e======a
BA=a===C==a==A=a==B==d==A=a====A=b=a, 65, 11, 145, A=A=a===C==a=====C===d=====A=a==A=a=b
AA=a===E==c===C=====e========A===a=a, 90, 10, 18, A=A=a===B=a=====D==d======B==c===A=a=a
A=====D====a=====B====d====A=====b==a, 107, 11, 61, A==B===a==C==c=======D==aA=e======a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 10, 18, A=A=a===B=a=====D==d======B==c===A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909

+++

Average accuracy: 0.01181818181818182
+++

k = 60

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1284

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1376

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1262

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1337

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1217

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1308

Iteration 7

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1205


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1489


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1400


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1431
Final centroids: ['A=B===a=A=a==B===a=A====aAa===A=====a===C==c===A=b=A=b=a'
 'A=E=====a==A==d===A=aA==b==a'
 'A====E===c===B====c===B=a==C====aA==d====A===b=a'
 'A=A=a====E=d==A=a===A=ab'
 'A=B==a=A=a=C===b==B=b====C=b=A=c=A=b==a'
 'A=====B====a=A===b=======E===e=======A=a=A==a=a'
 'A===C=====a==A====a===A==a====C==b=====B===c==A===c==a'
 'A===B=a=A==a==D======c==AbA=b==Aa==a' 'A==E====b=A==c===A=a=A===b==a'
 'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B====d====A==a=A==b=a'
 'A====C===b=====A===a===B==c=======E===e======E===d===A===b===Aa=a'
 'A=A=a==C===a===Ba=B===d====A=====b=a'
 'A=D==a=A==b==A==a====B====a===B==e======Aa==a'
 'A=====B=a==B===a==A==a=Aa===A===a===C==a=A=a=A==c=====Aa=A==c==A=a===a'
 'A=A==a====C==b=A=b====B=====a==C====a==A==a=A=aA==b===Aa==C==a=A======e====A=a=a'
 'A=====C==a===A==a===C====aA=======e==a'
 'A===A=a===C==b=====B==c===========E=======e====A===a=a'
 'A=A==aA=a===B=a==B==a===B===b===C==d==Ab==Aa=a'
 'A=====B=a=B==a===A==a===B==b====B==a==A==a==B==c====A=====b=Aa=b'
 'A=A==a=A==a======BaB=====a=A==a====B=a=A==c==========D==d==A===a==A==b=a'
 'B=a==B=a=D==c====A====b==Aa===A===b==a'
 'A=A====a===Aa=A=a=A=a===C===b==A=b=======E==e======A====a===C==c===A===a===A====a=a'
 'A=====E===d=A=a===A====a====A====a===B===b=====Ca=B==e====a'
 'A==C==a==C===e===A=a=A==a==a'
 'A====B===a===A=a===B===c======E===e=====E===d===A==b====a'
 'A===A=a==D====c====A==b=====Aa===E======e======A=a===a'
 'A==B=====a=A=a=C==a==B==d====B===b=A=b==A==a=A=a==Aa==D===a=A==c====C===bA=a=A==aA==c=======a'
 'A=B=a=C==b===A==a==C==e======A=a=A=a=a'
 'A=A=a=====E=====a=A==d===B==b=====B===a==B=a=B=d=====B=====c===A=a=a'
 'A===A=====a==A==a=A==a=A====a==A==a=Aa===E==e===A==a==a'
 'A====A====a====A=a====Aa===C===b===A===b========E====e======A=a====C===c===A===a===A====a=a'
 'A====E===b==A=a=A==aA==c====D===d====D====c==A==c====a'
 'A=A=a===C=====a=====A===c========E========e===A=aA=a=a'
 'A=A=a=====E====b====B===b===B===a==A======c===B====d=====a'
 'A==A===a==A==a=======D====b===A==b=====B=a=B=====c=====B==a==C==d===A==a==A===b==a'
 'AAa==B==a===A===a====D==a=A==e========a' 'A==A=a====E===e=======A==a=a'
 'A=AaA=a==C==c=A=a===E=====e=====a' 'A=A====D==e===A====a=A=a=a'
 'A=B=a=A==a==A==a=A=a====B=a=B====a=B===e====A=a=a'
 'A=B==a=Aa===A===a====D==a=A==d==Aa=A=b=a'
 'A===D=====a=A====b===C=====e=====a'
 'A====C===a==A==a===AaA==b======D===d======C==c===A===b==Aa==a'
 'A=A==a====B=a===D===b==A=a=A==d==A=a=a'
 'A=======D===a==A==c====D======bA==d======A=a==a'
 'A==C==a==B==a=B====b====B===e===a'
 'A=A=a=A==a===B==aAa=======D===c===C===e====A=a=a'
 'A==B=a==B=a==A==a===C===c===A===a==A===c==A=a=a'
 'A=A=a=Aa======E==d====A==b=A==a=a'
```

```
'A=A=a=A==a=A====a====A==a===C===b===A==b===Aa==A=a==C==c=======B===a===D==e=====A==a===A====a=a'
'A====C=====a=======C==d=====C==b===C==d===A=====b=a'
'A==C===a==B==a==A=b===B=====a==B=====e====A=a=a'
'A==C==a=B==c===B===a==B====c=====D===e=======Aaa'
'A=A=a=====B=a=Ba==C==b==Ab===B===d===A=a==a'
'A==C=a==C==c===A==aA===c=a'  'B=a==B==a=Aa==D===d======C===d=======a'
'A==A==a=Aa=====E==d===Aa==A=a===a=a'
'AA=a====E===b==Aa==B===d===A==a==A=b=a'
'A====E======b=====B=====a=A==a==A====a===A====a=========d===a'
'A=======E====d==Aa===D===a=A===b===A==a===A===a==A==c==Aa=A=b==a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
B=A==a===D=====d=======A==a====D==c=====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 23, 13, A=A==a====C==b=
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 24, 141, A=A==a=A==a==
A=B==a===C======c======B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d=A==b=a, 60, 24, 141, A=A==a=A==a====
A=A==a====C====c=======A==a===E====c=====A===b=======C===a==A===d=====A==a==a, 46, 24, 13, A=A==a====C==b=A
A===B==a==C=======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b==a, 52, 24, 79, A==A===a=A==a===
```
Accuracy: 0.013636363636363636

++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1307

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1712

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1282

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1396

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1055

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1607

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1268

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1578

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1153

```
Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1649
Final centroids: ['BA=a==D==e===A==a==A=aa' 'AAa===Ba=D==e======A=a-a'
 'A==A=a===E===d===A=a=A=a=b'
 'A====Ba==B===a=Aa==A==c=========E=====e======A==a-a'
 'A==A=======a==A==a==C==c======B==b=A==a==A==a==A==a===B===a=A===b===E====c==A==c==A==a==A=a-a'
 'A===D=a==B==d===A=====b=a' 'AA==a======E===e====A==a-a'
 'B=A=a=A==a==Aa==B==a=A===a====C===c====C==d===A====b==a'
 'A======C==a===C=d======B==a=C==b=A=d=======Aa=a'
 'A====A==a=========A==a===C====b==A==aAa======AaA=a=B==c=========B==a=D==e====B==b===A=====a-a'
 'A=A==a=A====A==a====B==a=B===a===B===e========a'
 'A====D===a=A==a=Aa==A=b======C====c===C=====d=Aa==A==b==a'
 'A=B==a===C=====a=====B===d======A==a==A==b=a'
 'A====B=a==D====d====Aa=A===b=a'
 'A=B=a===D===c=======B==a===B=====c===A==a=A==b======B====a==A=b=Ab===A===a-a'
 'A=B==a===D===d======A==a===C==aA=aA=b=A===c=======C=a=A===c===A===a==a'
 'A=B=a==B===b======BaB=a=B==c==A=a==B==b==A==a=A==c==Aa==Aa=a'
 'A=A=a==Ba=C===b====B===c========D===a=A===e===A=====a-a'
 'A===B=a===B===a==A===a=A==a=====C===a=A=b==A===c==A=a=A===b===A==aa'
 'A====B=====a=B==b===D===d=====A==a=A==b======a'
 'A=B==a==B=a=C====c=====C==e====a'
 'A=A==a==C=====aA==b======D==c==Ac==Aa==a' 'AA=a===E=d====A===b====a'
 'A=A==a=A=a=Aa========D===b===A==b====B==a==A==b====B==a=C===e=========A==a-a'
 'A==A=a==A===a=E===b=A===c=Ab====a' 'B=D=====d===A==a===A=a=b'
 'A==Aa===E=====e====Aa==a'
 'A=B====a=B===a=B===b=A==a====C=a=A=a=A===d==A==a=A===b=====a'
 'A==A==a=A==a===A==a===A==a=A=a=B==a=A=a=A==a==A==a====B==a===A==a===C=====d==A==a=A==b==A=a-a'
 'AA==a=====E===d======a-a'
 'A=Aa=====E======a==A=c===C=c=======C==a===A==aA==c======B==aA==d====a'
 'A===A=a===A=a====C======a=A==b=====A=a====D==e=======A==a=B===b=A===a===A=a-a'
 'A=B=a==B=a===B==a==B==c====B===a=A===c===A=b=a'
 'A======C===a=A===b====D========e======A====a==a'
 'A=A=a=A===a====E==d=A=====b====a' 'A==D====a=B===d==A===b=====a'
 'A====C===b=A=a====B===c=====D===c===D===d==A=b=A=a-a'
 'A=A=a=====E===e====A=a-a'
 'A=B==a=A==a===A==b======E===c====B====d====A=aa'
 'A==A=======A==a=A=a=====D===c=A==c======C===b=Ab=======A=a==E==e====A==a====A===a==a'
 'A====C==a===A==a====C===b==A==c=A==b==a'
 'A====C==b===A==a==D=e=====C===c===C==b==A=b======a'
 'A=A=a====C==a=B=a=B===b=A=b======B==d===A=a===a'
 'A====D===b==A=a====A==c====E====e====D===d===A==a=A=a-a'
 'A=A==a==A=a=A==a==A====a===B=====a=A==b===A=a====E=====e=======A==a==C===c===A==a====Aa=A=a-a'
 'A==B===a==A==b========C===a==C=a=A=b==A=b====B==a=A==c=====A==b==a'
 'A=====B==a==B==c=========E===e=======AaA==a-a'
 'A=B==a==C==a=A==a=A===d=======E==aA==e===A===a-a'
 'A=A=a==B=a==A==b====D==aB====e========A==a-a'
 'A==A=a==C=====a=A====c========E====e====A==a-a'
 'AA=a===B===a===A=====a==D===a=A==d===A=b===a'
 'A====E====c====Aa=A==b====A===aA==b=a'
 'A=Aa===C==a===A==a===C==========d===A=b==a'
 'A=A==a==B===b========C==a==C===d====B===b===A=====a==A=b==A==a=A=a-a'
 'A=C=======a==C====c===C=====e===a'
 'A==C=====a=A======a===C===c====A===a==A==c====A=a-a'
 'A==A==a===E==e=====A==a=A=aa' 'A=A=a======E===e=========a'
 'A=A=a==A=a=====E==e=A=a==Aa=A=a-a'
 'Ba=A=a==A=a=A=a=A=a==A==a===B=====a==A==a==A=a====D==e============A==a===D==d====B==b====A===a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 27, 69, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=======a==A==a====A==a-A=a-A==b======B===a==C===c==A==aA==b==A===b==a, 40, 27, 90, A==A
```

```
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 23, 130, A=
A==B==aA==a=A==a===B===a=B=====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 25, 130, A=A
A===B======a=A====a=A=a===B=====a====A==b=====B====b=======C===a==B==c===B===b==A====c==a, 152, 25, 90, A==A
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1046

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1536

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1032

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1371

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 954

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1528

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1000

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1616

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1002

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1518
Final centroids: ['A======D==b====B==a=B==d=====A=a==A==a=b' 'A==A=a===E====e======A===a=a'
 'A=======E==c==A===b==A==b=a' 'AA=a=Aa===E==e========A==a=a'
 'BA=a===C===a======B===d==A=a====A==ab'
 'A=Aa==D==b==A=a===B=====c=====D===d====D==c==A==c==A=a===a'
 'A=====D===c===Aa===A==a=A=a======D===e=====D===d===A===a==A=a=a'
 'A==B==a=A==a===B==b===D===d====C==b==A===c==A=a==a'
 'A=B==a=B=====c=======B==a==C===a===A==aA=b======C==aA=====d==A=b=a'
 'A=B=aB==a=AaA==a=======C=====d==A=b=a'
 'AA=a===E===c===B=a==A==d=======A==a=A=a=a'
 'A==E====b===A==b=====A===c===a'
```

```
 'A=====Ba==C===a==A===d======E=====e===A==a==a'
 'AA=a=====E==e==A=a===A=a=a'
 'A=A==aA==a===B==aA===a=Aa===B===b====D==e===A=a=Aa=a'
 'A====E======b===B===a===A===a==A===a===A===a=A========e===a'
 'A=A=a==Aa==D==a=A=b==C==c=====B==a=A=a==A==c=====A====b=A=a=a'
 'A=A==a=Aa=A=a======A==a=====C==b====B===b=======A=a==B===b=======A==a===D====e===A===a=====A===a==a'
 'A=D==a=A===b==A===b=====D=====a=A=====e===Aa=a'
 'A=B=a===D======d====B===a=B==a==A=a=A===c==D======a=A====c=A==c==a'
 'AA=a===C===b======A=a===D===c===A=a=A=a=====B==a=A====c===A==b=a'
 'A====A=a==B====b======E==e===A=a==a'
 'A===B===a==Aa====C=====d===D===c==D===d==A==b====a'
 'B=a===B=a=D==e=========E=====d=====aa'
 'A=========E===c==A==a=Aa==A=a====C===a=A==a=A====c===A==aA====c==Aa=a'
 'A====D===b===A=a==A=====a===C===c=====C===c====A=c====a'
 'A=B=====a====Aa=A=a====Aa==C=====a==B===e======Aa==a'
 'A=A=aA==a===E===d====A=a=A===b=a'  'A=A=a===E===e====Aa=a'
 'A=B=a=A==a==B=a=A===b==B==a=A=a=====A==a==B======b====C==c===A=b==A=b=Aa=a'
 'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A==b===A=a==B==c=A=a=a'
 'A===B==aA=a====B==a=B===aA=a=A==b===A==a=C===d======B===a==C==d===C==c===A====b==a'
 'A====E===b==A=a====A=====c==D====d===D===b==A==d=====a'
 'B=B=a====C===d========A==a===C==c==A===aA==b=======C==a=B====c=A==b=a'
 'B=B==aa=A==a=D===bA=b==B===b=Ab=b'
 'A=B==a==B=a===A==a==C=====c===A===b==A==b===A=a=a'
 'A=A=a====D=====a==A=a==A===a===B===a===A====c===A===a=A==c==a'
 'A=A=a==A===a===E===b===A===d========a'  'A=A==a===E==e===A==a====a'
 'A=====D===c=A=a=A===C=d======D==d=====D===d====A==b=Aa=a'
 'A=A==a====D======b=====C==e====a'
 'A==D====a=A===b===B==c=======D===c====C===b=A==d===A=a=a'
 'A=A=aA==a======E===d======B==c====a'
 'A=B==a====B=a=C====c=====C=====e==a'
 'A=A=a=A=====a==A=a=A==a====B====b===A==a==A=a=====C===b=======A=a===D==d====A==b===A===a=a'
 'A====C==b==A=a=====C==d=======E==e====E==e=====A==a===a'
 'A=A=a===B===b========C==a=C===b=====A==b====A====a=A==b===A==b=a'
 'A==C=====a==B===b======C==b=A=d==A=a=a'
 'A=Aa=Aa=A=a=====C==b===D==d=======A==a===B===c===A=a=a'
 'A==B=a=A==a======C=a=B===a==A==a==A======d==Ab=A=a=a'
 'B==Aa=A==a==Ba==C==b==A=b===A==b==A==b=a'
 'A=A=======a=A==a===A==a==B=====a==A==b===A=a===B=a=A==b=======B===a===D==e===A====a===A====a==a'
 'A==C==a==B===c======D===a==A=a=A=a==A===b==A====a==A===c==Ab===a'
 'B=A=a=====D==a=A=a==A===d=====A==a==A=b=a'
 'A=A=a====C===a=A===b=====D======e====Aa==A=a=a'
 'A====B==a===Ba===C==a=A======c=A=c=====a'
 'A=Aa===C==a==B===c=====C=a==B==c==A=b=====a=A==aa'
 'A=====C=====a==A==b====D==========e====Aa=A==a=a'
 'A=Aa===E=====e=======a'  'B=D====a==A==d=====A===b==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d==A===b=a, 143, 8, 60, A=Aa===E=====e=======a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 5, 31, AA=a=====E==e==A=a===A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 5, 60, A=Aa===E=====e=======a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 5, 99, A=A==a===E==e===A==a====a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 7, 114, A=A=a====E===e====Aa=a
Accuracy: 0.00909090909090909
```

+++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1396

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1635

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1324

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1560

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1235

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1536

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1284

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1574

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1305

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1519
Final centroids: ['A===A====a==C==c==Aa====E===e=======a'
  'A==C=a=B==a==A=a=A====b==B==b==A=a===A=a=A=aA==a==B===a=A===a=B==aA=====b=A=c==Ab==a'
  'A=B======a===B===aA===a===B===b=======A====a====C======b====B==b===A==b==A=c======a'
  'A==Aa======D==b=A=b===D==c====B===a===B==a=A===c=====B======d=====a'
  'A=====D===c===A=a=A===a=A===b=====E===e=====E===d======A==b==Aa=a'
  'A=A=a==E==d==A==b==A==a=a' 'A===B===a====D===a=A=====c=A==c=====a'
  'A====D==c==A==a====D==e=====D==c====C==d===A=a=A=a=a'
  'A=Aa==A==a===A==a=====E===b==A=d===A==a====a'
  'BAa===A===a===A===a===D==b==A==d=====A=a=a'
  'BA==aA=a=C==aA=b=====C===aA=bA=c=b'
  'A==B==a==B==a==C===d=======D===c===B==b=A=c===A=b'
  'A====D==b==A=a===B====c===C===c====D=d===A==b==A=aa'
  'AA=a==A=a=A=a======D====a==A=b====Aa=C===c=====B=a==B==c===A==b===A===b=a'
  'A=A=a=A==a==B==a===A=a====C==a===B==d===A==b==a'
  'A=A==a=A==a==B=a=A==a===B====b==A=aAa=====C====a===B==b==A=b=A=c===A=a=a'
  'A=Aa==B==a====D===b==A==a=A==c==A=b==a'
  'A=B==a=B=a==C==aA==a=A===d=A=b=a'
  'A=A=a=B==a=A==a==A==a==a=B======a===D==d==A==b====a'
  'A====C===b======B=====b====D==d===C===d======A==a=a'
  'A=A=a====E==d======D===e=======a'
  'A==B=a=B=a==B==a==A===a==A=aA=====a===B===c==A==c====a'
  'A=Aa==B==a==C=a=B=c===A==a===B==d======A=aa'
```

```
'A====D====a===B=aA==c=====A======c=a'
'A=A==a==B==a==B====c===C==a=C===e=====Aa=A==a=a'
'A=====C===a==A=a===B=c=====D===d====B===b==A=b==A==a=a'
'A=A=a====B===a======A==a===C=a=B=c==A==b=======B==a=A===c=====A=a=a'
'A=A=a====C===c======A==a==C=aC==d===A==b========D======d=======Ab'
'A=A=a==C==a==B=a==B====a==A=====cA=c===a'
'A========D====a==A=a=A===c====B===a====C===c======A====c===A=a=a'
'A=Aa==E=========a=A=a==A===a=====A===a===A======b===A=a=A==b=A=c=a'
'A=B==aA====a===B==a=B===c===A==a=A=a=A=a==A======a===C==a=A==b=====C==c=====A=a=A==b=A=ab'
'A===C===a==A=a====B==c=====D==d=====D==e=====A==a=a'
'A=A====B==a===B===d=====C==a=C==e=========A==a=a'
'A=A=a==B==a===B==a=A=====a==A=====a=A=a==A=a=A=a=A=a==C===a==A==a===A==aA=c===A=c==A==a=A=a=a'
'A=A==a==C==a=====A==a==C==b==A==c==A==b==a'
'A=A=a====E===d======C======d===A=aa'
'A====B==a==A==a==B==b=======D==e====E====d==A==b==Aa=a'
'A=A=a==A=a====A==a==E===b==A=c==A==b==a'
'A=A====a==C=a=C==d==A=a==C==d=====A=aa'
'A=A===a========E==e=====A=a==Aa=a'
'A==C=====a===A==a====A==a======C===b===B===e======A==a=a'
'A=====B=aA=a===D===c========A===c=======a'
'A=C==a=B=====a==A==a==B=====b===B===e======A=a==a'
'A==A=a==D====b==A==a==A==a=A=a==C=========d===B=aA====c===Aa=a'
'A=A==a===B===a=====C==a==B===b==A==b===B===b=A=c=====A==a=a'
'A=B=====a==A==a===B===a=C===a=A=c===Aa====B===c====Aa==A=a==B==c===A===a===A====a==a'
'A==B=a==C===a=A====a==B==a=Aa==A==a==A=a=A==b====A===aA==d==a'
'A=A==a====E==d===A==a===A==b=a'
'A===C==aA=b=====C=d========E===e=====C===c===Aa==a'
'A=Aa==C==a=A==aA==a===C=====e=====A=a=a'
'A=====D===b==A=a==A=aA==b====D===d====D===d===A==a=A=b=a'
'BA=a==D===d=====A==b=A=a=a'
'AA=a======D==b=======C==d=====A==a==A==b==a'
'AA=a==B==a===D====d=======C===d===Aa=a'
'B=A==a=Aa=A=a===C==c=D===d=====B===b=A===b==A===a=a'
'A=B=a=A=a=D==e======A===a=a'
'A====A=a==A=====a=Aa====D=====b=A==b========C==c=======B=a===C==d===A==a=A===b=a'
'A=Aa==A=a===E=e=====A=a==A==a=a'
'A=B=a==B==a==A==b===D===c=====B==a=A======d====a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b==A==b=a, 131, 14, 43, A=A==a==C==a====A==a===C===b==A==c==A==b==a
A===B=a=A===a===C==a=B=d====B===a=A==c===Aa=a, 18, 15, 39, A=A=a=B==a=A==a==A==a==a==B======a===D==d==A==b=
A=A=a==A==a====C=b===D=d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 13, 3, A=Aa==A==a===A==a=====E===b==A=d===A==a====a
A=A==a==A==a==C==a=C===c===B===b==A=b===A=b=a, 35, 12, 43, A=A==a==C==a====A==a===C===b==A==c==A==b==a
AA=a===B==a=D==b=B===c====A==a==A==c====Aa=a, 58, 12, 5, AA=a======D==b=======C==d=====A==a==A==b==a
Accuracy: 0.00909090909090909

+++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1187

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1461

Iteration 3

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1277

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1273

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1083

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1400

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1143

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1341

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1183

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1432
Final centroids: ['A==B==a==B====a===A=a=Aa==B=====a===B===d===A=b====a'
 'A=Aa==C====a===C====b=A==a==A==bAc===a'
 'A==A=a==D===b==A=a=A=aA=a====C==aA=a=A==d====A=a=A==b=A=a=a'
 'A===C==a=A===a=A==b=======D====b===B=====e=======a'
 'B===D===c=====B=====b=====A====aA===c=a'
 'A==A==a====B===b========A===a====E=====e======Aa=======A=a==B===b===A==a==a'
 'A=B=a=B=a=A=====a==A==a===A=aA==a====C==c=A==c=====a'
 'A===C===a==C==d==A=====b===a'
 'A=A=a==C==a===A=====a==A=a===C=a=A=a===A==c==A==a=A==c==Aa=a'
 'A===A===a====E===d=======A===b=a'  'A=A=A====a===D====d====B==aA==c===a'
 'A=A=a======E==e=====A==a=a'  'A=A=a==B====a===B==a===C=======d===A=b==a'
 'A===C==aA==a=A==a=B===a==B===b====A===c==A===b==a'
 'A=Aa==B==a==B==a===C==a=A==c==A=c====a'
 'A=A=a===C====b=======C=a=B===c===Aa===B===c====B===b==A==a==a==A==a===a'
 'A=A==a===B===a===B===a==C===a==A===c=A=c===a'
 'A==D====a==B==c=====A===c===a'
 'A===Ba=B==a==B==a==A==a===B===a=====A===c===A===a=A===c=a'
 'A===C===a==A==a=A=a=A==c=====E====d===D====d===A=b==Aa=a'
 'A==B==a=A==a===B==b===C==a=B===c==A=b===Aa=A==b===a'
 'AA==a===E===e========A==a=====D======b=A==c========D==aB=====d====A==b==a'
 'A=====D==a==A==a=B===d===A==a=A===b=a'
 'A=A==a====B===b========A===a====C=a==C==c==A===b=======B==a=A===c=====A==a=a'
 'A=B==a=Aa===C=====b=====C==e===a'  'A===B==a=D==e==A=a=A==a=Aa=a'
 'A=A=a==A==a==A======a==A=a=====C====b===D==d===A=b======a'
 'A=A==a==A=a==A==a==A==a===A==a==A==a=Aa==A===a====B===a==A===a==D===d==A==a==A==a=A=b==a'
 'B=D=====b===B=b=Ab====aA==b=a'
 'A=A==a===D===d=========B====a==C===b===B==b==A==b=====Aa==D===a==A==bAc==A=b===a'
 'A=Aa=======E==e===A=a=a'
 'A=B==a==C====b==B===bAb====D==a=A==d===A===b==a'
 'A=B==a=A==a==A==a===A==a=====B==a=A=a===C==e=====A=aA=a=a'
```

```
'A==A=aA==a==C==a=A==b======D==d====A====a===D==d========C==b==A==b==A=b======a'
'A======E====a===A===c===A=======c==a'
'A======D===a====B====d====Aa===A===b=a'
'A========E==a=A==a====A==c=====C===a==A=a=A====c===B====d==A=a=a'
'A=Aa===BaB==a====A==b==B==b====C===a==B==aA==c====A==aA==c=Aa=a'
'A=B=aA===a====B=a==B==c=====B==a=A==a=A=a==A==b=====C==a==A==b===C==b===A=c==Aa=a'
'A=Aa==C=====a==A==a===B==a=====A==a=======B==a====A===c=A=c==a'
'A==A==a====A=a=====Aa===E===b==A=c========C====d=====B=a==C==d===A==a===A====a=a'
'A===A===D==d==Aa====D====e=====a'
'A=====C==a===A==a===C=========d===A=b==a'  'A=====E==e====A=a===A=aa'
'B=D====a==A==d========A===b==a'  'AA=a=B==a===D=====c==Aa===A==c===Aa=a'
'A===A==a==Aa===B==a===C=====a=A====c========D====d=====Aa===C====b==A===b==A===b=a'
'AA==a==A=====a=======E====aA=c======A===b===A===b==A==a===A==a=a'
'A==Aa===C==a====A===b===B==a===C===c=A=c====A=aA==a=a'
'A====D==b===A=a===B===c=====C==c====D==d===A==b======a'
'A=A=a==A=a=A=a==B==b====A=a=A==a=A=a=A=a==C==aA==a==C===c=A==c====A=aa'
'A==B=a==D===b==A=a=A===c===Aa=A==a=A==b=a'
'A=C===b=======A==a===D===c===C==d==A==b===a'
'A===D==c===D===d==A=a=A==b==a'  'A=A=====a===Ba==D==e====A==a=A==a=a'
'A==A=a==B======a==A===b=====C=a==C===e==========A===a=a'
'A==C==a===C==c===C==d===C=====a==B======e====A=a=a'
'A=B==a==A==a===D===c=====A==b=A=b=a'
'A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a'
'A====A====a====E===d====A==aA=b=====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e========A==a=a, 102, 5, 64, A=A=a======E==e=====A==a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 9, 110, A===C===a==C==d==A=====b===a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 3, 64, A=A=a======E==e=====A==a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 4, 64, A=A=a======E==e=====A==a=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 7, 174, A=====E==e====A=a===A=aa
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1264

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1633

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1324

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1582

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1234

Iteration 6
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 1406

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1175

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1622

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1221

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1479
Final centroids: ['A=A==a==B==a==C=a=B===c======A===c===A=a=a'
 'A=A=a===D====c======B==a==A==a==A==a==A====a==Aa==B=a==B==e======A=a=a'
 'A=====CaA==a==A==b===A=a==D===e========A===a=a'
 'A=A=a===A==a===C==b===D==d====A==b==AA===b==A=a=a'
 'A=C==a=A===a=A===c=======E==c===B===c=Ab===A=a=a'
 'A=A=a=B===a==C==c===D====c==A===a==A==c======a'
 'A=B==a==C====b======A==a==B==a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
 'A==C======a==A==a====B==a==B===aAa==A===c=A=c====a'
 'A=A=a==C======a==A====c=====E==aA===d===A==b=a'
 'A======B==a==B===a==C==d====B===a=A==c=======a'
 'A=Aa==B===a==A=a===A====aA=a====D===e=====D==d====A==a==A=a=a'
 'A=A=a==A=a===B===a=B===a====A==b===D===c====b======a'
 'A====C===a==A==b=====D====e=====a' 'A====A==a===E===e==A==a==A===a=a'
 'A==B==a==B====a=a=A===b========E=======d=====A===b=a'
 'A=A=a==B======a==C=d=======E=====e====A==a=a'
 'A=A=a===B==a====D==d====D==e======B==b====B==b====A=a=a'
 'AA==a====B===a==D=====d========A==b==A=a=a'
 'A=B=a==C==a==B===a===A=====e===a' 'A====Ba=C===c======D====e==Aa=a'
 'A====Ba==D========aAa==A===a===A===a=====A===c===A===aA=b=A=b=a'
 'A=B==a===D====d========C==a=B==a=A=aA=====d=======D===aA====c==A=c==a'
 'AAa===C===b======A==a===D===b=A==c==A==b===a'
 'A=====C====a===B===c========D=====c====B==b=A==c======a'
 'A==Ba=D===b==A=a==B===d=====A=a==A==b=a'
 'AA==a==B=====a===A==a====D=====aA===c=A=c====a'
 'A=C==a===B==a==A=====c======D====c===B=====d====A=a=a'
 'A=A=a=====D======a=A==b===C==c=====B==a===A==a=A===c======A===b===A=a=a'
 'B=A=a===A==a==D===c=====B==d====a'
 'A==A=a===B========a====A==a===D===b=Aa==A====b======B===aA===d====A==a==a'
 'A=Aa==A=a====C===c========E===e=======A==a=a'
 'A==B=a=B=a=A==a=A=a==B==a=B=====b==B===d==Ab==Aa=a'
 'A========E===c==B===b===B===b====B==a====A=a=B==c=====B==aA===d===a'
 'A=A=a==C==a==A=a==C==d===Aa==A==aA==b=a'
 'AA==a==E==a==A===d===Aa=B==c==a' 'A=A=====a===E===d==A==a=A=b====a'
 'AA=a=====D===a=A=a==A==b=====B==a===B===d=====A===b==A=a=a'
 'A===A==a===E==e=======A==a==a'
 'A=A=a=A=a==A=====A==a===A==a=A===a====A=a==D==e=======A==a==B===b==A==a====A===aa'
 'A==A==a=A==a=A==a===B==a====C===b===C===e====A=a=a'
 'A=A=a===B===a======B=aA==b===B==c=Aa==A==a=A==a=======C===a=C==d===A==a===A==b=a'
 'A==A==a====E==d===A=a==A==b=a' 'A=C==a=C===d===A=a==A==b=a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a'
 'A=======C===a==A=====c==========E=====e====Aa=Aa=a'
 'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
 'B==B=a====C===d========B===c===A==a=a'
```

```
 'A====A==a====E====e=====A==a=====a'
 'A==B=aB===a=A==a====C==c===A====b==A=b==A==a=a'
 'A=B=a==B=a=B===c=======D======e=====a'
 'A===B=====a===B=a=B===c===A===a=Aa===A=a=A===a====D======b==B===a=A==c=Ac========a'
 'A=A=a====C===a===B==d=======E=====e=====A==a=a'
 'BAa==A==a====D===d======A====b==A=a=a'
 'A======C==a==B===c====D==aA=====e====Aa=A=a=a'
 'A==A=a=======B==b====E==e===A==a==A===a==A=a=a'
 'A==B==a==A==a====B==b=D====c=====B==b==A==c====A=a==a'
 'A=B===a===B===b======B==a===B=b=Aa===C===c======A==a=A==b=A=b==A==a=a'
 'A=BaB==a==C==e=======A===a=a'  'Ba=A==a===E====e========a'
 'A=A=======a===E===e==A=a=A=a===Aa=a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 9, 66, A=A=====a====E===d==A==a=A=b====a
A=B=a=A=a===D==d=====A====b===a, 12, 9, 152, A=B=a==C==a==B===a===A=====e===a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 10, 117, A====A==a===E===e==A==a==A===a=a
A===B===a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 5, 52, A===A==a==E==e=======A==a==a
A=B==aA=a===D==d==A=a=A==b===a, 51, 8, 133, A==A==a====E==d==A=a==A==b=a
Accuracy: 0.013636363636363636

++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1584

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1888

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1444

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1661

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1596

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1947

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1723

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2039

Iteration 9
Found centroids not unique

```
Terminal measure: Et = 1649

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2044
Final centroids: ['A=A==a===E==d=====A=a=A==b=a' 'A=A===a===E===e=======A==a=a'
 'A=B=a=A===a==A=a==B=a=====B===b===C==e==A=a===a'
 'A===C==a=Aa==A===a=====C===a=A======d==A===b=a'
 'A=A==a==Aa======E==d===A=b==A=a===a'
 'AA=a===A=a===E==e====A=====a===a' 'A===A==a==E=====d=====A===b==a'
 'A=A=aA===A===b=======D===b=B==a=Aa==B===b===A===b==A==b===A==b=a'
 'A=A=a=====D===a=A==a=B==b===B===a=A=a=A==d=====A====b=====a'
 'A==D==aA===a=A===d==========E==b===B=====e======Aa=a'
 'A=A=====a===B=a=A==b===A==a==A==a===A===a===D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
 'A=A=a===C===c=======E=====c====Aa=A===b===B=====aA=c=====Aa==a'
 'A=====C==b===A==a==A=aA==b===E===e=====D===d====A==a==A=a=a'
 'A==A=a===C===c=====B==a=B==aA==a==A==b=======D======d==A=b=a'
 'A=A===a==A=a=====A=a==B===b===A=a=====Aa===E===e=======B===a=C===d====A==a===A===a=a'
 'AA=a==A=a=A=a==B==a===B=a=B===b===C==e=======a'
 'A=A==a====C=a==BaB===b=A=aAa==A===d===Aa===a'
 'A=B===a=Aa===D====c=====C====e===a'
 'A==A=a===C===b=======C==a===A==a==Aa==B===b===A===a==A=a=A==b=A=b==b'
 'A=C===a=a==B==a=A==b=A==a===D==e======a'
 'A==A========a==E==e===A==a==A==a=a'
 'A=====C=====a==B==a==B====b===A===c==A==b===a'
 'A=A=a=A=a===A==a=B==b==B=b==A=a=A=====a======D==a=A==b===C===c==A==b=A==b=A==aa'
 'A=A=a===B=a==D====d===Aa==B==c===A==a=a' 'A=E===b===A===b=====A==c==a'
 'A=B==a==B===a=A=a=====C===e===Aa=a'
 'A===B=====a===A=a==B===b===A==a=A=a==A=a=A==a===C==a====A==b===C====c===A==b=A=b==A=a==a'
 'AA=a==A=a=A=a==Aa==B===b==A=a====A==a==E==e====Aa==A==a==C==c===A===a==A===a=a'
 'A=C====a==C==d======A===b=a'
 'B====D=====a=A==a=A==a=A=b===A==b==A==b==A==b=a'
 'B=B====a==C==d=====A==b====a'
 'A=====C==b===A==a===B===c======E===e======D===d===A====a==Aa=a'
 'A=B==a==A=a==D===c=====C===e=====a'
 'A=B====a==B=====a===B==a===B===b====B==d========A=c'
 'AA==a===B=a====A==a===D===b==A===c===A==b=a'
 'A===D======a==A=a=A===a==A====a=A=a==A====a===B====a=A=a===A===a===A=====e======a'
 'A=B===a========D==aAa==A====e====a'
 'A====A==aA==a===E===d==A==a==A==b====a'
 'A==A====a=====E==d==A==b========a'
 'A=B==a==B===a===A===a===C==c=====A=a===A===c===A=a=a'
 'A=Aa======E==e=========A=a=a' 'AA=a===E==e==A==a==A==aa'
 'AA=a==C===a==C===b==A=a==A==c==A==b===a' 'C=Ba=B====d==AA=a==A==ac'
 'A=A=aA=a==A=A=a====Aa==C===b====A===a=======C=aA==d=======B==a===C==d====B===b====A==b=a'
 'AA==a====B=a=C====d=======E===e==a'
 'A==B=aA=====a==A==a===D==d======A===a=A==b======Aa=a'
 'A======C===a=A====b===D==========e========A==a=a'
 'A==A=a==A=a==A=a===C======b===C==c====Aa=A==a==B==b=====B==a=C==d=A===b===A====a=a'
 'A=A=a===B==a====A==a========C===a=B===d===A=b==Aa=a'
 'A===B=a==B====a==B==d========E=======d==A===b===a'
 'A===B==a===D==c===a===D=====e===Aa=a'
 'A====D==b===A=a====C=c=====C===d===D===d===A==bAa==a'
 'A=C==a==A=a===C=====c=====C====e==a'
 'A====A===a=A=====a===B==a==Ba=C====b==A===c===A==a==C===d=======Aa=B=a==C===d====A===a=====A====a==a'
 'A=A==a===C======b======A==a===B===b==D==c====A====b=======C==a=A====c==A=b====a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A===b=A==a=A==a=====B==a=B===aA===a=C===c==A=a=A==c=====a'
 'A=======E=====b====A===d======E=======d===A==b==a'
 'A==B==a===D==e====A=====a=a'
 'A=A=a====D=a=B==c==A=a=Aa==C===b====B==a====A==a=A==b=====B==aA==e==Aa=a']
```

```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b==A====a=A=a===B=====a====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 23, 59, A=A=a=A
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 22, 59, A=A=a=a
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 22, 59, A=A=a=a
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A==a==A=a=A=a====C==a=A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 19, 13, A===B===
A==A===a==A==a=B==a=B==b==B===b==A=a==A=a==A==a==C========b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 23, 13, A===B===
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1206

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1578

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1218

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1529

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1171

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1427

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1187

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1430

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1193

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1380
Final centroids: ['A=A=a==C=====b========D======e=====a' 'A===E====a==A==b==A=aA===d===a'
 'AA=a=====E===e========a' 'A=A==a=========E===d=======C===d==a'
 'A==B=a==B==a==A====a===Aa===C==aA=b=A=c===A=a==A==b=A=a=a'
 'B=A=a==A=a=A==aA=a=A===a=A==aA=a==D===d==Ab====a'
 'A=B==a==A=a==B==a==C===d=====A==a==A==b==A==a=a'
 'A==A=a===C===a===C==e=======E=====e===A===a=a'
 'A=B==a=A==a==B=a==A===b==A==a=A=a==Aa==A==a====C==a=A==b===C===c==A=a=A==c===Aa=a']
```

```
'A==B=a===Ba=C==d======A====b==a'
'A=B=aA==a==A==a=======B=a===C=====c===B===c=A=b===A=a=a'
'A=A=a=A=====a=A==a===B==a=B==b=====B==b===A==a===D==d=======B=a==Aa=C===d====B===b==A=aA==b=a'
'A==B=a===C==a==B===b=====B===e======a'
'A==B==a=A===a=======D==aA=====a==A==a==A====aA==c=A==c==a'
'A=====D====a===B====a=A===e====a'
'A=B=a==B=a==C=====a=A==c=====A==a==A===c==A=a=a'
'A=B=a==B==aA=b====B=a==C==b==A=aA==c=====C==a=A===d===A=a=a'
'A=Aa=Aa==B==a======D===d====B=====a==B===c====B===a=A=====bAa==A==b=a'
'A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b=A==c=======a' 'AA=a=====E===e==A=a=a'
'A=A==a===B===a===A==b======Ca=C==e=======Aa==A===a=a'
'A==A=a=====E===e=======A==a=a'
'AAa===C==b=====A==a====D===b==A==c==A==b===a'
'AA=a===B==a====A==a===D===b=A=d=====Aa=a'
'A=B=aA=a==B===a=Aa====A=a==B===b=====C==c=A=c=====a'
'A==Aa====D=====a==A==d========E==aA==d===A==b==a'
'A=A=a====D=a==A=a=B===d=====A==aA==b=a'
'A==B=====a==A==aA=====a==B=b=====A==a=A=a======C==a=A=a===B==c=A=====c==A=a=a'
'A=B=====aA=a==D==d===B==b=====A==a=A==b=A=a===a'
'A=Aa====B==a==Aa=A=b=====C=a==C===e=======A===a=a'
'A=Aa===D=aA==a==AaA=a==B===b====A===a===Aa=B==b=====B=====e======a'
'A=B==a===C=a=B====c=====C==e====a'
'A=A=====C===b==C==e========E=====e====A==a=a'
'A=A=aA=a===B==a=B==b===B=====b=======A=a====D===b=Aa===B===c==A=b=A==b===a'
'A=A=a====B==a==A==a===D===aA==e=======a'
'A===A==a===A==a=A==a====A==a=A==a=A=a=A==a=====C==a=A==b===D===d==A=a==A=b===a'
'A=Aa=====B==a=====D==e========E=====e=====A==aa'
'A=Aa===Ba==C==a=A==a==B==b====B===a==Aa=A===c=====B=====d====a'
'A====D==b===A==a=====A===c=====E==e=====D===d====A===a=A=a=a'
'A=A=a=====D===c=====A==b=======E======d===A==b==a'
'A=D==a=A=a=B==d==A=a==A==b=a' 'A==D===b===C==d=Aa==A==b==a'
'A===C===b===A=a=====B==c=====E==e=====E==d====A==b====a'
'A==C==aA==a=A=a==B==a===B==a=A==a==A===d===A=b=Aa=a'
'A==C===a=A==b=A==b=====E==d=====B==b=A=b===A=aa'
'A======C===a=A==b=====Ba=C===e=========A===a=a'
'A===B==aA==a===B==a=A==b=====A==b======B===a=A===a==B===a=A==a===C===c===A=a=A==c==Aa==a'
'A====C==b=====A==a===D===a=A==d===A==b=a'
'A===A==a===E===d======a=A===a=a'
'AA=a====E===c====A==c======D=======d==A===a=a'
'A=A==a====C===b========B===a====C=====c=A=b=A==b========C===a=A==c======A==a=a'
'A=Aa====E===e=====A=a==a'
'A=Aa===B=====a==A===b======C=a=C=====c=A=c=======A==a=a'
'A===Ba==D====b==A===c====D========e=====A===a==a'
'A=A=aA==a==E===e========A==a=a'
'A==E===aA===b==A==c=====D======b==B==b=A=d===Aa==a'
'A====B==a==A==a====C==d=====D==d====E===e===A=a=A=a==a'
'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
'A=B==a==C=====aA=a===B==a=A===a====A======b==A=a=B===a=A=====c=A=c==a'
'A=A=a==C===a===B===c====C==a=B=====e=======A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 167, A===E====a==A==b==A=aA===d===a
A=A=a==E==b===B==b=====A=====d==a, 88, 9, 167, A=A=a==C=====b========D======e=====a
A=A=a===C==a=A=====a=B=a=B===e==a, 100, 10, 60, A==B=a==C==a==B===b=====B===e=====a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 10, 51, A==B=a===Ba=C==d======A====b==a
A===D==aA=a==B=====a==A=====e==a, 120, 10, 167, A===E====a==A==b==A=aA===d===a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 9
```

```
Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1274

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1683

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1322

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1486

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1213

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1696

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1334

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1769

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1234

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1717
Final centroids: ['A=A=a====E===d==A==b==A=a=a'
 'A=A=a====C===b=====A==a===A=a==C==b===A===b====D===aA===d===A=b=a'
 'A=A==A==a==C==b=Aa=====C=====e======a'
 'A==C======a==A===aA=====a===B====a===B==d===Aa=A==b=a'
 'A===D===a===A===aA=a=A==a===A=====a===B====b=A==d===a'
 'A=B==a==C==a=A==a==B==c=====A====c==a'
 'A=A=a=A=a===B==a=A=a====B===a====C==e=====A=a=a'
 'A=A==a=======E==c=====B===d===a'
 'A=A==a===B===a===B==c=======E====e=====A==a=a'
 'B=Aa==B==a=====C==b==A==b==A==c==A==a=a'
 'A==B==a==B==a==Aa=A===b=======D==aA==d====A===b=a'
 'A=B==a=B===a==C==c===C=====c===C===b=A====d==Aa=a'
 'A==B==aA=a==A==a==Aa=A=a==A=a=B====b==D===d==A=b===Aa=a'
 'A=A==aA==a==A=a=====D=======aAa=A===b=====A=a==C===d=====B====a==B==c===A===b===A==a=a'
 'A=A==a=A==a==E====d===A==b===Aa==a'
 'AAa==C==a=====A===a===C===a=A===c==A==c====a'
 'A==E=======b==A===c======D===b==A===bA=c===Aa=a'
 'A==B======a==A==a==A==a====A===a==A=a==A==a=A==a======C==b====A==a===C====c===A=a=A==b=A=b==a'
```

```
 'AA=a=A=a==A=a=====C====a==A=b===A==a===D===d=====Aa==D===d==A==b====A==a=a'
 'A=B=a==D==d===A====a=A=a=b'
 'A==E======a===A==b===B====b===B======e====Aa=a'
 'A=Aa===C=a=B==c===D==c=B==b=======B==a===A=a=A===b=====B==aA===d====a'
 'BA=a====C=====a=A=a=A==b===B==a===B=====c====A==b==A=a=b'
 'A=====B==a======D==b=A=b===B==d====A=a=a'
 'A==B======a===D===c==A==a=A===c==a'  'A=A=a==Aa====E===c=====B==d===a'
 'A=A=a==A=a==A===a=A====a===A==a==A=a=A=a=A==a=====C==a=A=a===C===c==A==b==A==b==Aa=a'
 'B=a=====E===c=A=a===C==d====Aa=A=a==A=b==a'
 'A=A=a===C==a=====C===d=====A=a==A=a=b'
 'AA=a======C==a=C==e===A=a===B======b==A==a====A==aA==a===a'
 'A=A==a===C==a=C===c======C===e====a'
 'A===B==a==Aa=====C==d=====E==d====D=d===A==b====a'
 'A=Aa====C=====a===C=b==A==a===B==a===A=a=A==b====A====d===A=a=a'
 'A=D===a==A==b=B===c=======D===c=====B=====d====Aa=a'
 'A=Aa====C===a====B==d=======E======e=====A=a=a'
 'A=A==a=A===a========C===a==A=a==A==a=A===a===A=a==C==c==A==b===A==b=a'
 'A=B===a==D==c=Aa===C===d==A=b=a'  'A==B==a==C==c=======D=====e=====a'
 'A=A=a===B====a==A==a===D===b=A=c===A==b==a'
 'A==Ba==C===a==A===b=====C==aA===aA==d====A===b=a'
 'A==A==a===E==e===A=a==A=a=a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A=a==Aa===B======a==C===e==Aa====a'
 'A====A======a===E==c==A==b=A==b====a'  'A=A====a===E==e====A====a=a'
 'A=Aa===C==aA==a==A==b====B=a==C===e=========A===a=a'
 'A==C====A=a=A=a=B=====c=====A===c==a'
 'A==A==a===C===b=A=a===B===a===C==aA==b===A===b====Aa==C==a=A==e=====A==a==a'
 'A===C======a==B==c=======D===b====A==d======Aa=a'
 'A====B=a=B======a===C=====e======a'
 'A==Aa===D===a=Aa=A==c====C==a==B===c==A=b==A=a==A=b==a'
 'A=A==aA=a====B==aA===b===A==a=A==a===A===a=Aa===C==a=A===a===C===c==A=b=A=b==Aa=a'
 'AA==a=====E====e====A=a=a'
 'A=B=a===B==a==A==c========D===b===C===cAc==A=a=a'
 'A=A====A===a====D===d==A==a=A==b==Aa=a'
 'A=B=a=B====b==B===b======D==c=====C==e========a'
 'A=A==a==A=a==A===a=B===b=====A===a=A=a====A=a=A====a====C===a=A==b====D===d===A===aA==b======a'
 'Ba=====C======a==C==e========E=====e====A==a=a'
 'AA=a=====D==c=A===a====D===b==A=d===A==a==a'
 'A=A=a===C=aB==a=AaA==b==B==b=====B====a===B=a=A==b====A=====b=A=b=b'
 'A=Aa===C=a=====A===a===C===b==A=c==A==b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b==A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 10, 178, A===C======a===B==c======D===b====A==d======Aa=
A=D===a=A==b=A==c======E===c==A===b=Ab====Aa=a, 16, 10, 92, A=D===a==A==b=B===c======D===c=====B=====d===
A=B======a====A=a===B====b====D====e=====Aa==a, 93, 9, 152, A==E======a===A==b===B====b===B======e====Aa=a
A==E=======b==A==a===B===b===A====d========a, 132, 9, 152, A==E======a===A==b===B====b===B======e====Aa=a
A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 13, 80, A==E======b==A===c======D===b==A===bA=c===Aa=a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1202

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1424
```

```
Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1244

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1324

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1169

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1416

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1263

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1338

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1226

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1336
Final centroids: ['A===D===aA===b===B==b===A=a==C===c===A===b=A=b==A=a==a'
 'A=B=a===D==b==A==b=====A==a==C===aA=a=A==c===A=a=A==c==Aa==a'
 'A=A==a=====A=a==B==a===Aa=B==a==Aa==A=a==C==a=A=b===B==c==A=c==Aa=Aa=a'
 'A=A==a==A=a=====E===d==A====b=A=a==a'
 'B======C==a==A=a==B===d==A=a=A=a=A==b=a'
 'A=Aa=B===aA=====b======E====e=====a'
 'AA=a===C==a==B=a=B==c==A==b===B==c==A==a=a'
 'A=A===A===a=====D===e==A==a=A=a==Aa=a'
 'A=B==a====B=a==C===c======B==d===a'
 'A==B=a=B==a==A==a===C===b===B===b=A===d======A=aa'
 'A=B====a=A===a==A==a==B==b======A==b===A==a=A==a==A====a=====C==a=A==a=====C====c==A==b=A=b==A==a=a'
 'A=A=a==B==a==AaA==b==D===c====B==a===C==c==A==c=a'
 'A=B==aA=a===B==a===C====a==A==c==A=c===a'
 'A=A===A=a====D===e===A==a=A=a====a'
 'A=A=a==B===a==A===b====CaC===e=======A==a=a'
 'A=Aa===B===a====A==a===D===b==A==c===A===b=a'
 'A=======E==d===A==a=A==b=a'
 'AA=a====D======a=Aa==B====a====A===a===Aa==A====a===A==aA=b=A==d==a'
 'A=D=====a===A==c=====D=====b==A======d===A=a=a'
 'A===A===a==A==a====E==b=A==d==A====a=a'
 'AA=====B====a===B==d======B=a==D===e=========A====a=a'
 'A====Ba=C===a=A=a==B===d======A=a=A==ab' 'AA=a====E==d===A===a==A=a=b'
 'A==A=a===D===c==A=a==A==a==Aa===D=====aA===d=======C===d===A=a==a'
 'A======C===a======B=a=B===b======B==b==B==b=A==c====A==b=a'
 'A=A==a===C==a===C====c==A=a===B==c===A=a=b'
 'A=A=a======D===b===C=b=A==b====C===a====A=aA==d=====B==b=A=b=A=a=a'
 'A=B===a===D=====e=======C==a==B====a=A==aA=c=======D=========d==A==b=a'
 'A==B==a===D==e======A==a==a'
```

```
 'A=A=a===C==b===C===c==A==a===D===a==A===d==A=a==A===b=A=a=a'
 'A===B=a=A===aA===a====A=a===D====b===B====d======a===a'
 'A====C===a=A=a===B===c====D===c===C==d===A===b===a'
 'A=A=a====E===d======A==b=a'
 'A=Aa====D===a====A=a=A===a====B===a====A===c=====B=====d====a'
 'AA=a=====B==a===A==a==D===b=A==c=A==b=a'
 'A=A=a==A=a====E===d===a==A==a====a'
 'A=======D==c==A==a==A==aA=a===D==aA==b=A==c===A=a=A==b===Aa=a'
 'A====Aa=A=a===B==b===E==e====A==a==A=====a====a'
 'A=A=a==A====a=======B=a==C=a=====B==c==A===c==Aa===A==a=A=aa'
 'A=A==aA=====a====E========c=====B====c==C=====b==A==c===A=a=a'
 'A==B==a=A===a=====B=a==C==b======B===c====B===a=A==c===A=aAb===a'
 'A====B====a=A===a====A=a===C===A======d===Aa==A==b==A=a=a'
 'A=B=a=B===b==B==c=======E===b==B====e=======a'
 'A=A==A==A=a===B=aB===c=A=b===B==c===Aa=a'
 'A=======C==a=A==b==B==b===B====B===a=====C==d====A==aA==b===a'
 'AA=a====E====e===Aa==a'
 'A==A=a===D===a==A===d=====E========e==========A=a=a'
 'B==B===a==AaA=a===B=a=B===aAa==A==b=======A=a==B==c=======B==a==A===c===A===b===A===a=a'
 'A===B==a====B===a====A==a===C===c====C====e======A=a=a'
 'AA=a===B==a==B===b=========D=====e====A=a=====a'
 'A=A===a===E==e=====A=a=A==aa'  'A=======E====e======a'
 'AA=a=====E==e=======a'
 'A=B==a==C===b==Aa====A===a==C==c==A=a=A==a=A==a==Aa==B=a=A===c=====A==b=a'
 'A=A=a==B=a==D===b==B===d====C==a=A===d=======a'
 'A=C==a=B===b===B==c=====D===c====B==b=A=c===Aa=a'
 'A=B====a==C===c======D==c=A=c==Aa=a'
 'A==B====a====A==a=A===a===A===aA=a==A==a=A==a===C====b=====C===c===A====c====A=a=a'
 'A====E==b==A=a==A=a==A===c===D===d=====D=d====A==b====a'
 'A==A=a====E====b==A==a===A==a=====A==a==Aa==A==b====A======b=A=b==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A====b=a, 60, 10, 22, A=A=a==A=a====E===d===a==A==a====a
BA=a===C==a==A=a==B==d==A=a====A=b=a, 65, 7, 161, B=====C==a==A=a==B==d==A=a=A=a=A==b=a
AA=a===E==c==C=====e========A===a=a, 90, 11, 121, AA=a==C==a==B=a=B==c==A==b===B==c==A==a=a
A=====D====a=====B====d====A=====b=a, 107, 11, 136, A=A==a=A=a=====E==d==A====b=A=a=a
A=A=a===D===a==B====c====A======c==a, 109, 11, 136, A=A==a=A=a=====E===d==A====b=A=a=a
Accuracy: 0.01818181818181818


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.011363636363636364
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++



k = 70

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1330

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1883

Iteration 3
Found centroids not unique
```

```
Terminal measure: Et = 1494

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1806

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1377

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1791

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1314

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1793

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1484

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1861
Final centroids: ['A=Aa====E===e=====A=a==a' 'A=A=a====D===b=====C=====d=====A======b=a'
 'A=D==a=A===b==A===b=====D====a==A=====e===Aa=a'
 'A=B=a==D==d===A====a=A=a=b' 'A===B==a===D==e====A===a===a'
 'A====D==b===A==a=====A===c=====E=e=====D===d====A===a=A=a=a'
 'A=A==a==A==a=======D=a=B==c====A==b==B=======bAb==A==a=a'
 'A======D==a======B====c====A=====c==a' 'A=D====a==B===c===Aa=A====c=a'
 'A=B=a===D==d===A=a=A=b===a'
 'A=A=a=A==a=====D==b====B====a==B===e=====A=a=a'
 'A=B==a=A=a====C=a=A===c====A==a==A=a=A=a==A=a====D==a=A==a===A===a=====b==A==c==Aa=a'
 'A=B==a==A=a===D====c=====B===d====a'
 'B=A==a===C=====b=====C=======e====a'
 'A==C=a==B==a===B=a=A===d=====A=a=A===b===a'
 'A=A==a===E==d=====A=a=A==b=a'
 'A==B==a=B==aA==b===A====b======E=======d====A==b=a'
 'A=A=aA=a===A==a=====Aa===D===b===A==c=====Aa==C==c=======B==a=D===e====A===a===A===a=a'
 'A=A===aA===a====E=e=====A==a=A=a==Aa=a'
 'A=C==a=A==b===A===a=====C===b===C==c=Ac===Aa==a'
 'AA==a==E==d===A==b=A==a=a'
 'A===A==a===A==a==A==a====A==a=A=a===A=a=A==a====C==a=A==b===D===d==A=a==A=b===a'
 'AA=a====B==a=A==b========E====e==========A=a==A=a=a'
 'A======E=====b=A=a==A==aA=a===B===aA=a==A==c===B=a=A==c=A==b=a'
 'A=B=a==B===a==A==c=====D===c=====D==c==A=c====A=aa'
 'A=====C====a===C==c===A=a=A==c=====a' 'A=A==a===C=a=C==c=====B==d====a'
 'A==C===a==B==a=A=b===B=====a==B=====e====A=a=a'
 'A=B=a=B==a==A=a=A==b===A==a=A==a===A=a=A=a===C===a=A==a===B==b==A=b=A==c==Aa=a'
 'A=====D===a===Aa==B===d=======A=a=A==b=a'
 'A==D==a=B==d====B=b===D===d====D===e=======Ab'
 'A=AaA=a====E===e=======A==a=a'
 'A=A==a===C===b======B==a==B==a====A=a=A===b=====C==a==A===d===A=b==a'
 'A==A=a====E======a==A=a==A==a===A======a===A=aA==b====A======c==A=b==a'
 'A==B==a===D==e====A=====a=a' 'A===B======a=Aa==D===c==A===b===A=b==a'
```

```
'AA=a==B==a====A==a===D===b==A===c==A==b==a'
'A=B==a==B==b=======C==a==B==b===A====b==A====a=A====b==A=b==a'
'A=A====a===Aa=A=a=A=a===C===b==A==b=======E==e======A====a===C==c===A===a===A====a=a'
'A=A=a====D===d=======E==d=A=b====a'
'A==B====a=A===a========D=======b====A===a===A===b==A==c===A===a==a'
'AA==a====B=a=C====d=======E===e==a'
'A==A=a===B======a==A===b=========E====e=======A==a=a'
'A=A=a====D=====b==A==c=======D=aB=====e===A===a=a'
'A=A=a==B=a==A===b==========E====e=======A==a=a'
'A==Aa==C=====a=A==b====D=========e=====A==a=a'
'A=====B=a=B==a===A==a===B==b====B==a=A==a==B==c====A====b=Aa=b'
'B=D====a=A==d=======A===b==a'
'A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a=a'
'A=A==a==C==a====A==a===C===b==A==c==A==b==a'
'AA==a==B====a===A==a====D=====aA===c=A=c====a'
'A==A=a=====E===d==Aa====A==b=a'
'A=B=a===C==aA===c========B==a==B==a=B==c=A==aA==b==A=a==C===a===A===c=====A==b==a'
'A=B=a=B===b==B==c=======E===b==B====e=======a'
'B=A==a===C=====c======B==a===C=====b===A==b=========B==a==A==d=====A==a=a'
'A====C===========a====C====e=======a' 'A=A====D===d===A==b==A==a=a'
'A=A=a====C===b======B==c=========E=====e====A====a=a'
'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A==b===A=a==B==c==A=a=a'
'A=====C=aB==b==Aa=A=a=B==b====C====a=A=a=A==b===A======d===a'
'A=A==a==A===a=====D===aB===c==B==b===A==b=A=b=====A=a=a'
'A=A=====a===B=a=A==b===A==a==A==a===A===a====D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
'B=B=aB===a===Aa==B===c====A==a=A==c==a'
'A=====C==b===A==a==A=aA==b=====E===e=====D===d====A==a==A=a=a'
'AA=a====E===e====A=a=a'
'A======D==b==A=a===A=a=====C=====b=A===c===A=a==A==b===Aa=a'
'A==A==a=====E==b=====B===e===a' 'A=A=a=====E====d==A=b=a'
'A===E=======b==A===b=====B======a===B======e=======a'
'A=A=a====D==b====C====d===A===a==A==b=a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a=A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 19, 170, B=A==a===C===
A=A==a====D====c========B====a==C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 17, 170, B=A==a===C===
A=B=a===C======c======B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d=A==b=a, 60, 21, 170, B=A==a===C=====
A=A==a====C====c========A==a===E====c======A===b========C===a=A===d=====A==a==a, 46, 13, 170, B=A==a===C=====
A===B==a=C=======b======B==a==B=a=A=b==Aa=A==b========B==a=A===c===A==b==a, 52, 18, 107, A=A==a===C===b==
Accuracy: 0.01818181818181818

+++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1475

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1546

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1349

Iteration 4
Found empty cluster

```
Terminal measure: Et = 1655

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1342

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1598

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1407

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1493

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1255

Iteration 10
Found empty cluster
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1573
Final centroids: ['A====B===a==A==a==A===b====B==b==A==a===A=aA===a====D=====b======C===c===A=a=A===c====a'
 'A=Aa==D==a=B==e===A=a=a' 'AA==a=======E==e=========a'
 'A==Aa====D=====a=====B===e=======A=aA==a==a'
 'A=B==a===C=a=B=====c=====C==e=====a' 'A=B======a==D==e=====A==a===a'
 'A===C======a===B==c=======D===b====A==d======Aa=a'
 'A=A=a==B==a==AaA==b==D===c====B==a===C==c==A==c=a'
 'A=A=a====C===a=A===c==========E===e========A=a==A==a=a'
 'A=Aa===E=====a==Aa====A==b=====B===a==Aa=A===a===A==a=A====e=a'
 'A=Aa====E=====aA=a==A==b===B==a===A====c=====A======c====a'
 'A=Aa==B==a==C=a=B=c===A==a===B==d======A=aa'
 'A=A=a===D===c==A==a==A===a=====D=====c===A==b=====A==a==A==b====A=aa'
 'A====B==a====A==a====D===b==A==d==A==a===a'
 'A=Aa===Ba==C==a=A==a==B==b====B===a==Aa=A===c=====B=====d====a'
 'A=B==a=B======b==A===b=========E=====e====A====a=a'
 'A==A==a=Aa=====E==d====Aa==A=a===a=a'
 'A=Aa=A==a===B=aA===a=====B=====a===C==e=========a'
 'A=Aa====C===a====B==d========E======e======A=a=a'
 'A=B===a==C=====b=====C=====e==A=a==a'
 'A=C===aA==a==B==b===C===c==B===b==A==b==A=b=a'
 'A==A==a====B===b========A===a====E======e======Aa=======A=a==B===b==A==a==a'
 'A=B=aA==b==A==a=B==aA=a====D====c===C==d==Ab==A=aa'
 'A=B=aB==a=A==a=Aa=A=a====B===a==B==c==A=c====a'
 'A=B==a=A==a==A==a===A==a=====B==a=A=a===C==e=====A=aA=a=a'
 'A=A=a=======C==b=====A==b=========E=====e======A==aa'
 'A==Aa====D===b==A=aA======a===C=========d===A=a==A===b==Ab'
 'AAa====B===a===A=a===D=========d==A=b==a' 'BA=a==D===d=====A==b=A=a=a'
 'A==Aa====E===b=A=c===A==b==a' 'A==B=a===C==a=B===b=====B===e=====a'
 'A=A=a=A==a=A====a====A==a===C===b===A==b==Aa==A=a==C==c=======B===a===D==e=====A==a====A====a=a'
 'A=======E===e===B===a==A=a==A==a===D=====b==A==c====A==a==B==c===Aa==a'
 'A==A==a===C===b=A=a===B===a==C==aA==b===A===b====Aa==C==a=A==e=====A==a==a'
 'A=====B=aA=a===D===c=======A===c=======a'
 'A=====C=a=A=a====C==b=A==b===B==d===A=a=a'
 'A======C===b=======C===a=A=a==Aa=B===c===A===a=A====c===A=a==a'
 'A======D===a====B=====c====A====c==a'
```

```
'A=A===a=B===a===A=A===a====A==aAa==A=a=====C======aA==c===Ab===b'
'A======B===a=====D==c=====A==b=Ab====a'
'A==A=a==C==a===A=a=C==c==A==a==B===d===A=a=a'
'A===A====a==C==c==Aa===E===e========a'
'A====A=a==B====b======E==e===A=a==a'
'AA=a===A=====a=====A=a===E====d===A=b======B==aA===b==Aa==A=aa'
'AA==a===E=====b=A=a====A==d===a'
'A=A=a==B==a===B==a===C===c===B==b==A=c===Aa=a'
'AAa===C==b=====A==a====D===b==A==c==A==b===a' 'A======E====e==Aa==A=a=a'
'A==A=a===E===d===A=a=A=a=b'
'A=A==a=A=====a====B=a=B=====a==A==c=====C==b===A==a=====B==a=C==c==A==b=====A==b=a'
'A====Ba==B====a=Aa==A==c==========E======e=====A==a=a'
'A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a' 'A==AaB=a=B=====b======D====e=======a'
'A===A====a=A==a==A===a=====C===a===C===e========a'
'A==B=a=A===b=====E===a=A=a====A==b=A==a=A==c==A=b===a'
'A=Aa==B==a==C=a=B=c===A==a===B==d======A=aa'
'AA=a===B=a=B==b======D===c=A=c====a'
'A==C=a=B===a===B==d=====D====b==B===c=Ac==Aa=a'
'A=Aa=Ba=B====a==B=a==B==d======A===a=A==b=a'
'AA=a=====D===a=A=a=A==b=====B==a====B===d=====A==b=A=a=a'
'A==B==a=B===c=======E=====a==A==a===A==b===A===a==A==c==A===b==a'
'A==Aa===E==aA==b==A==a==A==a=====A====a===A=a=A===a===A==a=A==d=====a'
'A==B==a=A=a====D==d==C===c===A====a==B==c===A=a=a'
'A=====E=====b==A==d=====a'
'A=A=a====E=====b=A===a==B==b=====B===a=A==a=A==b====B===a====d==a'
'A=A==a=A=a===Aa==A==a===A==a=A==a===A=a=A=a===C==a=A==a===C===c==A==b=A==b====a'
'A=A=a=====D==b===B=c===B==a=====B==a=A=a=B==c====B==b=A=c====a'
'A=B=====a==A==a===B====a=C===a==A==c===Aa====B===c====Aa==A=a==B==c===A===a===A====a==a'
'A=======E==b==A==a=A==d=====A=a=A==a=a'
'A==A===a==A=a====B===a====A==a=A=a======A=a===D======b===B====d====A===b====a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 28, 78, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 23, 102, A=A
A====B==a=A==a==A==a==C=====a==A==b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA===b=A=b==a, 153, 27, 33, A==
A==B==aA==a=A==a====B===a==B=====a==A=====c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 26, 102, A=A
A===B======a==A====a=A=a===B=====a====A=b=====B===b======C===a==B===c==B===b==A====c==a, 152, 25, 112, A=B

Accuracy: 0.004545454545454545

++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1405

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2006

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1413

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1880

```
Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1331

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1893

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1414

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1850

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1290

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2080
Final centroids: ['A=======E==b======B===d=====A==aA=b=a'
 'A====D===b===A=a==A=====a====C===c====C===c====A=c====a'
 'A=A=aA=a===B==a==B==b===B=====b======A=a====D===b=Aa==B===c==A==b=A==b===a'
 'A=A=a===A=a====E===e===A=a=Aa=a'
 'A=B==a====D==c==Ab===A=a=Aa====C==a=A==a=A==aA=b========C==a=A====c===A===c==a'
 'A=A=a====E==e===A=a===Ab'
 'A=Aa==C====a===B===c=====C=a===B===b=A==c=====A====b=a'
 'A====B=a===D====d===A===b==a'
 'A==A=a===B=======a====A===a==D===b=Aa==A====b======B===aA===d====A==a==a'
 'A===C====a=A=a===C===d=========A==b=a'  'A==A==a===E==e=====A==a==A=aa'
 'A==D====a=A===b===B==c=======D===c====C===b=A==d===A=a=a'
 'A=A=a=====D======a=A==b===C==c=====B==a===A==a=A===c======A===b===A=a=a'
 'A=A=a====C===a===C==c=A===a====B==a==Aa=B===c=====A==b=A=aA=b==a'
 'A=C=======a=A===b=======D==a==A==e==========a'
 'A====C===a====A=a==A==a=B===aA=a===A==b=====B=a=A====b====B====a==B===c===B==b===A====c==a'
 'A=Aa=A=a=A==a======B==a==C=b======B====b====C==c==A==aA==aA=c==a'
 'AA=a=====B==a===A==a==D====a=A==d===A==b==a'
 'A=A=a=BaB==a=A=a==C===c=====A=a=A===c==a'
 'A======E=======a=A=b==B===b====B===a=A==a=A==a===A=========e===a'
 'AA=a=====E===e=====Aa=a'  'A=A=a==C==a===Aa=C===d====A==a=A==b=a'
 'A=A===a===B=a=A==a===B===b====A===a======D=====a==A===aA==d====A===b=a'
 'A=B==a==BaA=a=A==a====C==aA==e==Aa=a'
 'A=A==a=B==a=A=a=Aa=A=A=a======B==b======C==d===A==b==A=aa'
 'AA=a===E==e===A==a==A==aa'
 'A=Ba=B==a==A==a==AaA=a==A=a=A==aA==a==C===c=A==c=====a'
 'A==D===a==B==a=A==a====A===c=====B==b==A=c===A=a==a'
 'A=A=a===C===a==A=a===A==a=Aa====C=====a=A==d====A=a=A==b==A=a=a'
 'A==A==a==Aa==A=a=Aa===B====a==A==b=====Aa===E==e=======A==a===C==c===A===a===A===a==a'
 'A==D===a====B===c======A==c=a'
 'A=A=a==A===a=======E=====b=====A==b=A====b==A=b===A=aa'
 'A=B=aB=a=C==d======D=====e======a'
 'A==C===a==B===c======D=a=A====aA=a==A===b==A====a==A===b=A===c=a'
 'A=Aa==B=a==D==d===a=A=====a==a'  'B=D====a==A==d=====A===b==a'
 'A=A=a====D==a==A=a=B===d=====A==aA==b=a'
 'A=A=a==D==b==A==a====A==a=A==a====C==a=A=b==A====c==A==a==A==b=A=aa'
 'A=Aa======E==e========a'
 'A==B=aA=====a==A==a===D==d======A===a=A==b======Aa=a']
```

```
 'A==A==a====E==d===A=a==A==b=a'
 'A======D=====b===A===c======E=======c===A==c===a'
 'A==B=aA=a==A=a=B==b===A===a==A=a=A=a=Aa======C==a=A=a===B===c==Ab=Ab==A=a==a'
 'A======E=====e====A=a=a'
 'A=Aa====CaB==a===B==b==B==c====C===a===A=a=A===c====C=====e======a'
 'B=B=a=C===c=A===b=A===a=b' 'A=====D====a======B====d========B===c=a'
 'A=B=a===B=a=C===c=====B===d===a' 'A==B==a===D==d=====D====e=====a'
 'A=A=======D==e=========A==a=a'
 'A====C==b===A==a===D==e=====C===c===C===b==A=b======a'
 'A===A=a===B==aA=a==Aa=A==b========E=====e=====A====a=a'
 'A=====C=====a===B===c========D=====c====B==b=A==c======a'
 'A=C==a=A===a=A===c=======E==c===B===c=Ab===A=a=a'
 'BB=aB====a===B===d========D===c===C=====e=====A=a=a'
 'A=A=a====E===d======A==b=a'
 'A=A=a===B==b======E=====c==Aa==C==c===A=======c====A==a=a'
 'A=A=a=Aa=====E==d===A=a=B==c===a' 'A=A=====D==e===A====a=A=a=a'
 'A=A===a=A=a====E==c==A=a===A==c===A=a=a'
 'A=A=a=A==a===A==a=A====a===Aa==B==b=====A===a===C===aA==a===C==d===A=aA==b===Aa=a'
 'AAa===Ba=D==e======A=a=a'
 'A=====B===a==A=a====B===c=====E==d====D==d===Aa=A=b===a'
 'A====A==a=A=a====E==e======A==a====a'
 'A===C=====a==A=====a===A==a====C==b=====B===c==A===c==a'
 'A=B==a===B==b=======C==a=A==a=====B==b===A===b=A===b==A==b=a'
 'Ba=====C==a===A==a====C==a=A==e====A==a=a'
 'A==B==a==B==b======C==b=B=====a=A=a=B===c====B==a==A==b=Ab==A=b=a'
 'A=A=======a====E===e==A=a=A=a===Aa=a'
 'A==B=a=B===a===B=a==B===b===A===b==A==c===A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 6, 132, A====B=a===D====d===A===b==a
AA=a======E===e=====A=a=a, 145, 3, 173, AA=a=====E===e=====Aa=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 5, 149, A=A=a====E===d======A==b=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 5, 49, A======E=====e===A=a=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 7, 173, AA=a=====E===e=====Aa=a
Accuracy: 0.0


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1422

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1741

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1330

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1725

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1295
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1809

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1380

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1783

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1323

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1775
Final centroids: ['A==C==aA===a=A=a===A==a=A=a==C=====b==A==b==A==a=A==b=A=b=a'
 'A=B===a==A==a==D==d=====D==d======C==b===A===c====A=a=a'
 'A=A=a==D===b===B=a==B===d==A==a==A==b=a'
 'A=====B=a==B===a==A==a=Aa===A====a===C==a=A=a==A==c=====Aa=A==c==A=a===a'
 'A=C===a===C==d====A==aA=b=a' 'A=A===a======E====c=====A===c=====a'
 'A=A=a===C===aA====a==B===a=====B==a==A======c====A==a==A==c==a'
 'A=B======a===B===aA===a===B==b=======A=====a===C=======b====B===b===A===b==A=c======a'
 'A======B===a===A==b========E====d============a=a'
 'A=A====a===E===e=====Aa=A===a=a'
 'A======D===b=======B===c======D==c===C===c=A=aA==c===a'
 'A==C==a==B==b===C===b=====B=====b===B===c=A=c==A=a=a'
 'A=B=a==D=====a==A=b===A==a==B=====a====A==b====A======cA=b=a'
 'BA=a==D==e===A==a==A=aa'
 'A=B=a==B==b=======B==a===C==a=Aa==A===b===B==b=A==d====A=a=a'
 'A=A=a==A=a===B====a=B===a====A===b===D===c====b======a'
 'BAa===A===a===A===a===D==b==A==d=====A=a=a'
 'A=Aa==C==a==B=a=B==c==A=a===A===c======a'
 'A=A==a===C==a=C===c=====C===e====a'
 'A====D===c===A=a=====A=b=Aa===D====d=====E===d===A====b====a'
 'A====C===a=A=a===B===c====D===c===C==d===A==b===a'
 'A=======E===c===A==a=A======a====C==a=A==b===A==c===A==a==A==b====a'
 'A=B=a===D==d==A=====b==A=a=a'
 'A=A=a===A==A==a=A==a====B====a==A===a====A=a==B===c======A==a==D===e===A==a====A==a=a'
 'A=A==a===A==aA==a======C===a==A==b======C===c======A=a===D==e=A==a====A==a=a'
 'A=Aa===C==aA==a==A==b====B=a==C===e=========A===a=a'
 'A=B==a==B==b===B===c========E====d=====B===aA==c===A=aa'
 'BA=a==B===a====A==a===C==a==A===d====A=b==a'
 'A=A==a===C======b=======A==a===B===b==D==c=====A====b=======C==a=A====c==A=b====a'
 'A=A=a===C==a======C===d=====A=a==A=a=b'
 'A=A=a==B==a===A==b=======E===e=========A==aa'
 'A=B===a===A==a=A===a===D===c===B=====b=A==c===AaAa=a'
 'A=A=a===D==a======B====c====A==a=A==c=a'
 'A=A=a====C===b======A==a===A=a=C==b===A===b====D===aA===d===A=b=a'
 'A=A==a====E===c=A==aA=a==A==b=b' 'A=A===a==A=a=====E===d=A====b=A=a==a'
 'AA==a===B==a==B==c===E==e=======A===a===C==c====Aa==a'
 'A==A==a===E==e===A=a==A=a=a'
 'A==E=======b==A===c======D===b==A===bA=c===Aa=a'
 'A=======E==e======A==a=a'
 'A=A=a===Aa==D====b===A=a==C===c==Aa=B=a==A======b===B=======d==A==a=a'
 'A=A=a=A==a====E===d====A==b==A=a===a' 'A=A===a===E===e=======A==a=a'
```

```
'AA=a===B==b=====A==a===E======e==A=a===a'
'A====Ba====D==b==A====b==B===b====B=====a=A=a==B==c======B==aA==d===Aa=a'
'A====A=a=A=a==E====d==A=a=A=b======a'
'A======D===c=====B==a=A=a=AaA=a==B==a==B==a=A==c=A=c====a'
'A==B==a==B==b=====A====b=====E=======d====A==b==a'
'A=A==a==B==a=A=a===B==c==========C=a==C==e====A==aA=aa'
'A=B==a===C===b====C====e=======a'
'AA==a==B==a==B==b======D===bA=d====Aa==A=a=a'
'A===B=a===B===a==A===a=A==a=====C===a=A=b==A===c==A=a=A===b===A==aa'
'A=A==a===C=====a==B==a=A==a===B==a===AaA===c==A=====c====A=a=a'
'A=Aa=A==a==C==b=Aa==D======e===Aa=a'  'A=======E====d==A==b==a'
'AAa=Aa====B=a==D======c=====A===c===A=a=a'  'AA=a======E===e====A=a=a'
'A======E==e==A==a===A=a=a'
'A=B===a==B==a=A=a===C===c=====A==b==A===b===A==a==a'
'A=A====a=A===a===E==e===A==a=A==a====a'
'A=A=a==C==aA==a=A==a===A==a===C===a=A==a==A====b===A=a=A===c==A=b===a'
'BA=====a==A=a====D====b=A=b===A===b====a==a'
'A=Aa=B======a====C==a=B=====a==A==b==A==b==A==b==A==b=a'
'A=A==a===E==e====A==a====a'
'A=====C===a===A===a====B==c======D===d=====D===d=====A===b===a'
'A=A==a====C==b=A=b====B=====a=C===a==A==a=A=aA==b===Aa==C==a=A======e====A=a=a'
'A=====E==e====A=a===A=aa'  'A==B==a==C==c=======D=====e====a'
'A=======D===b=====A===c=======E==aA==d==A====b=a'
'A==A======a==A==a==C==c=====B==b=A==a==A==a==A==a====B===a=A===b===E====c==A==c==A==a=A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 14, 151, A=Aa=B=====a====C==a==B=====a==A==b==A==b==A==
A===B=a=A===a===C==a=B==d===B===a=A==c===Aa=a, 18, 14, 34, A======B===a===A==b=======E====d===========a=a
A=A=a==A==a===C=b===D==d===B==a===A==c===Aa=a, 20, 12, 35, A=A=a==B==a===A==b======E===e=========A==aa
A=A==a==A==a=C==a=C===c==B===b=A=b===A=b=a, 35, 13, 37, A=B===a==B==a=A=a===C===c=====A==b=A==b===A==a=
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a==A==c====Aa=a, 58, 11, 97, AA==a==B==a===B==c===E==e======A===a===C==c====A
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1490


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1662


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1335


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1648


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1426


Iteration 6
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 1589

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1381

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1648

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1429

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1560
Final centroids: ['A=Aa==C====a===C====b=A==a==A==bAc===a'
  'A==C==a==C===b==A=a===Aa-A===a==A======a==A===b====A==a=A==b==A=b=a'
  'A=B==a===D====d=======C==a=B==a=A=aA=====d=======D===aA====c==A==c==a'
  'A=A=a==C=====a==A==aA====a====C======b=A==b==A=a==A===c=====a'
  'A=AaA==a====C=aB===d===B=====b====A==a=====D=====c===D===e====A==a=====a'
  'A==B=a===C==b==C===d=======D===c=====C==b=A=d=====Aa=a'
  'A=A=a=A==a==B==a===A=a====C=a===B==d===A==b==a'
  'A=A==a========E==d=======B===c===a'
  'AA=a===E==d===B=a=C====d=======A=====b=a'
  'A=A=a=A=a==B==a=A====a==A=a==A==a=A==a==A=a====C==a===a===C===c=A==c==A=a=A=aa'
  'A=A=a===C==a===A=aA=a===A=a===B=a=B==b=A==b==A=a=A==b==A=b=a'
  'A==B=====a===C=======b===A=b==A=a=====A====a===D======a==A====a=A======e===Aa=a'
  'A====C====a==B==a===B==c====B===b==A==c=======a'
  'A=Aa=======E===b======B==b=====B==a=A=a=A===c===B======c==A=b==a'
  'A=====B=a==C===c======D====e====Aa=a'
  'B=A=a=A=a==B====a=====C==b==A==c=A=a=b'
  'A====A==aA=a===E===d===A==a=A==b===a' 'A=A=a======E=====c====B====d=a'
  'A=C=======a==C====c===C=====e===a' 'AA=a==C=aC===e===A=a====a'
  'A==D====a=A==b===A==b======D===b=====A====c===A=b====a'
  'A=Aa==Aa==E===d=======D==e=====A=aa'
  'A=C===b=======A==a===D===c===C==d=A==b===a'
  'A=A=a===D====c======B==a=A==a=A==a===A====a===Aa==B=a==B==e======A=a=a'
  'A=Aa==B==a===C==d===E===d=====B====a==A==c====Aa=a'
  'AA=a=====D==c==A===a====D===b==A==d===A==a==a'
  'A====D==b===A=a====C=c=====C===d===D===d===A==bAa==a'
  'A=B==a===D===d======C====d======a'
  'A=Aa===Ba=B===a==A==a==B==b====B===a=Aa==B==c=====A=====c==A=a=a'
  'A=A=a===D==b===B===a==A=a===B==aA==b==A==b==A=a=A==c=====a'
  'A==E===a===A==c=======A===c==a' 'A=B==a==A==a===D===c=====A==b=A=b=a'
  'A=====D==c==A=a=======C=d======E===e====E===d===A==b==Aa=a'
  'A==E====b====B=c====A======c==a'
  'A======E====a==A==b===B==aA====a=A==c==A=====c==a'
  'A==Aa===B==a==B=a=C==c===A==b==B==c====A=a=a'
  'AA=a==A===a======C=a=C==c=====B==b===A==aA==c=====A=a=a'
  'A=====E====a==AaA==b===B========c=====A===c====a'
  'A==A==a=A==a=A==a===B==a====C==b===C===e====A=a=a'
  'A=A==a====B===a===A==b======Ca==C==e=======Aa==A===a==a'
  'A====D===a==A=a===Aa=A==c====D====d===C=====c=A==b=A==a=a'
  'A=====D====b=A==c=======E======e=======A==a=a'
  'A=======D===a=A==b===C===b====A=aA==a==A==b====B==b=A==c==a'
  'A=B=a=A===a==D===c======B====d=a'
  'A=A=a==C==a==B=a=B==b=A=b==A==c==A==a=a'
  'A==B==a==B==a==C===d=======D===c===B==b=A=c===A=b'
```

```
'A=B==a=B===a==C==c===C=====c===C===b==A====d==Aa=a'
'A=Ba=C==a===B==c=A=a=A====c=a'
'A=====C==a==Aa=B=a=B===c====A=a=A===c===a'
'A=A==a=====A=a=B==a==Aa=B==a==Aa=A=a==C==a=A=b===B==c==A=c==Aa=Aa=a'
'B=A=a==A=a=A==aA=a=A===a=A==aA=a==D===d==Ab====a'
'AA=a========E==e===A=a==A==a=a'  'A=Aa===E===c==A==b==A=b=a'
'A=B=a=A==a==B=a=A===b==B==a=A=a=====A==a===B======b====C==c===A=b==A=b=Aa=a'
'A=B=====aA=a==D==d===B==b======A==a=A==b==A=a===a'
'A=B==a=B====c========B==a==C===a===A==aA=b=======C==aA=====d==A=b=a'
'AA=a=====B==a===A==a==D===b=A==c==A==b=a'
'A=Aa====D===b=A==aA=a==A=a==C======a=A==c===A==aA==c==Aa=a'
'A=B=a==C=====b==A==a==C====b===A====b===B==a=A==d===A==a=a'
'A==D====a==B==c======A===c===a'  'A=A=a==B==a===B==a==C===a=A==c==A==c==a'
'A=B=a==A==a======C=a=A===a====B==a=A==aA=bA=c==A=b=a'
'A=A=a==Ba=C===b====B===c========D===a=A===e===A=====a=a'
'A=B==a====Aa===D===b===A=======d===a'
'A==C==a=B==c===C==d=======D====c===D==b=A=d=====a'
'A=C===a=a==B=a=A==b=A==a===D==e======a'
'A=====C=====a=A=a==A==a====C=======aA==c==Aa=A===b===a=a'
'A==C==a==Aa===C=====c===A===c==a'
'A=A=a==B=a==D==b==B===d====C==a=A===d=======a'  'A=======E====e=======a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 8, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 8, 153, A=======E====e=======a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 6, 63, A=A=a======E=====c====B====d=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 6, 148, AA=a=======E==e===A=a==A==a=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 5, 148, AA=a=======E==e===A=a==A==a=a
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1386

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1819

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1592

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1744

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1415

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1671

Iteration 7
```

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1364


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1776


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1507


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1735
Final centroids: ['A======E===b==A=====d===a' 'A==D===a===B==c==AaA===c===a'
 'A=========E===aA=b===B====b===B===a==A=a==A====c==B=====c==A=b==a'
 'A=A==a=A===a====B==a==D=d=====A===a==A===b====A=a=a'
 'A=B==a==A=a=B====a=Aa==B=======a==B====d===A==b=a'
 'A===A=a==E===bA=c==A==b=A=aa' 'A==A====a=A=a==E===d===A===b===A=a==a'
 'A=B==a===C====b=======A==a===B==a=B==c====A===b======B==a=A=====c===A==a=a'
 'AA=a=====E===e=======a'
 'A=B==a==A==a==A===a=B=b==Aa==A==a==A=a=====A====a===C==a====A==b====C====c==A=a==A===c==A=a=a'
 'B==A===a=====A=a=B==aA==a===C===c====C==e=======a'
 'A=====D===b==A=a==A=aA==b===D==d====D===d===A==a=A=b=a'
 'A===B==aA==a===B=a=A==b====A==b=====B===a==A===a==B===a=A==a===C===c===A=a=A==c==Aa==a'
 'A=B===a=A==a======C==a=A=a==Aa=B===c====A==a=A=a=A===c====a'
 'AA==a=====E===d=====a=a'
 'A=========D==a=A==a=====B====b===A===a=====B=====c====A=====b=Ab===a'
 'A====E======b====B===a===A===a==A===a===A===a=A=======e===a'
 'A=A==a===C===c======B=a===D==aA=a=A===d======D=========c==A=c===a'
 'AA=a====E==d===A===a==A=a=b' 'A=B==a=======D==c=====B===d===a'
 'A=====D===c===Aa===A==a=A=a======D===e=====D==d==A===a==A=a=a'
 'A===A====a==A==a=A==a=A===a==A==a=Aa==E==e===A==a===a'
 'B=D=====b===B=b=Ab====aA==b=a'
 'A=B==a==C====b======A==a==B==a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
 'A=B===a==A==a=B==a===C==d====B==b==A=a===a=A=a==a'
 'A======B=====A==a====C==a==A==c==A==c==a'
 'A=A==a=A=a==A=a=A===a==B==a=A=a=======A==a====C==aA==c===D==d======A==b====a'
 'A=C==a==B=====c======B==a=B==a=A===a=A===c=======D==a=A=====c=A==c=a'
 'A=A==a==A=a==B==a==D====d====A==a=A===b===Aa=a'
 'A==A=a==B=a=A=a=A=b=========E===e=========Aa=A==a=a'
 'A=A=a=====C======a===C====e==A=a=a'
 'A==A=a==B====b=======C=aA==b=====B==a====C==b=A==c==A=b====a'
 'A===C=====b======C=a=B==a=Aaa=A==b==B====b==A==c===A=a=a'
 'A=====C===c===Aa==C==a==C==d======B==b====A===a==A==a===a==a'
 'A=A=a=A===a====E==e==A==a=A=a==Aa=a'
 'A=A==a==A=a===E==c===A==b====B===b===A==b=====a'
 'A==A==a=======E===c=====C=====e===a' 'AA=a==Aa===E===e====Aa====A==aa'
 'A=A=====a====Ba==D==e====A==a=A==a=a' 'A=B=a===D====c=====C======e====a'
 'A==B==a=A===a=======D==aA=====a==A==a==A====aA==c=A==c==a'
 'A=B=a==B===b=====A==a===B======a==A===a=====C=======d==A=b=a'
 'A=A==a===B=a=C=====c=====D==d=Ab=a' 'B=B=a=A=a==C===d===A=aA==b====a'
 'A======B=a==B===a==C==d====B===a=A==c=======a'
 'A=Aa==C==aA===b=====D===e====Aa==a'
 'A=Aa==B=a==C==a==Aa=B=====d====A==a=A==b=a'
 'A=A=aA==a==C========a=====B===a=B==e=====A=a=a'
 'AA=a==B==b=======A=a==D==a=A==c=A==b==========E=d======a=a'
 'A====E====d===A==b==Aa=a' 'A==C==a==C===c=====C===e======a'
 'A====E====d===A==b===A===b====CaC====e=======A==a=a'
 'A========E==d===A==b==A==aa' 'A==B==a==C===b==Aa=====C=====e=====a'
```

```
 'A====D===b=A=a==B=====c====D==c===C===d====A===b=a'
 'A===B=a=B=====a==B==d=========E====e====A==a=a'
 'A====B=====a=B==b===D===d=====A==a==A==b======a'
 'B=B=a=====C===d==Aa=A===a=b' 'AA=a====E===e=======Aa=a'
 'A=A=a=====E====b==Aa=B==c=====Aa==A==c=a'
 'A=======C==a=A==b=====Ba=C======e====A=a=Aa=a'
 'A==Aa===C===a=A====b===D==========e=====Aa=A=a==a'
 'AA==a===B==a=A==a====D===aA==d===A=b===a'
 'A======E====b=Aa=A===a==A=aa===C==a=A==a=A==d====B=a==A=c=====a'
 'A==A========a===E==e===A==a==A==a=a'
 'A===B==aA=a====B==a=B===aA=a=A==b===A==a=C===d======B===a==C==d===C==c===A====b==a'
 'AAa=====E==e====A==a====Aaa' 'A==C====A=a=A=a=B=====c=====A===c==a'
 'A===A==a===C==a=B=aB==b==A=b===B==d==A=a=a'
 'A==C======a==A===aA====a===B====a===B==d===Aa=A==b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 9, 121, A=B==a=======D==c=====B===d===a
A=B=a=A=a===D==d=====A===b===a, 12, 7, 121, A=B==a=======D==c=====B===d===a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 8, 120, A======E===b==A=====d===a
A===B===a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 8, 39, A==A=======a===E==e===A==a==A==a=a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 7, 168, B=B=a=A=a==C===d===A=aA==b====a
Accuracy: 0.022727272727272728


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1458

Iteration 2
Found empty cluster
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1920

Iteration 3
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2012

Iteration 4
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1355

Iteration 5
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1840

Iteration 6
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1377

Iteration 7
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1821

Iteration 8
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1297
```

```
Iteration 9
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1818

Iteration 10
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1390
Final centroids: ['A==B==A==a==B===b=====C=====e===Aa=a', 'A=A=a===C==a====C==c===A=a===B======a==A==b==A=a=A=
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b=A=====a=A=a===B======a=====C===a=A==b=====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 26, 56, A==A==a=
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 56, A==A==a==
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 28, 56, A==A==a==
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a====C==a==A==a===C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 27, 56, A==A==a=
A==A===a==A==a==B=a=B==b===B==b==A=a==A=a==A==a==C=======b==C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 25, 56, A==A==a=
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1761

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2137

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1634

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1963

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1800

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2208

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1628

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2151

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1774

Iteration 10
```

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2228
Final centroids: ['A==D=======a===A==c=======C===b====C===e====Aa===a'
 'Ba=====C=====a==C==e========E=====e=====A==a=a'
 'A=AaA=a==C==c==A=a===E=====e=====a'
 'A==A=======A==a=A=a=====D===c==A==c======C===b=Ab=======A=a==E==e====A==a====A===a==a'
 'A=A=a===B=a=======D==c==A=a===A===c==Aa==a'
 'A=B==a==A=a==B==a==C===d=====A==a==A==b==A==a=a'
 'A=A=a=A===a=A==a=A========C=====a=A==b===Aa==C===d=====B==a===C==d===A==a=====A==b=a'
 'A==C====a===B===c=====C==aB==aA===d======A===b======a'
 'A=A=a===B===a===B==a==C===a=A==e=======Ab' 'A=Aa===E==d==A==a==A=b=a'
 'A=C==aA==a==B==d=======E===c==B===d=====A=a=a'
 'A=A=a=A==a===B==aAa=======D===c===C===e====A=a=a'
 'B==A==a==D===c===A==a=====a=b'
 'A=======C==b===B===c===A=a====E=====c=A==c=======B==b======a'
 'A=A=a==C===a=A==a=A==a====C=====a=A==c==A==aA==c==A=a=a'
 'A==D=====b==A===b=====D===b===B=====e=====a'
 'A===D==a=B===d===A===b===a' 'A=A=a=B===a===B==a===C=====d===A=b==a'
 'A=====C==a==C=====a=A==b=A===d==A=a==a'
 'A==A==a=A==a===B=a=A==b====A=a=A==a=A===a====A=a==C==a==A==b====D====c==Ab====A=b==A=a=a'
 'A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a'
 'A=A=a===C===a==A==a==C===aA==c=A=c=====a' 'A====DaB====bAd======a'
 'A===A=a===E===e========A==a=a'
 'A=====D===a==A===c====D=========e====A==a=a'
 'A===B=a=D==c===A=a==A=a==A=a=====B==a=A===b==A==c====B==a===C==d===A=aa'
 'A==B====a===B=====aA=a===B===b===C==d===Ab====a'
 'A=Aa====C==a=A=b==D=e========D==a=A=d=====A==a=a'
 'A====D===a==A==a==Aa==A=b======C=====c===C=====d=Aa==A==b==a'
 'AA=a==E===d==A==aAb==A=a=a'
 'A=A=aA==a===A==a=A==a====A=a==B=====a====D==e==========a'
 'A===B==a===A=aA=a=A==a=BaA===a==A==a=A=a==B===c=====C===a=B===d==B=====b==A===b=a'
 'A====E======d==A=b==a'
 'A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e========a'
 'A=B====a===B===b======B==a===B==b==Aa===C===c======A==a=A==b=A=b==A==a=a'
 'B===B==a=====B==a==B===a==A==d====A==b=a'
 'B=Aa==B==a====C==b==A==b==A==c==A==a=a'
 'A===A=a===A==A=a==A=a===D===b==A==b==A=aAa===C==d======A===a==D==e====A==a===A===a=a'
 'A=Aa===E=====e===A=a===D===aA==c==A=a===D==e====C===a==A==c==A=aA==a=a'
 'AA==a====C==b==========C==a=B=b===A===b=====C==aA===d=======a=a'
 'A=====E===c===AaA==c===a'
 'A========D===b==A=a==A===a===C==aA==a=A==c===A=aA===b=====a===a'
 'A=A=a=====B==a==A===a==A==a=======D=====b=A==c===A==a===A===b====a'
 'A=A==a==A==a====E===d==A==a=A=b==Aa=a'
 'A==C==a==B=====c=======D===a==A====a===A==b==B===b=Aa==A===b==A===c===a'
 'A=B==a====B=a=C====c====C=====e===a' 'A==Aa=====E==e====A==a==A=aa'
 'BA=a=====D===d===A=aA==b=a'
 'A=A=a====B===a=======A==a===C=a=B=c==A===b=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A=A==a==B====b=======Ba==D====b=A=====c======B==a=A====c==A==a=a'
 'A=A=a==B===a====D===d======B==c===A=a=a' 'AA=======D==e=======A==a=a'
 'A=====C==a==B===c====D==aA=====e====Aa=A=a=a'
 'A====A=a===E===e=====A===aA=a=a'
 'A=A==a=A===a=======C===a==A=a===A==a=A===a===A=a==C===c==A==b===A==b=a'
 'A=Aa===E==d===A==aA==b=a' 'A=A=a=Aa======E==d====A==b=A==a=a'
 'A=Aa===B===a==B===b====C=a=B====c=A=c===A=aA==a=a'
 'A=======E=====b=A=a==A==a=Aa==B======a===A===c===A=a=B===d==Aa==a'
 'A===B===a==A=a===B==c===E===e====E==e=====A====a=a'
 'Ba====C==a=BaB======c=====B==d=====A=a=a'
 'A==B=aB==a===B===a===B==a=A=====a==A=======e=======a'
 'A===A==a==Aa==B==a===C=====a=A===c=======D====d=====Aa===C====b==A===b===A===b=a'
 'A=A=a===E====d======C======d===Aaa'
```

```
'A=Aa===B===a====A==a===D===b==A==c===A===b=a'
 'A=A==a====C=a==BaB===b=A=aAa==A===d===Aa===a'
 'AA==a==B==a===A=a===D====a=A==e====Aa=a' 'A===E===a=A==d====A===b==a'
 'A=====D====a====B==a=A==d===A==a==A==b=a'
 'A=A=====A===b=======D=aB==c=====B===b===A==a=A==c===A==a==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 82, B==A==a==D===c===A==a=====a=b
A=A=a==E==b==B==b====A=====d===a, 88, 9, 73, A=A=a=Aa======E==d====A==b=A==a=a
A=A=a===C==a=A=====a==B=a=B===e==a, 100, 9, 82, A=Aa===B=a====C===a==B=====e===a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 9, 142, A=B==a====B=a=C====c====C====e===a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 8, 33, A===D==a=B===d===A====b===a
Accuracy: 0.01818181818181818


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1383

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1823

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1376

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1756

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1313

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1843

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1284

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1668

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1320

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1646
Final centroids: ['A===E====a==A==b==A=aA===d===a' 'A==Aa=B==a==B====b=====D===e========a'
 'A==C===a==A==a===C==d=====D=====c====C==e=======Aa=a'
```

```
'A==D==b==C====b=Aa===B===aA===a=A=a==A=a=A===c=====C===aA====c===A==c==a'
'A===A=a===E==e======A==a=a'
'A==Aa===B==a==Ba=C===c=A==a==B==d========a'
'A=Aa====B==a==Aa=A=b=====C=a=C===e=======A===a=a'
'A=Aa===B===a===B==c=====Ba=D==e=======Aa==A=a=a'
'A==A=a===C==a=====A=a==A=a====C=====b==A=c===A==a==A==b==A=a=a'
'A=======D=====d======E=====e========a' 'A=B=a=B==a==C====d=====B==c===a'
'A=A=a===B====a==A==a===D===b=A=c===A==b==a'
'A=B=a==B===b=====BaB=a=B==c=A=a==B==b===A==a=A==c==Aa==Aa=a'
'A=B==a====C=====b===C===e===a'
'A=A==a==B===b=======A==a===D====c=Aa==A==b======E======e====A=a==a'
'A=======C===b===A=a===A======a====D======bA===c=====Aa=A====b=====a'
'A==D==aA==a==A=aA=a=B===bAb==A=a==A===c==Aa==a'
'A=B==a==A==a==B==a===C==d=====B==b==A===b==A=a=a'
'A=====E===c==A=====b=A=b=a'
'A=Aa==B===a==A=a==A===aA=a====D===e=====D==d====A==a==A=a=a'
'A===B==a==D==e==A=a=A==a=Aa=a'
'A=====C===a==A=a==A=a=A=b======D==d=====C==d=====A=a=A==a=a'
'B==A===a==Aa==D==c=====C=====d==B==b==A=b===Aa=a'
'A=Ba=C======a=A==b====C==c=====C=======e====Aa=a'
'AA==a=======E===e===A=a=a'
'A=======C===a==A==b=====A=a==D===e==========A==a=a'
'A=Aa===B===a=A==a==B=b=====A==a=A==a==A=a==A==a===D==a=A=b====B==a==A==b=A==d=====a'
'A==E===a==A==b==A=aA===d====a' 'A=B==a==B=a=C=====c======C==e====a'
'A=A=a===B====b========Aa==E===a=A=b=A=b=======B==a==A===c===A==b==a'
'A=====E===e====A=a==A==a=a' 'A=A=a======E===e========a'
'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a' 'A==A=a====E===e=======A==a=a'
'A=A=a=B==a=A==a==A==a==a==B======a==D==d==A==b=====a'
'A=Aa=====D===a==B==b==A==b======A=a=Aa=A=a=A=c===Aa==B==a=A=b=Aa=a'
'A====B==A==b===D==e=======D===c===B==b==Ab=====a'
'BA=a==D==d==AA=b====A=ab' 'B=C=aA==a===B==c==Aa==A===c=a'
'A=B=a===D==a=A===b===B==e====a'
'A=====D===a=A==d====E=========e=====A==a==a'
'A=B=a==A=a==D===c=====B====d==a' 'AA=a=====E==e=======a'
'A=A=a===B=a==C==b==C==e=====B==a===A===b======a'
'A=Aa===C==a==B==b==C==d=====C==c=====A==b=A=a=a'
'A====D==b=====C=e===C==b====C===b==B=====b=====B===d=======a'
'A=======E=====b====A===d======E=======d===A==b==a'
'A=A==a==B==a==C=a=B===c=======A===c===A=a=a'
'AA=a====E===c====A==c======D=======d==A===a=a'
'A==D===a=A=====a===A=a=A=a====B=====a=A==a====A==a=A==d==Ab==a'
'A==B==a=B===b===C==d==========E===b==B===e==========a'
'A=A=a=A===a===E===c=A==b=A=b====a'
'A====B=a=C===d========E======e=====a'
'A=A=aA=a===B===a====D==b==A==c===A=b==a'
'A=Aa==B==a===D==d==B==c=====B==a=A==b=====a'
'A=B=a====D==b=A==aA=a===A==a===B==a=A=a=A===b==A=a==A===d====a'
'A=A=a====C==a=A====a==C==c=====B===a=A=a=B==d====A==a=A====b===a'
'A=B==a=A=a====C=a==B==e====B===b=A===a==A=aa'
'A=A=a====E===e=====A=a=a' 'A==C==a=B===b=Ab=====D=====e====a'
'A=Aa==B==a===D==aA===c==Aa===A==c===A=a==a'
'A=A=a==B===a===A==a===D===b==A===c==A==b==a'
'A=A=a==B==a==A===a=A=a=Aa===D===a=A==aA=c===A==a=A==b=Ab=a'
'A===D==c===D===d===Aa==A=b====a' 'A=Aa=Ba==C==b======C====e===Aa=a'
'A=B=a=A==a==A==a=A=a====B=a=B=====a==B===e====A=a=a'
'A==B=a=A==a=======C=a=B===a==A==a=A======d==Ab=A=a==a'
'B=A=a===D==d====A==a=A==a=b' 'A=B==a=Aa===C=====b=====C==e===a'
'AAa===B==a===B==a===C===a=A==d==A=b====a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 13, 166, A==B==a=B===b===C==d==========E===b==B===e=====

```
A=D===a=A==b==A==c======E===c==A===b=Ab====Aa=a, 16, 13, 8, A====B==A==b===D==e======D===c===B==b==Ab=====a
A=B======a====A==a===B====b====D====e=====Aa==a, 93, 12, 101, A=Ba=C=====a==A==b====C==c====C======e====Aa=a
A==E=======b==A==a===B====b===A=====d========a, 132, 12, 111, A======D===a=A==d===E=========e=====A==a==a
A===D==aA==b===B==b======C===c==B===aA=d===Aa=a, 151, 13, 8, A====B==A==b===D==e======D===c===B==b==Ab=====a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1890

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1836

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1684

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1922

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1782

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1779

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1584

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1882

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1702

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1826
Final centroids: ['A=Aa=B=a==D==c======C====e======a'
 'A==A===a====B====a========A=a===D==c==Aa=A=aA==b=======B==a=A====c=====A==a==a'
 'B=a====B==a=====A==a===D===a=A=e==Aa==A=a=a'
 'A=B==a===C===a==B==e========D======d===A==a=a'
 'A===A=a===E==e========A==aa'
 'A====D==aA==d====C==c========E===d====D===bA=d========a'
 'A====A==a==A==a=B==b===B==b=A=a===A======a====C======b==D===c==A=b=A=b=====a'
 'A==Aa===C======a===B===a==A==b======C==a====A=a==A===c====A=======c==A=a==a'
 'A==E===c===A===a====C===a=A===c==A=c==a'
```

```
'AAa==A==a=====E==d===A=a===D==e===A=a=a'
'A=Aa==A=a====C===c========E===e=======A==a=a'
'A===B=a==C=====c====B==a=A=a=A=a=A==a=A==a====C=========e===Aa=a'
'A===D====a=A====b===C=====e=====a'
'A=A==a==A=a==Aa=A==a==C=====b=A=a===B==a=B====c====B==a=C==d===A==a===A==b==a'
'A====C==a=B====b======C====e======a'
'A===C==aA==a=A==a=B==a==B===b====A===c==A===b==a'
'A====E===b==A=a====A====c==D====d===D===b==A==d=====a'
'BB==a===C========c===A==a=A=a=A=a=A==a==A=a=A==a===b===B==aA==aA===b=A=a=A==a==Ac'
'A=B=a==C==a==B===a==A=====e===a'
'A=A==a===D=======c====A==a===D=====c=A=a=A=b==Aa==B===a=B===d===Aa=Aa=a'
'A=Aa=Aa===E===d=======C===a=A=d=====a' 'A=A=a==E===d==A===a=A==ab'
'A===D==a=B==d===A=====b=a'
'A=Aa===B==a==B=a==B==b===A=a===C===e===A=a=a'
'A=A=====D====aA=a==A===c=======A=a=A===c==a'
'A=A=a=A==a===B==b=D====b===B==c====D==d===A=b==a'
'A=A==a=A=a====E==e===A==a=A=aAa==a'
'C==a===C=a=B==b======A=a=A==d===a'
'A==B==a==B====a=a=A===b========E======d=====A===b=a'
'A==B=a==B===a===C===b=A==a==A==c==A==b=a'
'A==Aa=B====a====D===c===B==aA==d=====a'
'A========E===c=A=a=Aa==A=a===C===a=A==a=A=====c===A==aA====c==Aa=a'
'A=A=a=B=a==D==d=======C===d=======a'
'A==A==a===C===b======B==a===B====b===C====c===B===a=A==d======A=a==a'
'A=Aa====C=====a===C=b==A====a===B==a===A=a=A==b====A====d===A=a=a'
'AA==a==A=====a=====A===a===E===c==A==b====Aa==B==a=A===c====A=a=a'
'A=A=a====E===d=A==b=A=a=a' 'A==B=a===D==d===A==a=A=b==a'
'A====A==a===E===e==A==a==A===a=a'
'A===Ba==B==a==C=======d===A==a=A==b==a' 'B=A=a=D==e===A==a==A=a=a'
'A=A=a===Aa==A==a==Aa==C===b==A=a=A==a===D===d=====B===a=B===c==A==a=====A==b=a'
'A=A=a=====E==e====Aa===A==a=a' 'B=B=a===C==d===A==a===A=a=b'
'A===Ba=B==a==B==a==A==a===B===a=====A===c===A===a=A===c=a'
'A==C===a=A==b==A==b=====E==d=====B==b=A=b===A=aa'
'A======E===b=A==a===A=====a==B======a==A==c==A=a=A==c=====a'
'A=D===a==A==b==B===b=====C======a===A=======d===A=b=a'
'A=A=a===C=======a==A====a===B===a====B===a=====A=a=A=c=====B==b=A=b=A==b=a'
'A=A==a====C====b========B===a===C=====c==A=b=A=b=======C===a==A==c======A==a=a'
'A==B=a===D===c=====C======e=====a'
'A==B===B===b=====C===aA====a=A=====a==A====b=A==c==Ab===a'
'A==B=a=A==a===A==a=====D===d====B==a=A=c=======a'
'A=A=a=A=a===B==a=A=a====B===a====C==e=====A=a=a'
'A=C==a=B=a=B====b====B====e==a'
'A=A==aA=====a=====E========c=====B====c=C=====b=A==c===A=a=a'
'A=======E===b=====A=a======a===C==a=A==a==A===c===B==a=A===d======a'
'A====A==a=A=a====A==a===D===b===B==d=======C==a=A==b==Aa====B==a=C===e====C==c====B===b====a'
'A=A=a===D====a=====B====c====A=====c==a'
'A==Aa====D====c=====D=====e=====a' 'A=AaA=a==E==d====A=a====aa'
'A==A====a=A==a========DaB====b=A==c========D====d=======C==a=B===c==A===b====A===b==a'
'A=Aa====D===a=====A=a=A===a===B===a====A===c=====B=====d===a'
'A=A==a==C=a=C===d======C===d===a'
'A==A=a===D===c==A=a==A==a==Aa===D====aA==d=======C===d===A=a=a'
'A=C======a=A====a==C===c===B===b==A==b==A=b=a'
'A==A=a=A=a==A=a===B=a=C===a=A==c====D======d=====B==a=B===c==A==a==A====b==a'
'A=B==a====B=a=C===c======B==d===a'
'A======D===b==B=a=B===e===A=a=A==a==A==a=a'
'AA==a=C==a====A=a===C===a=A==d=A==b=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 10, 135, A=A=a=B=a==D==d=======C===d=======a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 11, 92, AA==a=C==a====A=a===C===a=A==d==A==b=a
AA=a===E==c===C=====e=========A====a=a, 90, 10, 117, A====A==a===E===e==A==a==A===a=a
```

```
A=====D====a=====B====d====A=====b==a, 107, 5, 61, A=A=a====D====a=====B====c====A=====c==a
A=A=a===D===a===B====c====A======c==a, 109, 5, 61, A=A=a===D====a=====B====c====A=====c==a
Accuracy: 0.01818181818181818


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.010454545454545456
++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 80

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1781

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2201

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1908

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2038

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1819

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2000

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1687

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2045

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1828

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2087
Final centroids: ['A=B==a=B==a=B==b===C===c===A==a==A======c==a'
  'A=A==a====C====b========B===a====C=====c==A=b=A==b========C===a==A==c======A==a=a'
  'A=AaA=a===E==d====A=a====aa' 'AA=a===B==b=====A==a===E======e==A=a===a'
  'AA==a===B=a====D===d==Aa==A==b===A=a=a'
  'A=A=a===B==a======B===a===C==c====A===b====C===b=A==c===A==a=a'
```

```
'A===A===a=====Ba====D===c=A==c======C==b=====C===a=A==d===A==a==A==a=a'
'A=B==a==B=====b====D==c=A=c====a'
'BB==a===Ba=B=aA====a=A==a===A==d==Ab=a' 'A=A=a=====E===d=====A==ab'
'A=Aa===E=====e=======a' 'Ba=A==a====E==e==A==a==A=aa'
'A=B=====a==A==a===B====a=C===a=A==c===Aa====B===c=====Aa==A=a==B==c===A===a===A====a==a'
'A=A=a==C==a===Aa=C===d====A==a=A==b=a'
'A=====C=====a===B==a==B====b===A===c==A==b===a'
'A=A==a====B==b========E==a==A==c==A=a==A===c====D===b==A==c=====A=a=a'
'A===A=====a==A==a=A==a=A===a==A==a=Aa===E===e==A==a===a'
'A====D===c===A=a=====A=b=Aa===D====d=====E===d==A====b====a'
'A=A=a===A=a===E===e===A=a=Aa=a'
'A=====D===c===A=a=A==a=A==b=====E===e=====E===d======A==b==Aa=a'
'A=B==a========D===c======C===e====a'
'A===C=====a===A=a==B==c======D===d==D====e====Aa==Aa=a'
'A=C==a==C==a=A==b=A=a=A==c==A==b===a'
'A=A=a====C===a=A===c===========E===e=======A=a==A==a=a'
'A====A=a=A=a==E====d==A=a=A=b======a'
'A====B==a==C==b==Aa====C=======e====a'
'A=A==a===C==a=B========aA=a==B====e=======a'
'A=A======a===E====d==A=a=A=b====a'
'A====C=====a=======C==d=====C==b===C==d===A====b=a'
'A===A===D==d==Aa===D====e=====a'
'A=B===a=A==a====D=e======D====b===B======d====Aa=a'
'A=A==a=A=====a======C=a==C===b===A===b==A===aA==c=====A==a=a'
'A======E=====c===B==c=C==c=====B===a====A=a=A==b======C====c=A=b=a'
'A=A=a====D===c=====A==a=A===a==D=====a=A===c=====A=a==A==c===A==a=a'
'A=Ba=C======a=A==b====C==c=====C=======e====Aa=a'
'AA=a==C==a===A==a====C==b===B==d==A==b==a'
'A=B=a=A==a===B=a===A==a===C===b====B==d====A=b===a'
'A==D==a=A==b==A===a===C=====a==A==e=========a'
'A=A=a==A===a========E=====b=====A===b==A====b==A=b===A=aa'
'A=Aa===C=a=====A===a==C===b=A==c===A==b=a'
'A=A===A==a=A=a======A==aA=a==B======b===B===c====A==a=D=d=======B====a===D===d======B==b======A===b===a'
'A=B==a=A==a=A==a===A==a=====B==a=A=a===C==e=====A=aA=a=a'
'A=====E==c=======A=aA=c=====C==c=====C==c===A=a=A=a=a'
'A=====C=aB==b==Aa=A=a=B==b====C=====a=A=a=A==b===A======d===a'
'AA=a==A=a=A=a==B==a===B=a=B==b===C==e=======a'
'A=====C===a===A===a===B==c======D===d=====D===d=====A===b===a'
'A=A==A=a=B==a====C==e========E=====e====A==a==a'
'A===A==a=Aa===B==a===C=====a=A===c=======D====d=====Aa==C====b==A==b===A===b=a'
'A=A==a=Aa=A=a====E==e==A==a=A==a==Aa=a' 'AA==a=====E===d=====a=a'
'A==B=a=B==a==B==a==A======c==B==b=A==a=A=a==A===a====C====aA==a==B====b==A===b=A=c===Aa==a'
'A==A==a===D==d=======E===e=======a'
'A=A=a==A=a===B===a=B===a====A===b===D===c====b======a'
'A=Aa===B=====a==A===b=====C=a=C=====c=A=c=======A==a=a'
'A====C===a=A=a==B===c===D===c===C=d===A===b===a'
'A=B=a=B=a==A=====a==A==a===A=aA==a===C==c=A==c=====a'
'A==A==a=A==a===A==a===A==a=A=a=B==a=A=a=A==a==A==a====B==a===A==a===C=====d==A==a=A==b==A=a=a'
'A=Aa====E===d=======C==b===A===a===C=====b===A====b==A==a==A===c=====a'
'A=A=====a===E===e====A=a=A==aa' 'A========E===e======A=a=a'
'AA=a===D==d=======E===e===Aa==A==aA=aa'
'A====E===a===A===a=A===b====B====b==A====b====A====c==a'
'A====C==b=A=a====C===d=====C===c====E==e==A==a=====a'
'A=B==a==A==a==C==b=C===c===A===a==A==c===A=a==a'
'B=B=a=A=a==C====b======A=====d=a'
'A=B===a===B===b======B==a===B==b==Aa===C===c======A==a=A==b=A=b==A==a=a'
'A=A=a===C==a=A=a===B==c========D=a=A===d===A===b=a'
'A=A==a===E===e====A=a==a' 'A==D==a===B==c==AaA===c===a'
'BA=a=====B=a=C=aA==c===A======c=a' 'A=Aa==E===d===A==a=A==a=b'
'A==B=a==C===a=A===a==B==a=Aa==A==a==A=a=A==b=====A===aA==d==a'
```

```
 'A==A==a======E==b=====B===e===a'
 'A=A=aA===A===b=======D===b==B==a=Aa==B===b===A===b===A==b===A==b==a'
 'A==B==a=A=a====D==d==C===c===A====a==B==c===A=a=a'
 'A=====C=a=A=a====C==b=A==b===B==d===A=a=a'
 'A=========D===b===A==c==========E====e====A====a==a'
 'A=B==a==C=====a==B==d======D======d====A==b=a'
 'A==D======c======D===aA=aA=a===A==a==A==aA=b=A=d=====a'
 'A====E==c======A==aA==b====D==d===C===c==A==b==Aa=a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c=====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 23, 46, A=A==a===C===
A=A==a====D====c========B=====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 17, 46, A=A==a===C===
A=B==a===C======c=======B=====a==C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d==A==b=a, 60, 19, 46, A=A==a===C====b
A=A==a====C====c========A==a====E====c=====A===b========C===a==A===d=====A==a==a, 46, 13, 46, A=A==a===C====b
A===B==a==C=======b======B==a===B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a==A===c===A===b==a, 52, 20, 46, A=A==a===C===b=
Accuracy: 0.004545454545454545

+++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1562

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1882

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1562

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1959

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1572

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1868

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1612

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1896

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1553

Iteration 10
Found empty cluster

```
Terminal measure: Et = 1937
Final centroids: ['BB=aB====a===B===d========D===c===C====e=====A=a=a'
 'A====B===a===A=a===B===c======E===e=====E===d===A==b====a'
 'A=Aa=Aa==C=====a===B=d========E=====e=====A==a=a'
 'A==B=====aAa===A==a=A===b====B==b==A=a==A=a=====A===a=====D===aA==a===B====c==A===b=A=b====Aa==a'
 'A===A=a===A==A=a==A=a===D===b==A==b==A=aAa==C==d======A===a==D==e====A==a===A===a=a'
 'A=====C==b===A=a======C==d=====E==d===D===d=====A=a=A=a=b'
 'AA==a====B===a==D=====d=======A==b==A=a=a'
 'A=Aa==Aa==E===d=======D==e====A=aa'
 'AA==a==A====a=======E====aA=c=====A===b===A===b==A==a===A==a=a'
 'A=====D==a=====B====c====A=====c==a'
 'A==C==a=B==c===B===a=B====c======D===e========Aaa'
 'A====B=======a===D====d======A==b==a'  'A=B==a===D======c=====A==c==Aa=a'
 'A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a'
 'A==A=a==B===b======E==a=A==b======B==b===A==b=A==c====A==a=a'
 'A=A=a==B=a==D==b==B===d====C==a=A===d=======a'
 'A=====C=====a==C==c===A=a=A==c=====a'
 'A==B===a=A===a=======D=======b====A===a==A===b==A==c===A===a==a'
 'A=A=a=A==a==A==a=A=a=Aa=Aa=B=====a==A===b===A==a=====E==e========AaA===a===C===c====A===a===A===a===a'
 'A=Aa=A==a==A=a==B===b===A=a=A=a========A==a====D======b==C===c==A==b=A=b====a'
 'A==AaB=a=B=====b======D====e=======a'
 'A==B=aB===a=A==a====C==c===A===b==A=b==A==a=a'
 'A=A=a=A==a===B==aAa=======D===c===C===e====A=a=a'
 'A=Aa=A=a==E===e===A=a=A==aa'
 'A=Aa=B==a=B==a=B==b===A===a==A==b==A=a=A====a===D====c=Aa===A=a=B==b===A==b==A==b=a'
 'A=A==a===D======a=A==b==B===a====A===a==B==a=A=a=A==b==A=====c==A=b==a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a'
 'A=A==a=====D==a==A==b===C==c====A====a=A==a=A==b======A===b=A=a=A=a=a'
 'A======D===a==A==b====C==========e====Aa=A=a=a'
 'A=A==a==B===b========C==a==C===d====B===b===A=====a==A=b==A==a=A=a=a'
 'A==B===a=B==a===C====c===A====c===a'
 'A==A=a=======B==b====E==e===A==a=A===a==A=a=a'
 'B==B==a===C===c====A=====c==a'
 'A==D===a=B=====c=====B==a=A===a=====B======b====B====a=A========e===a'
 'A==B=a=C==a===B=a=A===b===Aa==A=====c=b'
 'A==B=a==B=====a=a=A===b========E=======d=====A===b==a'
 'A====E====c=====Aa=A==b====A===aA==b=a'
 'A=B==a=B=====c=======B==a==C===a===A==aA=b=======C==aA=====d==A=b=a'
 'A===C==a=A===a=A==b=======D====b===B=====e=======a'
 'A==B==a==B==a==Aa=A===b=======D==aA==d====A===b=a'
 'A=A=a===E==c=A=b==A==b==a'
 'A=A=a==B===a==A===b====CaC====e=======A==a=a'
 'A==Aa==B==a===Aa===D=a==A==d==A=b===a'
 'A=A=a=A=a===B===a==Aa==B========a===A==a=A=a====C====b=====B===a=A====c===B===a==A===d===a'
 'B=B==aA=a==C==e===A====a==a'  'A=C=======a==C====c===C=====e===a'
 'A=A=a=A===a====E==d==A=====b====a'
 'A=A=a==B===a===C==c=======B=a=Ba=B==c==Ab=========a=a'
 'A=B==a===D===c=======B==a===B======c===A==a=A==b======B====a=A=b=Ab===A===a=a'
 'A==C=====a==B==a==A=aA=a==B===b====B==e========a'
 'A======E===e====A=a==A==a=a'
 'A===D===b==A=a=====C==e======E===e=====E===d====A==b====a'
 'A=A=a=B=a==D==c=Ab======C====d=====a'
 'A=A=a===C==a=====C==d=====A=a==A=a=b'
 'A=A=a===C=====a===A===a===BaB==c===A====b==C======c=Ab==A=a=a'
 'B=====D===d==Aa=Aa=A==b=a'  'B=a==B=a=D==c====A====b==Aa===A===b==a'
 'A====D===b==A==a=====B===d======E===e====E===d==A=====b====a'
 'A====Ba=B====b====B==a=BaB==b====A==b===C===b=A=c====A==b=a'
 'A==Aa====E====e======a'
 'A=======C==b===B===c===A=a====E======c=A==c=======B==b======a'
 'A=B==a==C=====aA=a===B==a==A===a====A======b==A=a=B===a=A=====c=A=c==a'
```

```
'A==C=a==A==a==B====a==A==a=Aa==A====a===B====b=A==d=====a'
'A==B=a=B===a===B=a==B===b===A===b==A==c===A=a=a'
'AA=a=A==a===A==a===C==a==B===b===C==e=====A==aa'
'A=A=a======E===e=========a'
'A==A=a==B=====a==A===b=====C=a==C===e=========A===a=a'
'A====C===aA=a=A==b=====D=======e======A===a==a'
'A=Aa===B==a==C===d========E==e=========A=aAaa'
'A===A=a===E==e===A=a=A==a=a'
'A=Aa=A==a==A==a==========E===b==A==d========D==d==========B=a==D===e=====B==b====A==a=a'
'A=====B==a=====D==b==A=b===B==d====A=a=a'
'A==A=a===E====e=====A===a=a'
'A=A=a===D===c==A==a=A===a=====D=====c===A==b=====A==a==A==b====A=aa'
'AA=a====C==a===C=====c==A=a==B===d==A=a=a'
'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
'A=B===a===D==b=Aa====B==e======E==b==A===c===A====b=a'
'A====B=a=B======a===C=====e=====a'
'A====B=a=B==a==A=aA=a==C===d====C===c===B==c====A==a=a'
'A==C=a=B===a===B==d=====D====b==B===c=Ac==Aa=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 25, 97, A=
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b=====B===a==C===c==A==aA==b=A===b==a, 40, 25, 139, A=A
A====B==a=A==a=A==a==C=====a==A===b=====Aa==C====d=======B=====a==B===c===B==aA===b=A=b==a, 153, 26, 97, A=A
A==B==aA==a=A==a====B===a=B=====a==A=====c=====C====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 24, 139, A=A
A===B======a==A=====a=A=a==B=====a====A==b=====B===b=======C===a==B==c===B===b==A====c==a, 152, 25, 139, A=A
Accuracy: 0.00909090909090909

++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1763

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1864

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1630

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1894

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1710

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1950

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1637
```

```
Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1866

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1608

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1876
Final centroids: ['AA=a===E==e====A==a==A==aa' 'A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a'
 'A==B==a==B==b======C===b==B====a=A=a=B===c====B==a==A==b=Ab==A=b=a'
 'B=a====B==a==A==a===D===aA===e===A=a===a'
 'A=====D===b==A=a==A=aA==b====D===d====D===d===A==a=A=b=a'
 'A=A=a==A=a=A=a==B==b====A=a=A==a=A=a=A=a==C==aA==a=C===c==A==c====A=aa'
 'A=B=a=A==a==A==a=A=a====B=a=B====a==B===e====A=a=a'
 'Ba=====C=====a==C==e=======E=====e=====A==a=a'
 'A=B====a===D===e=====A===a=a'
 'A==B==a=B===a==Aa=A=c=========E======d===A==b=a'
 'A=A=a===C===a==A==a==C===aA==c=A=c====a' 'A=A=aA=a==E==e=========A=a=a'
 'A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a' 'A=A==a====E==d========A=b=a'
 'A==C===a=A==b==B==c========E===c===B==b=A=c====A==aa'
 'A===D==a==B===d===A====b===a'
 'A======C===a==A====b===D========e======A==a=a'
 'A=BaB==a==C==e=======A===a=a' 'A=Ba=C==a===B==c=A=a=A====c=a'
 'A=A==a=A=====a====B=a=B====a==A==c====C==b===A==a======B==a==C==c==A==b=====A==b=a'
 'AA=a===A===a========C=a===C==c====A===b====A===a=A==b====A==a=a'
 'A=Aa==B==a==B==a===C==a=A==c=A=c====a' 'B=Aa==D==d===A==a===A=a=b'
 'A===D====a=A====b===C=====e====a'
 'A=A=a=B===a===C==c===D=====c==A===a==A==c=====a'
 'A=Aa==B==a====D===b==A==a==A==c==A=b==a'
 'A=A==a=A=a====E==e===A==a==A=aAa==a'
 'A=B==a===C===a==B==e========D======d===A==a=a'
 'A=B=====a=====A==a====D==b==A==d===A==a=a'
 'A====B=a=C===d========E======e======a' 'A=A====D===d===A==b==A==a=a'
 'A=====E==e====A=a===A=aa' 'AA=a==Aa===E===e====Aa====A==aa'
 'A======E===c==A=a=A==aA=a====C=======aA==c====A====c======a'
 'A====A====a===A=a====Aa==C===b===A==b========E====e======A=a====C===c===A===a====A====a=a'
 'A=A==a===D===d=========B====a==C==b===B==b==A==b====Aa==D===a==A==bAc==A=b===a'
 'A=Aa==B====a===A====b=========E===e========A===aAa=a'
 'A=A=a===B=a==D====d===Aa==B==c===A==a=a' 'A=A==a===E==d=====A=a=A==b=a'
 'A===D==a==B==d===A=====b=a'
 'A==C=a=A=a==A==a=A=====b==A==b=A=a=B==a=A==a===C=====a==Aa===B===a==A==b=A==d===a'
 'A=A=a=====E====b====B===b==B===a==A======c====B=====d=====a'
 'B==A=a===D===e===A=a=a'
 'A=B===a==A==a=B==a===C=d====B==b==A=a===a=A=a==a'
 'A=D==aB====b==A==c=====D==a===A====e====Aa=a'
 'A=B==a===B==a=A==a==C==d======A=a=A===b=a'
 'A==C==a==C===c=====C===e=======a'
 'A==A=a==A=a==A=a===C======b===C==c===Aa=A==a=B==b======B==a=C==d=A===b===A====a=a'
 'A===A================AaA=a==C=====b===A==b====A=a===D===e=======A====a====C===c====A====a====A===a=a'
 'B=D=====d===A==a===A=a=b'
 'A=B==a==A==b=========E=====a==A==a==A======d=====A=b==a'
 'A=C===aA==a==B==b===C===c=B===b==A==b=A==b=a'
 'A=Aa==B=a==C==a=Aa=B====d====A==a=A==b=a' 'A=C====a==C==d=====A===b==a'
 'A==C=====a===B===c====C==aB==aA===d======A===b======a'
 'A=Aa==A=a====C===c========E===e=======A==a=a'
 'A=A=a==D==b======C===d======Aa==A==b=a'
 'A===E======aA=a====A====b====B===a==A===e=======a'
```

```
'A=B=a==B=a==C====a-A==c====A==a==A===c==A=a=a'
'A======E===b==A=====d===a'
'A=B==a=C====b=====A==a==B==a-A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
'A=A=a==D==a=B======b=A=b===B==d===Aa=a'
'B=A==a===C=====b=====C======e====a'
'A======B==a===C==d=======E====e==========A==a=a'
'AA=a====B==a=A==b========E====e=========A=a==A=a=a'
'A=A=aA==a======E===d======B==c====a'
'A==A=a=A=a==A=a==B=a=C===a==A==c====D======d=====B==a=B===c==A==a==A====b==a'
'A=Aa=A==a=A=a==Aa=A==a=====C=====a==A==b=A===a====D====d===A=a==A==a====C==d====B===b=====A==a=a'
'A=A==a=====E=====c=A====b=A=b=a'
'A==A==a-A==a==B==a-A==b====A=a==A==a-A===a====A=a==C==a==A==b====D====c==Ab====A=b==A=a=a'
'A=A==a====C=a==BaB===b=A=aAa==A===d===Aa===a'
'A==Aa==C=====a=A==b====D========e======A==a=a'
'BA==a===B=a=C===c====B=====d=a'
'A==B===a=A=a=Aa==A====b=====E==d=====C==d=====A===a==a'
'A=A===A=a===D===e===A==a==A=a====a'
'A==Aa===C=====a==B===a=A==b======C==a====A=a==A===c====A=======c==A=a==a'
'A=Aa==C=====a==A=b=====B=a=C===d===Ab==A=a=A===a=a'
'A=A=a==B===a====D==e====C===c=====C==b===A==b======a'
'A=A=a====D====c====A===b========E====e======A==aa'
'A==B=======a====D==d===A=a=A=a=A=a==b']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
A==C==a=C====d===A==b=a, 143, 6, 61, A===D==a==B==d===A=====b=a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 6, 89, A=A=a===E==e=====A=a=A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 6, 24, A=A==a====E==d=======A=b=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 6, 24, A=A==a====E==d=======A=b=a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 7, 131, B==A=a===D===e===A=a=a
```
Accuracy: 0.02727272727272727

++

Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1757

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2469

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1809

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2438

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1802

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2442

```
Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1799


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2459


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1890


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2397
Final centroids: ['A=======E====a==A=a====A===a=====A==a=A==aA===b======B====e======a'
 'A=B====a==B====a===B==a===B===b====B==d=======A=c'
 'AA=a====E==e===A==a==A==a=a' 'A====A=a==E===e=====A===aA=a=a'
 'A===A==a==A=a=====A=a====C==b===A=a=======B==a==A==b======A===a==D===d===A==b====A==a=a'
 'B=D====a==A==d=======A===b==a'
 'A==D=aB==a===A==a==AaA=b=====B===b===B====a===A=====e==a'
 'A=A===a===E==e=====A=a==A==aa' 'A=A=a===C==a===Aa==C===d=====A=a=A=b==a'
 'A==A=======a==========E===d====A==a=A==aA===b====Aa=a'
 'A==B===a==C==c========D==aA=e======a'
 'A====C==b==A==a=====C==d=======E==e=====E==e=====A==a===a'
 'A=Aa===B=======a==A==a===D=====a=A====d==A==b=a'
 'A==C=====a=A====a===A==b=====D====b===A===c===Ab===A=a=a'
 'A===B=a==C==a=Aa==A==c=======D=======d===A====b=a'
 'A=B===a==D==d======C====d===Aa=a'
 'A=A=aA=a===B==a==B==b==B=====b=======A=a====D===b=Aa===B===c==A==b=A==b===a'
 'A=Aa===C==a===A===c=====C=a=C===c=Ac=====Aa=Aa=a'
 'A==B=a====B====b=======A===a====B==a=A==a==AaA==a===A=aA==a==C==a=A=c=A==c===a'
 'A=======E==b======B===d=====A==aA=b=a'
 'A====B=a=A==a====D==c==A=b=A==b=====a' 'A==E==a==A==d===A=b==A=a=a'
 'A=Aa===E==d===A==aA==b=a' 'A=A==a===C==a===C=====c==A=a===B==c===A=a=b'
 'A=Aa=A==a=A=a==A===a==A==a=A==a=A==a========E====b==B===d=====A==b=====a'
 'A=B===a===A==a=A===a===D===c===B=====b==A==c===AaAa=a'
 'A====D===a==A==a==Aa==A=b======C====c===C=====d=Aa==A==b==a'
 'A======C==a==C=====a=A==b==A===d==A=a==a'
 'A==A=a=====E====d====A====b==a' 'A=B=a===D=d==A=====b==A=a=a'
 'A=B==a=====C===b=====C=====e===Aa=a'
 'AAa===B=a=Aa=Ba=C===b=A=b===A==c==A=a=A=b'
 'A===C=====a==A=====a===A==a====C==b=====B===c==A===c==a'
 'A==B=a==B==a==A==a===C===c===A===a==A===c==A=a=a'
 'Ba=====C==a==A==a====C==a=A==e===A==a=a'
 'AA=a===E======a=Aa=A=a=A===b=======B===a=A=a=A===a=A=b==B===aA==d=Ab==a'
 'A=Aa==B===a===A==a====D==c==A==c===A==a=a'
 'AA==a===B==a====B=a==C===a==A==c=A==c==a'
 'A===E======a==A=====c=====C====b===B=======e======a'
 'A==B==a==A==a==D==c==A==b=A==b===a'
 'Ba==A==a==A====a=====B====a==B==a=A==a==C===c===B===b==A===c=====A==a=a'
 'A=A===a=A==a====E===d==A=b=A=a=A=a=a' 'B=B=a======C=====c=====B=====d==a'
 'A=====E==e===A=a==A===a=a'
 'A=Aa===C===a====B===c=A=a===D=====b===A==c====AaA===b=====a'
 'A=A=a=A=a===C==a==C==b=A===c===A=b==a'
 'A=Aa====CaB==a===B==b==B==c====C===a===A=a=A===c=====C======e======a'
 'AA=a====E====e===Aa==a' 'A=======E==a==AaA==a=A=====b===A===a=A==d=a'
 'A=A=a==B==a===B==a=A=====a==A=====a=A=a==A=a=A=a=A=a==C===a==A==a===A==aA=c===A=c==A==a=A=a=a'
 'A=A=a==A=a====E===d===a==A==a====a'
 'A===C==a===A=a====C=a==A====e=======a']
```

```
'A=A==a====B=a====D==b=A=b==A==c==Aa==a'
'A=A=a=A==a===E===d==A=b==Aa==Aa=a'
'A=A==aA=a===A==a=====D===a=A==d======E==aA==e========C=a==C==e====A==a====A==a=a'
'Ba======E===e==========B===a=B===b==B=b===A===b===A=a===D===a==Aa=A==d====A==a=a'
'A=Aa====C===a==B==c====A==a=====D=====a=A==d======B===c=====a'
'A======D===c===A=a==A===b========E===d===C====d===A=a==A=a===a'
'A=A==a===C===b======B==a==B==a====A=a=A===b=====C==a==A===d===A=b==a'
'A=A=====C===b===C==e=======E======e====A==a=a'
'A===B===a===C===a==B==d====B==b==A===b===A=a=a'
'A=A=a==A=====a=======B=a==C==a=====B==c==A===c==Aa===A==a=A=aa'
'A==D====a=B===d==A===b=====a'
'A==A=a==C=====a=A=====c=========E====e=====A==a=a'
'A=Aa=B=a=B=====a===A==b====C=a==B===aA==d=====a=A==aa'
'A=B==a===D======d====B===a==B==a=A=a=A====c===D======a=A====c==A==c==a'
'B=A=a==Ba==C===c=====C==e====a'  'AA=a===D===b====C===c=====A=a=A===c=a'
'AA==a==A=====a=====A===a===E===c==A==b====Aa==B==a=A===c====A=a=a'
'A=A==a====B===a=======A=aAa===D==b=A====c======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
'A=A=a=======C==b====A==b=========E=====e======A==aa'
'A=D=====a===A==c=====D=====b==A======d===A=a=a'
'A==A=====a==A==a==A==a====B===a==A==b===Aa==C==b==Aa======B==a==C===d===A==a====A====b=a'
'AA=a====D==a=Aa==B===d===A==a=A==b=a'
'A=A=a=====D=====a=A==b===C==c=====B==a===A==a=A===c======A===b===A=a=a'
'D==b===A==a==D===c==A=b==A=b=A=aa'
'A===D======a==A=a=A===a==A===a==A=a===A====a===B====a=A=a===A===a===A=====e=====a'
'A==D====a=A===b===B==c=======D===c====C===b=A==d===A=a=a'
'A==C=======a==A==a====B==a=B==aAa==A===c=A=c====a'
'A==Aa===C===a=A====b===D=========e=====Aa=A=a==a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C==b===C==c====B==b=A==b==A==b=a, 131, 11, 36, A===B===a===C===a==B==d====B==b==A===b===A=a=a
A===B=a=A====a===C==a=B==d====B===a==A==c===Aa=a, 18, 10, 36, A===B===a===C===a==B==d====B==b==A===b===A=a=a
A=A=a=A==a====C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 13, 36, A==B===a===C===a==B=d====B==b==A===b===A=a=a
A=A==a=A==a==C==a=C===c===B===b=A=b==A=b=a, 35, 11, 129, A==B=a=B==a==A==a===C===c===A===a==A===c==A=a=a
AA=a===B==a=D==b==B===c====A==a==A==c====Aa=a, 58, 13, 129, A==B=a=B==a==A==a===C===c===A===a==A===c==A=a=a
Accuracy: 0.00909090909090909

+++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1729

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2091

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1799

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1945

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1771

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2059


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1831


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2064


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1816


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1953
Final centroids: ['A=A===a=A=a====E===d==Ab==A=a=A==aa' 'A=A=a==E==d==A==b==A==a=a'
 'A====A===a====A==a==Aa==C====b===A===b========E===e=======B===a=C===d===B==b===A=====a=a'
 'AA=======C==b=A=a====B==d=========E==aA==e====A====a=a'
 'A=A===a=A=a===Aa====C==b===A==b====B==a=D===e=======A==a==D==d====A==a====A==a=a'
 'A=======D===b=====A===c=======E==aA==d=A====b=a'
 'AA=a=====E==d==A==b==a'
 'A=Aa===BaB==a====A==b==B==b=====C===a==B==aA==c=====A==aA==c=Aa=a'
 'A==C==a=B===b=Ab=====D=====e====a' 'A=B=a==A=a==D===c=====B====d==a'
 'A=B==a=Aa===A===a====D=a=A==d==Aa=A=b=a'
 'B=C===a=A==b==B==b=====B=====b=C==c==A=c==A=aa'
 'A=====C==a===A==a===C===aA========e===a'
 'A=====A==aA=a===E===c===A=c====A=a=a' 'A===A=a===E===e=======A==a=a'
 'A=====D====a======B====d=========B===c=a'
 'BA==a=====D==e===A=a=A===a=a'
 'A======D==c===A=a==A=a==B==c=======E==e======E==d=====A==b=Aa=a'
 'A=B=aB==a==A==a==A==a==Aa==B=aA===a=====B==d===A=b=A=a=a'
 'A===D==a==B====c===A===c=====a'
 'A=A=a==B==a===B==a===C===c===B==b==A=c===Aa=a'
 'A=B==a===D=c===A===aA==b=b'
 'A=Aa====B==a===A====b=====C=a=C====e========A==a==a'
 'B===D=====e==AA=a==A=a=b' 'A=B=====a==D==e===A=aA===a===a'
 'A=A==a===B==a===A==a==D===a=A===c=A=c====a'
 'A=A=a===B==a===A==a====D=b=A==c=A===b==a'
 'AAa==C===a=A=a==C==c=Ab====B===c===A==a=a'
 'A=Aa====C=a=C==b==A=a===B==b=====B===a==A=a=A====b===A======d==Aa==a'
 'A=A=a==Ca=C==b=A=b====C======e===Aa==a'
 'Ba====C==a=BaB======c=====B==d=====A=a=a'
 'A=A==a===B===a=====C==a==B===b==A==b===B==b=A=c=====A==a=a'
 'A=A=a====C======c=========E====e======a'
 'A==E===aA===b=A==c=====D======b=B==b=A=d===Aa==a'
 'AA=a==C===a==C===b==A=a==A==c==A==b===a'
 'A=A==aA==a===B==aA===a=Aa===B==b====D==e===A=a=Aa=a'
 'B==Aa=A==a==Ba==C==b=A=b===A==b=A==b=a'
 'A=====C====a===A===c=====E=========e====A==aAa==a'
 'A==C=a==C==c===A==aA===c=a'
 'A==B=a=A===b=====E===a=A=a====A==b=A==a=A==c==A=b===a'
 'A=A===a==A=a=====A=a===B====b===A==a=====Aa===E====e=======B===a==C===d====A==a===A===a=a'
 'A=B=a=A=a==A==a==A==a=A=a=B===aA=a==C===d=A=b===a'
 'A=B=a=B==a==A=a=A==b===A==a=A==a=A=a=A=a===C===a=A==a===B==b=A=b=A==c==Aa=a'
 'A=Aa==C=====a==B===c=====C=a==B===b=A==c=====A====b=a'
```

```
 'A=B==aA==a===B==a==C===a=A==c=A===c==a'
 'A===B===a==Aa====C====d====D===c==D===d==A==b====a'
 'A=Aa==B==aa==D===c=D===e=====C===b===B==c======a'
 'A==Aa====C==b=A==a==A===a====C=aB===b==A==c===A==a==A==b==A=a=a'
 'A=Aa=Aa==B==a=======D===d====B=====a=B===c====B===a=A=====bAa==A==b=a'
 'A====B===A=a=A==a==A==a===A==a==Aa=A==a======C===c======B===b===A===c=======a'
 'A======E===c===B===b=Aa=A==a===C==a==A==a=A==d====A==a==D==e===Aa=a'
 'A=A==aA=a====B==aA===b===A==a==A==a===A===a=Aa===C==a=A===a===C===c==A=b==A=b==Aa=a'
 'A=B==a==B==a=A==a===C==c====A==b==A==a=A==b=a'
 'A=A=aA==a==C=======a=====B===a==B==e=====A=a=a'
 'A=A=aA=a===E===e==Aa=A==a=A=a=a'
 'A=Aa====E==d=====C===c=A===a====D====b===A==c=====A=a==A==b=A=a=a'
 'A====A==a====E====e=====A==a=====a'  'A=B=a=A===a==D===c======B====d=a'
 'A=B=a===D===d======A==a===C==aA==aA=b=A===c=======C==a=A===c===A===a==a'
 'A====D==c=A==a====D==e=====D==c====C==d===A=a=A=a=a'
 'A=A=a===B==b======E=====c=Aa==C==c===A========c====A==a=a'
 'A=====E====c====Aa=A===c=======C==c=====E==c====A===c=====a'
 'A=A=a====C===c======A==a===C=aC==d===A==b========D======d=======Ab'
 'A=A=a=A=a===B=a===B==b====A==a=A==a=A==a=A==a====D===aA==c===B====b==A=a=A==c======a'
 'A==A=a==D===b==A=a==A=aA=a====C==aA=a=A==d====A=a=A==b==A=a=a'
 'A==Aa===D===a=Aa=A==c====C==a==B===c==A=b==A=a==A=b==a'
 'A=====CaA==a==A==b===A=a==D===e========A===a=a'
 'A===C=====a===A====aA==b===D===d===C===b===A=c=====a'
 'A=D===b====C==c==A=a==A==b==b'  'A=A==A==a==C==b=Aa====C=====e======a'
 'A=A=a===B=a=======D==c=A=a===A===c==Aa==a'
 'A====E===b==A=a=A==aA==c====D===d====D====c=A==c=====a'
 'A==Aa===B==a==B=a=C==c===A==b==B==c====A=a=a'
 'A=B==a=D====e===A=a==A=a=a'  'AA=a==B==a===D====d=======C===d===Aa=a'
 'A=====D===a===Aa==B===d=======A=a=A==b=a'
 'A=Aa===B===a===B==c=====Ba==D==e=======Aa==A=a=a'
 'A=A=a=A=a===E===d==Aa===C=b=A==c====a'  'A=A=a====E==d==A=a===A=ab'
 'A=A=a====E====b==Aa=B==c=====Aa==A==c=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e=======A==a=a, 102, 4, 85, A===A=a===E===e=======A==a=a
A====B=a=D====bAb==A===c=a, 138, 8, 86, A==C=a==C==c===A==aA===c=a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 4, 85, A===A=a===E===e======A==a=a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 3, 85, A===A=a===E===e======A==a=a
A===A=a===E==e===A=a==A==aa, 160, 4, 85, A===A=a===E===e=======A==a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 6


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1635


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1778


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1595


Iteration 4
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 1943

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1724

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1870

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1735

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1747

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1569

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1766
Final centroids: ['A=======D===b=A==a===A==aA==a===C=a=A=a===A==c====B======d=====a'
 'A=A=====A===b=======D=aB==c=====B===b===A==a=A==c===A==a==a'
 'A=Aa==B==a===C==d===E===d=====B====a==A==c====Aa=a'
 'A=C==a==B==a=A===d========E===c===C==bA=d======a'
 'A=Aa===C==a===B==c=====C=a=B===e===========A=a=a'
 'A=A=a=A=====a=B==a====C===a==A==b===B=a===B==d=====B==a==B==c===B==b==A===b==a'
 'A=B=a==B====a=====C=aA===b=======A===a==A===a=A==c====A==b=a'
 'A=B===a==B==a=A=a===C===c=====A==b=A===b===A==a==a'
 'A=A=a====E===e======Aa=a'
 'B=B=a=A===a=A=a====C==a=A====c==Aa===A==a===A====a==A===b===A==b==a'
 'A=====C==a==Aa=B=a=B===c=====A=a=A===c===a'
 'A==E======aAa==A==a===A===a==A=====a==A====b=A==d==a'
 'A=Aa==B=a=C==b====B==b==A==a=====B====a===A=a==B==d======A======b=A=a=a'
 'A=B==a=======D==c=====B===d===a'
 'A=A=a==A==a===B==a==D===c===B=====b==A==c==Aa=a'
 'A====A==a======E==d=A=a=A=b=====a'
 'A==A=Aa==C===b==A=a====A===a=====C==aA=c===A==b=====A=a=A==b===A=a=a'
 'A==A==a===C===b======B==a===B===b===C====c===B===a=A==d======A=a==a'
 'A=A=a===B==a=Aa=A==b=======E=====e===A===a=a'
 'A==B=C==a=A==b===A==c===Aa==C====b====A===aA=c====A=a=a'
 'A=A=aA==a==B=a=B==b==A=a=A==a=====A==a===C======b===C==c==A=b=A=b=A=a=a'
 'A=B====a==A=====a==B===c======E=====d===A==b=a'
 'A=====D===c=====A=a===B==c======D===d=====E===c==A===c=====a'
 'A=Aa=A=a=A==a======B==a=C==b======B====b====C==c==A==aA==aA=c==a'
 'A=C======a=A====a==C===c===B===b==A==b==A=b=a'
 'B=B=a===B=a=B===b====Aa=A===d===a'
 'A=A==a=A=a===Aa==A==a===A==a=A=a===A=a=A=a===C==a=A==a===C===c==A=b=A==b====a'
 'A==A===a==A==a===B=a=C====b=A==b==A=a=Aa==C===d=======C==a==C==d===A==b====A==a=a'
 'A==Ba=D=====a===A==a==A==aA=a=A==c===A==c===a'
 'A=Aa=Ba=B===a==B=a==B==d=====A===a=A==b=a'
 'A=C===a===C==d==A=a=A====b=a'  'A=A=aA====D===e======A=a=A==aa'
 'A=====D=====a==A==a==B===a====A===a=A=a=A==b===A====c=A=b==a'
 'A=A=a==A=a====A==a=E===b==A=c==A==b==a'
 'A=====D==a==A==a=B===d===A==a=A===b=a'
 'A===B==aA=a====B==a==B==aA=a=A==b===A==a=C===d======B===a==C==d===C==c===A====b==a'
```

```
  'A====E==d===A==a==A==b=a' 'A=A=aA==a==E===e=========A==a=a'
  'A=B======a==D==e=====A==a===a'
  'A=Aa=====C=b=====C===c========C=aB===bA==c===A=a==A==b==Aa=a'
  'A==B=a=A===a==A=a==A==a==A==a=A=a=A==aA==a===C==a=A==a==B===c===A=b==A==b=====a'
  'B=A=a===A==a==D===c=====B==d====a'
  'A=Aa===C==aAa===B==a=B====b=A==c===A===b==a'
  'A=====B=====a===A==b=====C=a=C===d==Ab=====A===a==a'
  'A==C=====a===A===a===B==a=A=====a==B====e=========a'
  'A==B=a==C===a==A===a=A===a===B===a=A==a=A=====a==A==a=A===e===Aa=a'
  'A=A==a=======E==c=====B===d===a' 'A===B=====a====D====c=A=a=A==c=====a'
  'A===C==aA==a=A==a=B====a==B===b=====A===c=A===b==a'
  'A===E===c=Aa======B==d======E===e=====E==d===A==b==Aa=a'
  'A==B==a==C===b==Aa=====C=====e=====a'
  'A=A=a===C=aB==aA===b=B==b====B==a=Aa==B==c===A=====c=A=a=a'
  'A====C===b==A==a==A=a=B==c=======E===d===D====d==A==a=A=b==a'
  'A==A=a===B==b=======C===a=B===a====B===b===B===a=A===e===A=a==a'
  'A=A==a===C=aA==b====B==a=B==b=====C=====b=A=a==B==c=====A===b=A==b=A=a=a'
  'A=A==a=B=a===D===c===A=a=C==e====a'
  'AA==aAa===A==a=Aa==Aa===E===b=A==c=====A=a=B==c=========B=a==C==d===A===a===Aa=A==aa'
  'A====B==A==b===D==e=======D===c===B==b==Ab=====a'
  'A==C==a==C===b==A=a====Aa=A===a==A=======a==A===b====A===a=A==b==A=b=a'
  'AA=a==A===a======C=a=C==c=====B==b===A==aA==c=====A=a=a'
  'A==A=a===C===a===C==e=======E=====e====A===a=a'
  'A=B==a==C==a=A==a=A===d=======E==aA==e===A===a=a'
  'A=B==a==C====c===B==c=======E======e===A==a=a'
  'A=====E===a=A=a=A=a=A=aA==a===A===b====B===a=A===e=====a'
  'A=====B===a===B==b===D==d===B==b====A==b===Aa==a'
  'A=====D====a===B====a=A====e====a' 'AA==a===E==d===A==b==A=a==a'
  'AA==a==B====a===A==a====D====aA===c=A=c====a'
  'A====A====a====E===d====A==aA=b=====a'
  'A=====D===c===Aa===A==a=A=a======D===e=====D===d===A===a==A=a=a'
  'A=A=a====C===a===C==c=A===a=====B==a==Aa=B===c=====A==b=A=aA=b==a'
  'A=====B=a=C===c======D====e===Aa=a'
  'A=A=a==Aa==D==a=A=b==C==c=====B==a=A=a==A==c=====A====b=A=a=a'
  'A=A=a=A=a===B==a=A=a====B===a====C==e=====A=a=a'
  'A===A=a==B=a=A=a==B==c=======E=====e===A=aA=a=a'
  'A=====A==a=Aa==A=a===C==aB======a=A==c====C=====d=====D==a=B====c==A==b===A===b==a'
  'A=======E==d===A==a=A==b=a' 'A=A=a====D===a=Aa=B======b====A====d===a'
  'A=C==a=B=a=B==d=====A==aA=b=a'
  'A=A==a==B===b=======D===a=A===a===A==a==B===a=A==d===A=b==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a=D==d==A=a==A==b=====a, 4, 7, 66, A=B======a==D==e=====A==a===a
A=B=a=A=a===D==d=====A===b===a, 12, 7, 121, A=B==a======D==c=====B===d===a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 9, 20, A====A==a=====E==d=A=a==A=b=====a
A===B===a==D==e==Aa===A==a==a, 62, 7, 66, A=B======a==D==e=====A==a===a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 7, 48, A=C===a===C==d==A=a=A====b=a
Accuracy: 0.0136363636363636363636
```

```
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1618

Iteration 2
Found empty cluster

```
Terminal measure: Et = 2101

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1618

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2193

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1712

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2031

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1581

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2013

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1619

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2222
Final centroids: ['B==B==a====C===d========B===c===A==a=a'
  'A=A==a=A=a==B===a==B==a===B==b======A==a=A==a===B==a=A==b====C===c===A==b=A==b==A=a=a'
  'A==A====a=A==a========DaB====b==A==c========D====d=======C==a==B===c=A===b====A===b===a'
  'AAA=a===B==a===a===Aa=====C=a==B===c=A==b===A=a=B=a==C==e====A=a=a'
  'A=A=a=Aa======E==d====A==b=A==a=a' 'AA=a====E===e====A=a=a'
  'A=A=a===B===b========C==a==C===b=====A==b====A====a=A==b===A==b=a'
  'A=A=a=A====a==A=a=A==a===B====b==A==a=A=a====C===b=======A=a==D==d====A==b===A===a=a'
  'A=AaA==aA=a===E===c=A=c===A==a====a'
  'A=====D===aA=a====A=aA==c======D====c===C====c=A====c====a'
  'A====C===a==A==b=====D====e=====a'
  'A=====D===b=A=a===A=====c=====E===e======D====c===A===b===Aa=a'
  'A==A==a==B===a=======D====d=Ab==a'
  'A===B=a=C==b=====A=a=C===d====A=a====a=a'
  'A==A=a==D====d=====B==a==C==a===A====c=======D==aA====d==A==b=a'
  'A=Aa======C===b==A=a=A==a=A==a==D=======a==A===c===A=a==A===c===Aa=a'
  'A=C==a=B===b===B==c=====D===c====B==b=A=c===Aa=a'
  'A=A==a===B===b=======A==a===D====c=Aa==A==b======E======e=====A=a==a'
  'A=A==a===D===b===C=====c======A====aA==c=a'
  'A=Aa===B====a===D==e========E=====e====A==a=a'
  'A=B==a===C===b====C====e=======a' 'A=A=a==B=a=C==b=====C===e====a'
  'A=D===a==A==b==B===c=======D===c=====B=====d====Aa=a'
  'A=A=a===E===d==A===b=A=a=a' 'A=C===a==C===d==A=a====a=a'
  'A=A==a==A=a===E==c===A==b===B===b===A==b=====a'
  'A=B===a========D===aAa==A====e====a'
  'A==B=aB=a===B===a===B==a=A=====a===A=======e=======a'
  'A==B==a==B==a==C===d======D===c===B==b=A=c===A=b'
  'A==C===a=======B==a==A==b==A==aA==a==A=a==A===a===C==b==A=b====B====b===A==b==A==b==Aa=a'
```

```
'Ba==Aa======E===b=Aa=A=a==B==b====A==a=====B=aA===c=====B=====d====a'
'A=B==a==A==a===D===c=====A==b=A=b=a'
'A==A==a=====A=a==A==a===D====c===A===b======A=a=A=a==A=a======Aa=B==a==D==e=====B==b===A==a=a'
'A====D===a==A=a===Aa=A==c=====D====d===C=====c==A==b=A==a=a'
'A=C==aA==a==B==d========E===b==A==bAc===Aa=a'
'A=Aa=Aa===E===d=======C===a=A=d=====a'
'AA==a=====C==c===========A==a====E====d==Ab=======A=a==B==a=A==b====A==a=a'
'A=D====a==B===c===Aa=A====c=a'
'A====B===a==A==a==A===b====B==b==A==a===A=aA===a====D=====b======C===c===A=a=A===c====a'
'A==B=a=A==a==B==b===C==a=B===c==A=b===Aa=A==b===a'
'A===C======a==Aa===C===c====A===a=A==c=a'
'A==C==a==B==a=B===b====B===e===a'
'A=A==a===B==a===A====a===A==a==D======b=Ab=======A==b=A=b=a'
'A=A=a===C=aB==a=AaA==b==B==b=====B====a===B=a=A==b====A=====b=A=b=b'
'A=A==a==C====aA==b=====D==c=Ac==Aa==a'
'A=C==a==C==c==A==c=======E===d====C===b=A==c=====Aaa'
'A=A=a===E====e====A=a=a' 'A=A=a===E===e====A=aA==a=a'
'A==A=a=====E===e=======A==a=a'
'A==E======a===A==b===B====b===B======e====Aa=a'
'A==C==a==C===b===A====a====A=a=====B==a=A=a=A===c====A==a==A==c==Aa=a'
'A=A=a===B==b=======B==a===D=aA==c=A===b=======C=a=A===d===A=a=a'
'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
'A==B==a=A=a==A===a===C==b===B==c======D====d======B=a==C==d===A==a===A==b==a'
'A=B==a==A==a===D===c===A====c===A=a==a'
'A=B==a===C===c=======B=a==C===b=A====c========C==a=A===d===A=a====a'
'A=B=a==A==a==D====c===A=a=C==e===a'
'A=======D==b=A=a===A=a======C=====b=A===c===A=a==A==b===Aa=a'
'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A===b===A=a==B==c==A=a=a'
'A=A==a=====D===b=AaA=a==A==a======B===a=A==a==B==c=====B===bAc===A=a=a'
'A=A=a===D====b======A==c======E======d===A==b==a'
'Ca===B=B==c====A=a=A==b=b' 'A=A=a=B=a=C===c======D==b=A=d====a'
'AA=a=A=a=A==a=======D====b==A==b=Aa==Aa==C===c=====B==a=C==c===A==b===A==b=a'
'A=====D===b==B=a=B===e===A=a=A==a==A==a=a'
'A=A=a==B==a==A===a=A=a=Aa===D====a=A==aA=c===A==a=A==b=Ab=a'
'A=C=======a==A==a=A====a==B==b==A=a=A==a=A==a===C===a=A==a===A==c===A==b==Aa=A==b==a'
'A==C===a=B=====b======C=======e=====a'
'A===B======a=Aa==D===c==A===b===A=b==a'
'A==B=a==A==a=A==a==D===e===A==a====A===a=Aa=a'
'AA=a==A=a==B==a==A==b==B==a=A==b===A==a=====C===a=A==a===C==c==A=b=A==b==Aa=a'
'A=====C===a=A===b===C=a=B===c=Ac=====A=a==a'
'A====C==a=====A=a=B==aA=a===A==b====A=a=A==a==A=aAa===C==a==A==c====B====b==A==a=A==c===Aa=a'
'A=B=a===B=a==C===b==Aa=A====d=a'
'A===B=======a=====C=a==B===b==A==a===A======c===A===b=a'
'A==D==aA===a=A===d=========E===b===B=====e=====Aa=a'
'A==C==a==Aa===C=====c====A===c=a'
'A===C===b===A=a=====B==c=====E==e======E==d====A==b====a'
'A==A===a==E===c=Ab===A==aA=b=a' 'A===E===d==A===b=A=a=A==aa']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B=====a=A====b==A===a=A=a===B======a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 22, 27, AA=a==A
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a=Aa==A==a==D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 33, A====B===
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b==A=a=Aa==A==a===D=b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 23, 33, A====B===
A=A==a==A=a===B==a=B==c===A==a=A==a=A=a=A=a======C==a=A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 22, 130, A=A==a=
A==A===a==A==a=B==a=B=b===B===b==A=a=A=a=A==a=C=======b=C====c=A==b==A=b===Aa==a, 159, 23, 53, A==C===a
Accuracy: 0.013636363636363636

++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

```
Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1541

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1839

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1547

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1951

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1498

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1880

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1595

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1811

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1480

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1756
Final centroids: ['A==D==aA==a==A=aA=a=B===bAb===A=a==A===c==Aa==a'
 'B=D====a==A==d=====A===b==a'
 'A===A=a===C==b=====B==c==========E======e=====A===a=a'
 'A==B=a==D===b==A=a=A===c===Aa=A==a=A==b=a' 'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
 'A===D=====a==B====a==A===e====a'
 'A=A=a====B===a==B===c========E====e=======A=====a=a'
 'AA=a======C==a==C==e===A=a===B======b==A==a===A==aA==a==a'
 'A===A=a===E==e====A=a=A=a=a' 'A===B===a====D===a=A=====c=A==c=====a'
 'AA=a====E==e==A==a=A==aa'
 'A=A=a====B===a=======A==a===C=a=B=c==A===b=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A=A=a===E==d==A===a=====a=a'
 'A=A=a====C===a===B==d=======E=====e=====A==a=a'
 'A==B===a=Aa===C====b===C===c=====B===b==A==c====A=a=a'
 'A=A=a==A=a==A==a=A===a===A==a=A=a=A=a=A==a====C==a=A=a===C===c==A==b==A==b==Aa=a'
 'A==B==aA=a==A==a==Aa=A=a==A=a=B=====b===D===d==A=b===Aa=a'
 'A=Aa===C==a===C=====d=======B==c=======a'
 'A==C==a=B===b=======B==a===B====a===A==c===B===b===A==b====A==b=a'
 'A=A==a==A=a==A==a==A==a====A==a=A==a=Aa=A===a====B===a=A===a==D===d==A=a==A==a=A=b==a'
 'A==B==a==C==b=A=a==B===d=======E===a=A===e===A====a=a'
 'A=C==a=B=a=B====b====B====e==a'
```

```
'A=Aa===B==a==B=a==B==b===A=a===C===e===A=a=a'
'A==B==a=B=a=B==b==C===c=====A==a=A==c=====A=a=a'
'A=D==a=A==b==A==a====B=====a==B==e======Aa==a'
'A=A==a===C===c======A==a=====C====c===A==a========E====d===Ab==Aa==a'
'A==E=======a==A==b======B==b===A=====d===A=a=a'
'AA==a====D======a=Aa==B=====a===A===a===Aa==A====a===A==aA=b=A==d==a'
'A===A==a===C==a=B=aB==b==A=b===B==d==A=a=a'
'A=Aa====C===a====B==d=======E=====e=====A=a=a'
'A=A==a====B===a==Aa====A=a===D===c==A======b======B===aA==c====A=a=a'
'A=A=a====E===d======A==b=a'
'A=A=a==B==a===C=c===D==d=====C==b==A==c=======a'
'A==A=a==A==a====B===b=========E===e============A==a==a'
'A=A=a==B===b======B=a=D======c==A=b======B==aA===c=====A=a=a'
'A==A====a=A=a===E===d===A===b===A=a==a'
'A=====D======b===A===c=======E=======e==A==a===a'
'A======E=======a==A=b==B===b===B===a=A==a=A==a===A========e===a'
'A==D===a==B==a==A==a====A===c=====B==b==A=c===A=a==a'
'A=====B===a==B==c=========E===e=======AaA==a=a'
'A====B=a==A==a===B==b=======D==e===E====d==A==b==Aa=a'
'A===C====a=A=a===C===d========A==b=a'
'A==C==a=A===a===A===b==A=a==C===b====C====e======Aa=a'
'A=======D===b==A===c======E========e=====A====a==a'
'B=A==a===C=====c=======B==a==C=====b===A=b========B==a==A==d=====A==a=a'
'A=A=a====C===b======B==c=========E=====e====A====a=a'
'A=B=a==C===b=======B===a===A==a===A======b=====C=a=A==d=====A==b=a'
'A======E==c===A=b===A=b=a'
'A==B=a==C==a=B=a==A=aA=aA=a===A===b==B===c=A====c===a'
'A===B==a===D==d======A===b===a'
'A=A=a====D=====a==A=a==A===a===B===a===A====c===A===a=A==c==a'
'A=A=a==E=====b=Aa=Aa==B==b==A===a==A=a=A==b====B==b==A==c==a'
'A==E====b===A==b=====A===c===a'
'A=A=a==C===a===B===c====C==a=B=====e=======A==a=a'
'A==D====a===B==d=====A===b=a'  'A======E=aA===e=====E======e====a'
'Ba=Aa==A=a========E====b===A==b======C===d=====A=a=C===d===A==a==A===a==a'
'AA=a======D==b=======C==d=====A==a=A==b==a'
'BAa===A====a===A===a===D==b==A==d=====A=a=a'
'A==B======a==A==a=A=a=A=a=====C===b====C===d====A===b=a'
'AA=a=A=a===E==d=======C====d==Aa=a'
'A======B===a===A==b========E====d===========a=a'
'A===B==a===D==e====A===a===a'
'A=Aa===A==a====B=b=====B=a=D===e=========A===a=a'
'AA=a===B==a=B===b=========D=====e====A=a=====a'
'A==C===a==B===c======D==a=A===aA=a==A===b=A====a==A====b==A===c=a'
'A=D==a=A===b==A==b=====D=====a==A======e===Aa=a'
'BA=====a===A=a====D====b=A=b===A===b=====a==a'
'A====D==b===A=a====C=c====C===d===D===d===A==bAa==a'
'A==Aa=B=a==B=b==A=a====D==aA==e=====a'
'A==A=a===C==a=====A=a==A=a====C=====b==A=c===A==a==A==b==A=a=a'
'A=Aa=Ba==D==d=======D===e===Aa=a'
'A=A=====a===B=a=A==b===A==a==A==a===A===a====D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
'A=AaA=====D==e=====A==a=A==a=a'
'A=====B==a===D====b=A==b===B==d===Aa==a'
'A=A=a==B==a=A=a==A==a=A==a==B=====a===C==d==A=b====a'
'A=A=aA=a=A===a==Aa=A===a=====D===c=====B===c==A=a=Aa===E==e========B===a====D===e=====A===a====A==a=a'
'A====A==a===E==e====A=a===A=aa'
'B=A=a==A=a=A==aA=a=A===a=A==aA=a=D===d==Ab====a'
'A====C===a=======B==c====C===b===C===e====A===a==a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 11, 138, A===D=====a==B====a==A===e====a
A=A=a==E=b===B==b====A====d==a, 88, 7, 146, A==E====b===A==b=====A===c===a
```

```
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 10, 138, A===D=====a==B====a==A===e====a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 10, 85, A=C==a=B=a=B===b====B====e==a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 6, 138, A===D=====a==B====a==A===e====a
Accuracy: 0.004545454545454545


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1703

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1910

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1600

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1893

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1609

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1862

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1577

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2012

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1637

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1946
Final centroids: ['A=C==aA===a==B==d=======E===c===B===d=====A=a=a'
 'A=B==a=A==a==B=a==A===b==A==a=A=a==Aa==A==a====C==a=A==b===C===c==A=a=A==c===Aa=a'
 'A=BaC==aA==a==Aa=B===d======A====b==a'
 'A=A===a==Aa==A=a==A=====a==B=a==A=a==A==a=A=a====C=======a==B====d===A=b====Aa=Aa=a'
 'A=Aa====B==a==Aa=A=b=====C=a==C===e=======A===a=a'
 'A=A==a==A==a========C=a==B==b=====B==b===C===b=A=d====A=a==a'
 'A===D==a==A==a====A===c=====D===c===C====c==A==c=====a'
 'A==C===a==C===d====A===b==a'
 'A==B==a===D==b==A=a==A==b===A=a===C===a=A=a==A==c====A==a=A===c=A=a=a'
 'A=A==a===C=====a==B==a=A==a====B===a===AaA===c==A=====c====A=a=a'
```

```
'A=A=a===C==a=Ab=====A===a===C=a==B==c==A===b======C==a==A===d===A=a==a'
'A=A==a===B==a=======B===a=B===a==Aa==B===b===A==a==A==c===A===b=a'
'A==B=a===C==b==C===d=========D===c====C==b=A=d=====Aa=a'
'A==D===a=A==a==A==b===C====b===B====e====A=a=a'
'A==B=a==B====a===A=a=Aa==B=====a===B===d===A=b====a'
'A======E====e==Aa==A=a=a'  'A====B==a===Ba===C==a=A======c=A=c=====a'
'A====A=a===E====d==A=a==A===b=a'
'A===C======a===B==c=======D===b====A==d======Aa=a'
'A====E======b======B=====a=A==a==A=====a===A====a========d====a'
'A=A=a===D==b===B===a==A=a===B=aA==b==A==b==A=a=A==c=====a'
'A=A=a====D=a=B==c==A=a=Aa==C===b====B==a====A==a=A==b=====B==aA==e==Aa=a'
'A===Aa===C==b======D=e=============E====e======A==a=a'
'A====C==a====A==a===C===a=A==c=Ac=====a'
'A=A=a=====D===a==A=a==B===b====B===a===A=====c=====B===c==A=b===a'
'A=A=a==B===a====C==d========E=====e===A==aa'
'A=Aa==C==a==Ba=B===b=Aa==A==d=======a'
'A=B===a==B=aA==aA==a======C====c===A=======c====A=a=a'
'A=A==a====E==d===A==a===A==b=a'
'A=B==a=B===b======C==a=B==b=====A==b===B===b=A==b==A==b=a'
'A=======D===b===A====a===A==a=C===aA==a=A==c=======B==d=======a'
'A=Aa===E===c==A==b==A=b=a'
'A====D==aA==d====C==c========E===d====D===bA=d=======a'
'A=B=====a===C==a=A===b==A==a==A==b=A=====a======D====aA==b===B===b==A==b==A=c==Aa=a'
'A=A==aAa===E==e======A==aa'
'A=Aa=Aa=A=a=====C==b===D==d======A==a===B===c===A=a=a'
'A==B==a==C===a=a===C=d=======D=======d==AaA==b=a'
'A=A==a==B==a=A=a==B==c==========C=a=C==e====A==aA=aa'
'A====C==========a=====C====e=======a'
'BB==a===C========c===A==a=A=a=A=a=A==a===A=a=A===b===B==aA==aA===b=A=a=A==a==Ac'
'A=A=a==A===C===a===B==a=A==b=====A==a=B==a=A==c====B===c===A=b==a'
'A=A=a=A==a==B==a=A=a==Aa===B=====a==C====e==Aa====a'
'A======C==a=Aa=A==c=========E===e====A===aa'
'A=B==a======D==c====B===d====a'
'A======C===c===Aa===C==a=C===d======B==b=====A===a==A==a===a==a'
'AA=a==C=aC===e===A=a====a'  'A==A=a==E==e====Aa=A=aA=aa'
'A=======E====d==Aa===D====a=A===b===A==a===A===a==A==c==Aa=A=b==a'
'A========E==d===A==b==A==aa'  'A===B=a==D==a==Aa==A=d=======Aa=A==b==a'
'A===A=a===A==a===C======a=A==b===A=a===D==e========A==a=B===b==A===a===A=a=a'
'A=B=aB=a=C==d======D=====e======a'  'A=B=a=B==a==C====d====B==c===a'
'A===E===a==A===c====A=======c==a'
'A=A==a====C====b========A==a===C=a=B==d==A=aA==a======B==aA===c=====A===a=a'
'AA=a=====B==a===A==a=D===b=A==c==A==b=a'
'A=A=a=A=a=A==a========E=====b=A==c=====B=====b===C========c==A===a==A===b==a'
'A=B===a==C====b=====A===c=====E=a=A===d===A====b=a'
'A==A===a==A=a====B===a====A==a=A=a=======A=a===D=====b===B====d====A====b====a'
'A==B=====a==A==aA=====a==B==b=====A==a=A=a======C==a=A=a===B==c==A=====c==A=a=a'
'A=B==a====D==c==Ab===A=a=Aa===C==a=A==a=A==aA=b=======C==a=A====c===A===c==a'
'AA==a==B====b======A==a=E======b=A==d======C===aA==c=====A=a=a'
'A=B=a=B=a==B=a=B==b====A=a=A===d===A=a=a'  'BA=a==D===d=====A==b=A=a=a'
'A=B=a==A==a======C=a=A===a====B==a=A==aA=bA=c==A=b=a'
'A=======C=a==C====c=======A==c===A=a==a'
'A=Aa====D==b==Aa=B=c===A==a==D==aA==b=A==c==A=a===A==b===Aaa'
'A=Aa==A==a====B===b=======Ca=C==e========Aa=A=a=a'
'A=Aa==B===a==A=a===A===aA=a====D===e=====D==d====A==a==A=a=a'
'A=A==a===E==b==A=a=A===d====A==a=A==a=a'
'B=a=====E===c==A=a==C==d====Aa=A=a==A=b==a'
'AAa==C==a=====A===a===C===a=A===c==A==c====a'
'A====D==b===A==a==A===c====E===e=====C====c===A==a=Aa=a'
'A=B==a==B===a=A=a=====C===e===Aa=a'  'A==A==a=Aa===E===e====A==a=A===a=a'
'A=B==a==B=a==C====c====B===d===a'  'AA==a===E==e===A=a===A=aa'
```

```
 'A=====B==a====B=a=C==c==A=a====B==d===A=a=a'
  'A===A=a=A=a==B=a===D====c===A==c===C=aB===d=====A==a===D==d===A===a====A==aa'
  'AA==a=======E===e===A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b==A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 10, 35, A=C==aA===a==B==d=======E===c===B===d=====A=a=a
A=D===a=A==b==A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 11, 78, A==D===a=A==a==A==b====C====b===B====e====A=a=a
A=B======a====A==a===B====b====D====e======Aa==a, 93, 13, 78, A==D===a=A==a==A==b====C====b===B====e====A=a=a
A==E=======b==A==a===B====b==A====d=======a, 132, 11, 78, A==D===a=A==a==A==b====C====b===B====e====A=a=a
A===D==aA==b===B==b======C===c===B==aA=d===Aa=a, 151, 12, 35, A=C==aA===a==B==d=======E===c===B===d=====A=a=a
Accuracy: 0.01818181818181818


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1780

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1975

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1691

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1884

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1679

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1943

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1417

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 1845

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1572

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2054
Final centroids: ['A=======E====e====A=aa' 'A=A=a===E===e=====Aa=a'
  'A==B=a==B==b========D==aA=aA==a==A===a==A===b=A=c===A=b==a'
  'A=A=a===B=a=====D==d=======B===c===A=a=a'
  'A=A==a========E==d=======B===c===a'
```

```
'AAa==B==a====D==d==A==a==A==b====A==aa'
'A======C===a====C===c==B==a====B====a====A===b====A=====d=====a'
'B=A==a===B=a=A==a===C===d====B===a==A====c===A=a=a'
'A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b==A=b=a'
'A=A==aA=a===B=a==B==a===B===b===C==d==Ab==Aa=a'
'A======B=====A==a====C==a===A==c==A==c==a'
'A=B==a===C======b======C===e====A=a=a'
'B==A=a===D======c==Aa===A==b=b'  'A==Aa====E===b=A=c===A==b==a'
'A====Ba=B====a=Aa==A==c======E====e======A==a=a'
'A==C==a=B=====c======Ba=B==a=Aa=A====c====D============e===a'
'A=====D==c=A=a=======C=d======E===e====E===d===A==b==Aa=a'
'A=A==a==A==a======D==aB==b====A===a==A==a=A==c===A==b==a'
'B=B=a==B==a====Aa==B===c==A=a==A=aA==b=b'
'A=A==a=A=aAa===E==e==A==a==A=a====a'
'A=A==a===B==a===D=====c======B=====d=====a'
'AA=======D==e=======A==a=a'  'A=B===a==A==aA=a=====D===cAc====a'
'A======B====a===D=d=A=b===A==a=Aa===B====b==A=a==A=aA==a==a'
'A=Aa====C===a===A==c=====C=aC=====c==Ac=======A===a=a'
'A==B==aA=a=A======a====D====e=======a'
'A=B==aA====a==B==a=B==c===A==a=A=a=A=a==A======a===C==a=A==b=====C==c======A=a=A==b=A=ab'
'A=Aa==B==a===D==d==B==c=====B==a==A==b=====a'
'A==B==a=A==a===B===b===D===e====A===a==A==a=Aa=A==a=a'
'A=======D=====b====A=b=======D=====d===A==b=a'
'A=A=a==C===b=====B===a=A=a====C=====b==A==c==A=a=A===b==Aa=a'
'A=A==a====B=a===D===b==A=a==A==d==A=a=a'
'A=A=a==B=a==CaB===c=======A==c==A=a==a'
'A======C==aA=a===A=a==C==d=========A==b=a'
'A=======C==b===A=aA=a===Aa=====D==aA==b=A==c===A==a=A==b=====a'
'A==A==aA==a==A==a=A==a====A==a===A==a=A=a===A===a===C===a=A==a===C==c==A==c===A=a====a'
'A====A=a==B====b======E==e===A=a==a'
'A==B==a=A=a==A=a==B===b===A==a=A=a==A=aA==a===C==a=A==b===C===c==A==b=A=b=A=a=a'
'A=A==a===D==a=B=a=A==b=A=b===C===e===Aa=a'
'A=A==aAa====C===a=A=a===C===b===B==e=======A=aa'
'A==A==a====E==d===A=a==A==b=a'
'AA=a===B==a==C=aB==c=A=c=====C==c=====A=a=a'
'A===B==a==C===b==A==c=====A=a==E===c===B====d======Aa=a'
'A====C==b=====A==a====C====d======D==d======E====d===A==b====a'
'A=======D==a=A===b===C==b=====B====a===A=a=A===c====B====d=======a'
'A======D====b===A=a===A=a==Aa===C=a=A===b==A==b===Aa==A==c==A=a==a'
'A==B=aA=====a==A==a===D==d======A===a=A==b======Aa=a'
'B=B=a==C===d====A==aA=a=b'
'B=D======b====A=c======D====c==C===e======Aa=a'
'B==B===a==AaA=a===B=a=B====aAa==A==b======A=a=B==c======B==a==A===c===A===b===A===a=a'
'A==C=a==B==a===B=a=A===d=====A=a=A===b===a'  'AAa==D=aB==e===A=a=A=a=a'
'Ba======E====e=====A=a=a'
'A=B=a==A==a====D==d===B===c====A====a===A==a===A=a=a'
'A=A=a===E=======b=====A===a===A====a==A======b===B=====d==A=a=a'
'A======C=a==C===c==A==b====B==a======C===d====B=====c====a'
'C=Ba=B====d==AA=a==A==ac'  'A=Aa=====E===e===A=a=a'
'AAa==B=a=D===e===A==a===a'
'A=C==a==A=a==C==c======C===b===B==e======Aa=a'
'A======C===a======B=a=B===b=====B==b===B==b=A==c====A==b=a'
'A===C==a=Aa==A===a====C===a=A======d==A===b=a'
'A==D===b===C==d==Aa==A==b==a'
'A=B===a=A===a==A==a=B=b=======A==b===A=a=A==a=A====a=====C==a=A==a=====C====c=A==b=A=b==A==a=a'
'A=A=a=A======A=a==A==a===C==b===A==b=====B======b====A=a====D==d===A==a====A==b==a'
'A==Ba==D==c==A==b==A==b==a'
'A==Aa=====C==b=====B===c==========E=====d======A==b===a'
'A=A=a==C==a===A====a===A=a===C=a=A=a===A==c==A=a=A==c=Aa=a'
'A=A=a===B=a=B==a===A=a===B===b====B=====a==A=a=A==a===B===c==A==c==a'
```

```
 'A===B=a=D==c===A=a==A=a==A=a=====B==a=A===b==A==c====B==a===C==d===A=aa'
 'A=A=a==E====e===A=a=a' 'A=A=a===B==a==Ba=C===c==A=b====B===c===A==a=a'
 'A=====E==c===A==a==A=a=A===c=====E===e====E====d===A==b==Aa=a'
 'A=A=a====C==a=A=====a==C==c=====B==a=A=a=B==d====A==a=A====b==a'
 'A=A=a=A==a==A=a=A=a=A=a==B=====a==D==e====A=a====a'
 'A==A=a=A=a=A=a===E===e==A=a=A==a=A=aa'
 'A===B====a======D====e=====A=====a=a'
 'B=B=a=Aa==B==aAa==A=a===A====b===C===d==Ab====a'
 'A=A=a===C=a=C===b====A=====d==a'
 'A=A=a==C==a==B=a==B====a==A=====cA=c===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A=====b=a, 60, 9, 99, A===B====a======D====e=====A=====a=a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 11, 160, A======C==aA=a===A=a==C==d=========A==b=a
AA=a===E==c===C=====e========A====a=a, 90, 10, 18, A=A=a===B=a=====D==d=======B==c==A=a=a
A=====D====a=====B====d====A=====b=a, 107, 9, 99, A===B====a======D====e=====A=====a=a
A=A=a===D===a==B====c====A======c==a, 109, 10, 18, A=A=a===B=a=====D==d=======B==c===A=a=a
Accuracy: 0.004545454545454545


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.01181818181818182
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 90

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1722

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2288

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1909

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2299

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1823

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2367

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1915

Iteration 8
Found empty cluster
```

```
Terminal measure: Et = 2240

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1846

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2276
Final centroids: ['A=A=a=====D=====a=A==b===C==c=====B==a===A==a=A===c======A===b===A=a=a'
 'A=B=a====B=a=C====c===C=====e==a' 'A=B==a===C=====b===C===e====a'
 'A==B=a===C====aA=b===B==a===B==a=Aa==A====c===Aa==A=a==A==b===A==b==a'
 'A=A==a=A=a==A=a=A====a==B==a=A=a=====A==a====C==aA==c===D==d======A==b====a'
 'A======B===a==A===b=====Ba=D===c==A=c====A===a=a'
 'AA=a===B===a===A=====a==D===a=A==d===A=b===a'
 'A=A==a==A=a==E==c===A==b====B===b===A==b=====a'
 'A=A=a==C===b=====B===a=A=a====C=====b==A==c=A=a=A===b==Aa=a'
 'A=Aa==Ba=D===d=====C==c=Ab===Aa==a' 'A=E==b===A===b=====A==c==a'
 'A=B=a==D======a==A=b===A==a==B======a===A===b====A======cA=b=a'
 'A=A=a==B=a==A===b========E====e=======A==a=a'
 'AA=a===B==a==B===b========D=====e====A=a=====a'
 'A=B===a=A==a====D=e=======D====b===B======d====Aa=a'
 'A=A=a==C==a==A=a==C==d===Aa==A==aA==b=a'
 'A=Aa===C=a=====A===a===C===b==A=c===A==b=a'
 'A=A=a===C===b=======C===a==B=a=A=c==A==b======B==a=A==c====A==a==a'
 'A=B==a==A===b=====A==a===D=aB==d===A=a======A=a=A==b==Aa=A=a=a'
 'BA=a====C=====a==A=a=A==b===B===a==B=====c=====A==b===A=a=b'
 'A=A=a====E==d======D===e=======a'
 'A=B==a==A==a===A==a====A=a====B===a====C===d==Ab===Aa==a'
 'A=B==a===B=====a==C==d====D======b==B==bA=d====A==a=a'
 'A=A=a==A=a====E==d==A=a=A==b=====a'
 'A==E========c==A=A==c======D====a==A====e========a'
 'A==A======a==A==a==C==c======B==b==A==a==A==a==A==a===B===a==A===b===E====c==A==c==A==a==A=a=a'
 'A=Aa====E===e====Aa=a' 'A=A=a===C==a=B=a=B===b=A=b====B==d===A=a===a'
 'A==C=====a==B==a==A=aA=a==B===b====B==e========a'
 'A=A=a===D==b===B==b=====A==a===C======b==A===c===A=a==A==b==Aa=a'
 'A=====C==a==C=====a=A==b=A===d==A=a==a'
 'A==E===a===A==c======A===c==a'
 'A=B=====a====Aa=A=a====Aa==C=====a==B===e======Aa==a'
 'A=A=a====D==a==A=a=B===d=====A==aA==b=a'
 'A=====E===d=A=a===A=====a====A=====a==B===b=====Ca=B==e====a'
 'A=B=a===D==a=A===b===B==e====a'
 'AA=a==A===a======C=a=C==c=====B==b===A==aA==c=====A=a=a'
 'A=A=a==C===a===B===c=====C==a=B=====e=======A==a=a'
 'A==C==a=B==c===B===a==B====c======D===e=======Aaa'
 'D==b===A==a==D===c==A=b==A=b=A=aa'
 'A=B=a=A==a==B=a===A==a===C===b====B==d====A=b===a'
 'A====E==e====A===a=A==aa' 'AAa====B==a===A==a===D===c==A==c=A=aAa=a'
 'A=D===b====C==c==A=a==A==b==b'
 'A======D======b===A===c=======E======e===A==a===a'
 'Ba==Aa======E===b=Aa=A=a==B==b====A==a=====B=aA===c=====B=====d====a'
 'A=A=a======E==e=====A==a=a'
 'A===B=a=A===aA===a====A=a====D====b===B====d======a===a'
 'A=======E===b==A==a=Aa==Aa==B==a=A=a==A=b===Aa=A===d=====a'
 'A=A==a==B=====a==B===c=======Ca=C==e====A===a=a'
 'AA==a==E=====b=A=a====A==d===a'
 'A====Ba=B====b====B==a=BaB==b====A==b===C===b=A=c====A==b=a'
 'AA=a====E==e==A==a=A==aa'
 'A=====C=aB==b==Aa=A=a=B==b====C=====a=A=a=A==b===A======d===a'
 'A=B=a=B=aA==a==A==c========E===c===A==b==A=b===A=aa'
```

```
'A=B=a==B==a===B==a==B==c====B===a==A===c===A=b=a'
'A=A===a==A=a====A=a==B====b===A==a=====Aa===E====e========B===a==C===d====A==a===A===a=a'
'B=A==a===C=====b=====C======e====a'
'A=====C==a===A==a===C=========d===A=b==a'
'AA=a====E===c=====A==c=======D=======d==A===a==a'
'A=C=aB==a=A=a=A====c=====D====b===A=====d===A==a=a'
'A====A==a===E==e==A==a==A===a=a'  'Ba====CaC===e=======a'
'B=A=a=A==a==Aa==B==a=A===a===C===c====C=d===A====b==a'
'A==A==a===D==b=Ab=====B==a=B==a=A==a==A===b=======C==a=A==d====A==b==a'
'A=A=a==B===a====B==aA==a==B=a=B==a=A====bA==c===A=b=a'
'A==C==a===C===c=====A==a=B==b===A======b=====C===aA===c=A==b==a'
'A=A=a=B=a==D==c=Ab======C====d=====a'
'A==A==aA==a==A==a=A==a====A==a==A==a=A=a===A===a===C===a=A==a===C==c==A==c===A=a====a'
'B=C==a=A==b==B==b=====B=====b==C==c==A=c==A=aa'
'A==A=a===B=======a==A===b=========E====e=======A==a=a'
'A==B==a=B==a=B==a==B===d===C===b==A===c==A=aa'
'A=A=a==B==a===B==a=A====a=A====a=A=a==A=a=A=a=A==C===a==A==a===A==aA=c===A=c==A==a=A=a=a'
'A=Aa===A==a====B==b=====B=a=D===e========A===a=a'
'AAa=Aa====B=a==D=======c=====A===c===A=a=a'  'A=Aa=====E==e========a'
'B=A===a===D===c====C===d==Ab====a'
'A=====B====a=A===b=======E===e========A=a=A==a=a'
'A=A===a==Aa==A=a==A=====a===B=a==A=a==A==a=A=a===C=======a===B====d===A=b====Aa=Aa=a'
'A===A==a===========E====b===A==b====B==a==B===c=====B==a==B==c===A==b===A===b=a'
'A=B=a=B=a=A=a==C==d====A=a=C===b===C==e========a'
'A====C===a====A=a===C==b=A==d====A=a=a'
'A=Aa=A==a==B==a=A=a=A=a====D=======d====C===c==A=b====a'
'A=Aa===B====a=A===b======C=a=C=====c=A=c=======A==a=a'
'A=A=====a=====E====d==A======b====a'
'A=====C==b===A==a==A=aA==b=====E===e=====D===d====A==a=A=a=a'
'A==C=====a==B===b======C==b=A=d==A=a=a'
'A=B==a===B==a==B=a=B===d======A==a=A==b=a'  'A=A==a===E===e====A=a==a'
'A=Aa=B===a==B=a=A===b===A==aAa==A=a=A==a===C=======a==B===b==A===d===Aa=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 26, 130, A=A=a====D==
A=A==a====D====c========B====a===C=aA===c===A===c========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 24, 127, A=A===a==A=a=
A=B=a===C======c=====B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d=A==b=a, 60, 23, 42, A==A==a===D==b=A
A=A==a====C====c=======A==a===E====c=====A==b========C===a=A==d====A==a==a, 46, 21, 42, A==A==a===D==b=A
A===B==a==C=======b====B==a===B==a=A=b==Aa=A==b========B==a=A===c===A==b==a, 52, 18, 42, A==A==a===D==b=Ab
Accuracy: 0.0136363636363636

++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1813

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2324

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1975

Iteration 4
Found empty cluster

```
Terminal measure: Et = 2313

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2080

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2433

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2125

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2282

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1976

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2322
Final centroids: ['A=B==a=A==a=B==a=A===b===A=a=C==c====A===a====B==a=A==a===C====b==A==c=A=b===Aa=a'
 'A=B==a===C===a==B==e========D======d===A==a=a'
 'B=D==a=A=a==A==b===A==aA===c=b' 'A=====C====a===C==c===A=a=A==c=====a'
 'A====A==a=====E==d===B==c========a' 'A=A=a=====E====d==A=b=a'
 'A=C=====a=A=a==B===a====B===b==Aaa=A==a===C==aA==b==A==b=A==b=A=b====a'
 'A===B==a=====D========c===A===c=====a' 'A==C==a==C===e===A=a=A==a==a'
 'A=Aa=B=a==D==c======C====e======a' 'AA==a=====E===d=====a=a'
 'A====B=a==C==a==Aa==A===c========D==a=A==e=====A===a=a'
 'A======E===c==A=a=A==aA=a====C=======aA==c=====A====c======a'
 'A=A=a===C=aB==a=AaA==b==B==b=====B====a===B=a=A==b====A=====b=A=b=b'
 'A==D===a====B==c==AaA===c===a'
 'A==A====a==A=======a===A=a===C====b===B==c===A==a======C==c======B===a===D==e=====A==a=====A====a=a'
 'A==C==a==Aa===C=====c====A===c==a'
 'A=A=a=A=a===A==a=B==b==B=b==A=a=A=====a======D=a=A==b===C===c==A==b=A==b=A==aa'
 'A=A==a====B===a=======A=aAa===D===b=A====c=======Aa===B==a=A==c=====A==a=a'
 'A======C=====a==A==b====D==========e====Aa=A==a=a'
 'AA==a===B==a====D==c======A==c===A==a=a'
 'A=A=a=A==a===B==aAa=======D===c===C===e====A=a=a'
 'A=A===a==A===a==A=====C=====b====A==b========D=====d=====B===a==C===d===A==b===A=====a=a'
 'A=A==a==C=a=C===d======C===d===a' 'B==A==a==D===c===A==a=====a=b'
 'A==B=C==a=A==b===A==c===Aa==C====b====A===aA=c====A=a=a'
 'A=A=a===E===d==A==b==A=a=a' 'B==A=a==D=======c==Aa===A==b=b'
 'A====C=aA=aA==a====C=======a=A====b=====Aa=B===c=====B===a=A====b==A===a==A===c===a'
 'A=A=a=====D==a=B==c===B===a=A==a=A==a=A==a=A====b==A=b==b'
 'AA==a===E===e========A==a=====D======b=A==c========D==aB=====d====A==b==a'
 'A=Aa==E===c===A=b=A==b=a' 'A=C==a=B=a=B==d=====A==aA=b=a'
 'A==A===a===E===c=Ab====A==aA=b=a'
 'A=A==a=====A=a==B==a==Aa=B==a=Aa==A=a=C==a=A=b===B==c==A=c==Aa=Aa=a'
 'A===D=====a==B====a==A===e===a' 'A=B==a======D==c====B===d====a'
 'A======D=aB==e======A=aa'
 'A===B==a==C==a==A==c===D===d======C===b==B===d===A=a=a'
 'A====Ba=C===a=A=a==B===d=======A=a=A==ab'
 'BB==a==Ba=B==aA====a=A==a===A===d==Ab=a'
 'A===A==a=A=a====E==e==A==a==A=a====a'
 'A=======D===b===A===c======E========e=======A====a==a'
```

```
'AA==a===B==a====B=a==C===a==A==c=A==c==a'
'A==B==a=A=a=C==c=Aa=====D=====e======a'
'A==B=a=B===a==B=a==B===b===A===b==A==c===A=a=a'
'A==B==aA===a====D=c===C===d=====B==b===A==b===A=a=a'
'A=A=a==B==a==AaA==b==D===c=====B==a==C==c==A==c=a'
'A==E===c===A===a====C===a=A===c==A=c==a'
'A==B=a=B==a==B==a==A=====c=B==b=A==a==A=a==A===a===C====aA==a==B====b==A===b=A=c===Aa==a'
'A=Aa===B===a===B===b====C=a=B====c=A=c===A=aA==a=a'
'A==D======a==A==c====D====c=A==c====A=a=a'
'A========E===e====A==a=a'   'A=A=a==E===e====A=aA==a=a'
'A======E=====aA=b==A===a===A===a==AaA===a==Aa==A=====c=A=b=a'
'A=Aa=====E===d===A=a=A==a=A=a=====B==a=A===a==A===b===A=a==B==c==A=a=a'
'A=A==a=A====a===B=a=B====a==A==c=====C==b===A==a=====B==a==C==c==A==b=====A==b=a'
'A====Ba=C===c======D====e===Aa=a'
'A=====D===a==A==b====C===========e====Aa=A=a=a'
'A==D==a=B==d====B=b===D===d====D===e======Ab'
'A=Aa====C===a=B==c=====A==a=====D====a=A==d=====B==c=====a'
'A=A=a===C==a====C==c===A==a==B======a=A==b==A=a=A===c===Aa=a'
'A=====B===a===D====b=A=b===B==d====Aa=a'
'A==B=a==B==a==A=====a===Aa===C==aA=b=A=c===A=a==A==b=A=a=a'
'A===A=a===E==e======A==a=a'
'A=A=aA=a===B==a==B==b==B=====b======A=a====D===b=Aa===B===c==A==b=A==b===a'
'A==C=a==A==a==B=====a=A==a=Aa==A====a===B====b=A==d=====a'
'A==B==a==B==a==Aa=A===b=======D==aA==d====A===b=a'
'A=C==a==C==a=A==b==A=a=A==c==A==b===a'
'A=====D==a=A=b==B===d==========E=====e====A===a=a'
'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
'A==B==a==B==a======B=a=B====a====A==a===A===aA==d===A==b==a'
'A==A====a==A==a=A=a==C====b=A=b=======C=====c=======C==a==C==e=====C===c====A==a=a'
'A==E==a==A==d===A=b==A=a=a'
'A======D===c=====B==a==A=a=AaA=a==B==a==B==a=A==c=A=c====a'
'A=A=a=A=a===B=a===B==b====A==a==A=a=A==a==A==a====D===aA==c===B====b==A=a=A==c======a'
'A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a'
'A=B====a==A=====a==B===c======E======d===A==b=a'
'A=Ba=C======a==A==b====C==c====C======e====Aa=a'
'A=A==a===B===a===B==c=======E====e=====A==a=a'
'BA==a=A=a=Aa==D==e===A==a===a'   'A==D====a===B==c=Aa==A===c==a'
'A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a'
'A=B=a=A===a==A=a==B==a=====B====b===C==e=A=a====a'
'A=A=a====E==e===A=a===Ab'   'A===A=a==E===e=======A==a=a'
'A=A=aA=a==E==e=========A=a=a'
'A====C===b=======A===b=Aa===E==d====D==e=====AaA==a=a'
'A=======E==d====A==a==A=c'
'A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid

A==A===a==A=a==Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 22, 100, A
A=A=a=Aa==B===a==A=aAa=B======a==A==a===a==A==a=A=a=A==b=====B===a=C===c==A==aA==b=A===b=a, 40, 23, 102, A=A
A====B==a=A==a==A==a=C=====a==A==b=====Aa=C===d======B=====a=B===c==B==aA===b=A=b=a, 153, 25, 160, A=
A==B==aA==a=A==a====B===a=B=====a=A=====c======C====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 23, 120, A==
A===B=====a==A====a=A=a==B=====a====A=b=====B===b======C===a==B==c==B===b==A====c==a, 152, 24, 160, A=A

Accuracy: 0.013636363636363636

++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique

```
Terminal measure: Et = 1882

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2268

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1815

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2265

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1934

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2175

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1774

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2227

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1840

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2284
Final centroids: ['A==B=aB===a=A==a====C==c===A====b==A=b==A==a=a'
 'A==B=a==A==a=A==a==D===e===A==a====A==a=Aa=a'
 'A=A=a===B=a=====D==d=======B==c===A=a=a' 'A=C====a==C==d=====A==b==a'
 'A===B===a==A=a===B==c====E===e====E==e=====A====a=a'
 'A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a'
 'A======D===a====B====d====Aa===A===b=a'
 'A=Aa===Ba==C==a=A==a==B==b====B===a==Aa=A===c=====B=====d====a'
 'A=====C==aA==a=A=a=Aa==B==a=====A==a=A==a==B===c====B===b=A=c===a'
 'A=A======A==a====B==b=A=a=====D===b=A===c===A=aA===b=A=a=a'
 'A=B====a===D==d==Aa=A===b===a'
 'A===C=a=C==a====A=a=A==b=Ab==A==a====b=a'
 'A=====D=a=B==b==A==c====D======c====C==b=A==d======a'
 'A===A=a==D====c====A==b=====Aa===E======e======A=a===a'
 'A=Aa===D=====b==A=a==A==a=A=a==C======b==A===b==A=a=A==c==A==a=a'
 'A=B==a=A=aa=A==a==C==c=====A==a=A==a==A=a=A==a=Aa===C==a==A===b====D===d===A=a==A==b======a'
 'A=A==a===B===a=======Aa==D==aA==e=========B==aA===b===A=a==a'
 'A=====B==a====B=a=C==c==A=a===B==d===A=a=a' 'BA=a==D===d==A==b==A==a=a'
 'A=B=a==B=a=B===c=======D======e=====a'
 'B===D===c=====B=====b=====A====aA===c=a'
 'A=Aa====CaB==a===B=b==B==c====C===a===A=a=A===c====C=====e======a'
 'A=A=a==A==A==a=A==a====B===a==A==a====A=a==B===c======A==a===D===e===A==a====A==a=a'
 'A====D===a==A=a===Aa=A==c====D====d===C=====c==A==b=A==a=a'
 'A===A===a=A==a==A===a=====C===a===C===e=========a'
```

```
'A=B==a====D==c==Ab===A=a=Aa====C==a=A==a=A==aA=b=======C==a=A====c===A===c==a'
'A===C====a==C====d===A=b=Aa=a'
'A=A=a=A=a===B====a==Aa==B========a====A==a==A=a====C====b=====B==a==A====c===B===a===A==d===a'
'B=A==a===C=====c=======B==a===C=====b===A==b==========B==a==A==d=====A==a=a'
'A======C==b===A=aA=a===Aa=====D=aA==b=A==c===A==a=A==b=====a'
'AA=a==A=a=A=a==B==a===B=a=B===b===C==e========a'
'A=C======a=A=====a==C===c===B===b==A==b==A=b=a'
'A==Ba==D==c==A==b==A=b==a'
'A==A==a==Aa==A=a=Aa==B====a==A==b=====Aa===E==e=======A==a===C==c===A===a===A===a==a'
'A==Aa=B=====a===D===c===B=aA==d=====a'  'A=======E===e====Aa=a'
'A==A=a==A=a==A=a==C======b===C==c==Aa=A==a==B==b=====B==a==C==d=A===b===A====a=a'
'BA=a====D==b===A=a==B===c=======A=a==A==c=a'
'A=A=a===B=a=B==a===A=a===B==b====B=====a==A=a=A==a===B===c==A==c==a'
'A====D==a==A=a===B==c===A=a===A===c=a'  'B=B====a==C==d=====A==b====a'
'A=Aa=Aa==C=====a===B==d=========E=====e=====A==a=a'
'A=B====a===D===e====A===a=a'
'A===A===a=====Ba====D===c=A==c======C===b=====C===a=A==d===A==a==A==a=a'
'A=Aa====D===b==C==b===A==a=B==aA==a=====c=A=a=A==b=A=a=a'
'A===D==a==B==d===A=====b=a'
'A==C==a==C===b==A=a====Aa=A==a==A======a==A===b=====A==a=A==b==A=b=a'
'BA==a==A=a==D======c==B=a=B==d=Ab=a'
'A=A=====a==B====a=A==a=A=a===A=a==A====a===D======b===B==c==A=c========a'
'A=B==a=======D===c======C===e===a'
'A=A==a==C=====b======B==a==C===a====a=A====c===Aa==D==aA=====e===A=a==a'
'AA=a=====E===e=A=a=a'  'A=A===a=======E==e=====A=a===Aa=a'
'A======E==a=A=aA====c=======A===c==a'
'A=A=a=A==a==B==a=A===b=A==a=A==a=====B==a=B===aA===a==C===c==A=a=A==c=====a'
'A==A=a====E===e=======A==a=a'
'A====C======a=======C==d=====C==b===C==d===A=====b=a'
'A=A=a=B=a====B==a=A==a=Aa=A======a=C===e========Aa=a'
'A=A=a====D=a=B==c==A=a=Aa==C===b====B==a====A==a=A==b=====B==aA==e==Aa=a'
'BAa===B===a==A==a====C==a=A==c===A==c=a'
'A==A=a==D====d=====B==a==C==a===A=====c=======D==aA====d==A==b=a'
'A=Aa=Ba=B====a==B=a==B==d=====A====a=A==b=a'
'A===D==a==A==a====A===c=====D===c===C====c==A==c=====a'
'A=A=a====C==a===A=a==A======a==C==a=A==a=A===d====A=a=A===b==A=a=a'
'B=a=====A=a==A=a==A==a=====C=====a==C==d==A=b====a'
'A==C==a==B====c=======D===a==A====a==A==b==B===b=Aa==A===b==A===c===a'
'A==A==a=A==a==A==a===A==a=A=a=B==a=A=a=A==a==A==a====B==a===A==a===C=====d==A==a=A==b==A=a=a'
'A===B==a===D==e====A===a===a'  'AA=a==E==e===A==a==A=a=a'
'B=B=a==C===d====A==aA=a=b'  'A====E======d==A=b==a'
'A==D=aB==a===A==a==AaA=b=====B===b===B====a===A=====e==a'
'A====D===c===A====a==Aa==C==d======E===e====C=====b===A==b==Aa=a'
'A==B==a==B===a===C===b=A==a==A==c==A==b=a'
'A=A=a====B===a=====A==a===C=a=B=c==A==b=======B==a=A===c====A=a=a'
'AA=a=====D==c==A===a====D===b==A==d===A==a==a'
'A====A=====a===E==c==A==b=A==b====a'  'A=Aa===E====e===Aa==a'
'AA=a===E===c===B=a=A==d=======A==a=A=a=a'
'A=B=a==A==a======C=a=A===a====B==a==A=aA=bA=c==A=b=a'
'A=B==a=A==a==A==a===A==a=====B==a=A=a===C==e=====A=aA=a=a'
'A=A=a===C==b===C===c==A==a===D===a=A===d==A=a==A===b=A=a=a'
'A=B==a==C==b=A=b==B==c=========DaB======e===A==aA=a=a'
'A=C===a=A=a==B==d=====E===c===B====d=====Aa=a'
'A=A=a=A=====a=A==a===B==a=B==b=====B==b===A==a===D=d======B=a=Aa=C===d====B===b==A=aA==b=a'
'A===A=a==B===a==A==b=======E===e========A===a==a'
'A=A=a=A=a=B=a=B==a====B====b==C==e====A=a=a'
'A=A=a====B==a==A====a==A==a=======D=====b=A==c===A==a===A===b====a'
'A===B===a==Aa====C====d===D===c==D===d=A==b====a'
'AA==a==D===c======A==a=D==aA=b=A===c======C==a=A===d==A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
```

```
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 6, 18, A=C====a==C==d=====A===b==a
AA=a=====E===e=====A=a=a, 145, 3, 160, A=======E===e====Aa=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 5, 165, A====E======d==A=b==a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 3, 149, A=Aa===E====e===Aa==a
CaA=a===CaB===e====A=a=a, 165, 7, 160, A=======E===e====Aa=a
Accuracy: 0.01818181818181818


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 4


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2035


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2232


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1870


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2194


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1818


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2280


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1917


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2361


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1953


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2336
Final centroids: ['A=A==a=====D===b==AaA=a==A==a======B===a=A==a==B==c=====B===bAc===A=a=a'
 'A=A=a==A=a==A=a=====A===a=A==a==Aa===E==e======A=a=B==b===A=a==A===a=a'
 'A=====D===b==A=a===A======c=====E===e======D====c===A===b===Aa=a'
 'A====A=a==E===e===A===a==a'
 'A==B==aA=a==A==a==Aa=A=a==A=a=B====b===D===d==A=b===Aa=a'
 'A====B===a========D==c==A==aA==c=====a'
 'AA=a===C==a===B=a=B===c==A=a==C==e=======a'
 'A==C==a=A==b======D===a=A==a=Aa==A===b==A====a=A==bAb==A=b=a'
```

```
'A=A==a=A=a=A=a===B=a===D===aA==d=====C====d=====C==a=B===d===A==a===A===a=a'
'A=====D===c===Aa===A==a=A=a=====D===e=====D===d===A===a==A=a=a'
'A=A=a==C===b=====C===a=B===b=A=a=A==b===B====b=A==c====A=aa'
'A====E======b===B===a===A===a==A===a===A===a=A========e===a'
'A=D==aB=====a=A===a==AaA===a==A=====a==A=====b=A=d=====a'
'AA=a==B==b========A=a==D==a=A==c=A==b===========E=d======a=a'
'A=======C===b===A=a===A======a===D======bA===c=====Aa=A====b=====a'
'A=Aa=C===a====B=a==B==c===A=a=Aa==A=b=b'
'A=Aa==D==b==A=a==B=====c=====D===d====D==c==A==c==A=a===a'
'B=A==a=Aa=A=a===C==c=D===d=====B===b=A===b==A===a=a'
'A=======D======b===A===c======E======c===A==c===a'
'A==A====a=====E==d==A==b========a'
'A===A====a==C==c==Aa====E===e========a'
'A=====C=====a=A===b=====D====e==Aa=a'  'A=A===aA==a===E==d===A=a==A==b==a'
'A=A==a==B=a==B====c===C==a=C===e======Aa=A=a=a'
'B=B=a=A=a==C===d===A=aA==b====a'
'A=Aa=Aa=B==b===E==e======E===d====C==d=======a'
'BA=a=A=a=D===e===Aa=A==a===a'  'A=A=a=====E=====c====B====d=a'
'A=A===a===B==a=A==a===B===b====A===a======D=====a==A===aA==d====A===b=a'
'A=B==a==A=a====D===c=====C=====e==a'
'A=B=a=B==b==B==c=======E===b==B====e=======a'
'A======C===c===Aa===C==a==C==d======B==b====A===a==A==a===a==a'
'A=A=a===B=a=======D==c==A=a===A===c==Aa==a'
'AA=a===A===a========C=a===C==c=====A===b=====A===a=A==b====A==a=a'
'A=A=a==E===d==A===a==A==ab'
'A=====B===a===A==b=======E====d==========a=a'
'AA=a=====E===e=====Aa=a'  'BAa===A===a===A===a===D==b=A==d=====A=a=a'
'A=B=a==B==c======C===a===C==b=A=a==B==b===A==a==A==b=Ab===A=ab'
'A==C==a=A=a==A==b====D====b===B==bA=d======a'
'A==E======a===A==b===B====b===B=======e====Aa=a'
'A=C==a===B==a=A====c=======D====c===B=====d====A=a=a'
'A===C=====a====A=a=B==c=====D===d==D====e====Aa==Aa=a'
'A====A=a===E===e=====A===aA=a=a'  'A=A=a===E===c==A=a=Aa==A==c=====a'
'A=A===a===E====e====A====a=a'
'AA==a===A====a=Aa====A====a===E=====d==A==b=======B=a=A==b=====A=a=a'
'A===A==a==E=====d=====A===b==a'  'A==A==a=Aa=====E==d===Aa==A=a===a=a'
'A==B==a=B===c=======E======a==A==a===A==b===A====a==A==c==A===b==a'
'A==B=a===Ba=C==d=====A===b==a'  'A=Aa=B=a=C===b====C==b=A=d==A=aa'
'A====Ba====D==b==A====b==B===b====B=====a=A=a==B==c=====B==aA==d===Aa=a'
'A====E====d===A==b==Aa=a'  'A=A=a==C===a==C====a=A=b===A==d===A=a==a'
'A====C=====a==B==a===B==c====B===b==A==c======a'
'AA=a==C==a=====A=a===C===a=A==d==A==b=a'
'A=A==a==B==a=A=a===B==c==========C=a==C==e=====A==aA=aa'
'A=B=aA=a==D==d=======A==b=a'
'A=A==a====B===b=======A==a====C=a==C==c==A===b======B==a=A===c=====A==a=a'
'AA=======D==e=======A==a=a'  'A=A==a==E==d=====A=a=A==b=a'
'A====B======a===D====d======A==b==a'
'A=B=a===C==aA==c========B==a=B==a=B==c=A==aA==b=A=a==C==a==A===c=====A==b==a'
'BB==a==C========c===A==a=A=a=A=a=A==a==A=a=A===b===B==aA==aA===b=A=a=A==a==Ac'
'A====C======a===C===a=A=====e======a'
'A=Aa===C==a==A===c====C=a=C===c=Ac=====Aa=Aa=a'
'A=A=a====C===b======B==c===========E=====e====A====a=a'
'Ba=Aa====B=a=A=a==C===b==A=a==C===e=======a'
'A=B=====a==D==e=====A====a=a'
'A==A=a=C=====a=A=====c=========E====e====A==a=a'
'A==C==a==Aa==C==b=====B===e==a'  'A==A=a=====E===e=======A==a=a'
'Ba==A==a==A=====a=======B=====a==B==a=A==a==C===c==B===b==A===c=====A==a=a'
'A====E===c===B====c===B=a==C=====aA==d====A===b=a'
'A=====E==c======A=aA=c=====C==c====C==c===A=a=A=a=a'
'A==B==a==A=a==C==a==B==d===A==a==A===b===A==aa'
```

```
'A==Aa===E==aA==b==A==a==A==a=====A====a===A=a=A===a===A==a=A==d=====a'
 'A=Aa=====B====a=====A=b===========E====e=====A==a===a'
 'A====A===a====A==a==Aa==C====b===A===b========E===e======B===a=C===d===B==b===A=====a=a'
 'A==B==a=B=a==C==d===A=a=====B==c=====Aa=a'
 'A=B==a=B======b==A===b=========E=====e====A====a=a'
 'A=======D===b=A==a===A==aA==a===C=a=A=a===A==c====B======d=====a'
 'A==A=a===B=======a====A===a===D===b=Aa==A====b======B===aA===d====A==a==a'
 'A==B==aA=a=A======a=====D====e========a'  'A=A=a==Aa====E===c=====B==d===a'
 'A=A=a===E==d===A==b==A=a=a'  'A=C==a==C===d=====A===b=a'
 'A=Aa======E==e=========A=a=a'
 'A=B==a=B===a=A=a==C===c=====B==b=B===b=A=c====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b=A==b=A==b=a, 131, 12, 57, A====C====a==B==a===B==c====B===b==A==c======a
A===B=a=A===a===C==a=B==d====B===a=A==c===Aa=a, 18, 10, 57, A====C====a==B==a===B==c====B===b==A==c======a
A=A=a==A==a===C=b===D==d====B==a===A==c===Aa=a, 20, 13, 68, A=A=a===B=a=======D==c=A=a===A===c==Aa==a
A=A==a==A==a==C==a=C===c==B===b=A=b===A=b==a, 35, 11, 57, A====C====a==B==a===B==c====B===b==A==c======a
AA=a===B=a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 12, 68, A=A=a==B=a=======D==c=A=a===A===c=Aa==a
Accuracy: 0.004545454545454545
```

++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1821

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2005

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1774

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2083

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1802

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2121

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1803

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2055

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1781

```
Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2042
Final centroids: ['BA=a===C===a======B===d==A=a====A==ab' 'A=A=a=====E==e====Aa===A==a=a'
 'A=A==a===B===a=====C==a==B===b==A==b===B===b=A=c=====A==a=a'
 'A==B=aB==a===B===a===B=a=A=====a===A======e=======a'
 'A===B=a=A==a====D===b==A====d======a'
 'A====E======b=====B=====a=A==a==A=====a===A====a========d====a'
 'A=B==a=B=====a=a===A==a===D=aA==c==A=b===A==B=aA===c====A==b=a'
 'A==E===c===Aa=====A===c=====E=d===C===c===A===b===a'
 'A==C===a====C==d==A===a=A==b=a' 'A=====E===c===AaA==c===a'
 'A=A=a=B===a=B===b====D=======e=======A==a=a'
 'A===D=====a==A=a=A====a==A====a==A=a===A====a===B====a=A=a===A===a===A=====e======a'
 'A=====C===a==B==a==B====a==A====d==A=b===a'
 'A==B==a==B==a====C==e========E======e===A==a=a'
 'A=C===a===C==d====A==aA=b=a' 'A=B=====a==D==e===A=aA===a===a'
 'A=====E=====b==A==d=====a' 'A=C====a=C=d==A=a==A===b=a'
 'A======E=====e====A=a=a' 'A=A====a====E===e===A=a=A==a=a'
 'A=A=aA==a==E===e=========A==a=a'
 'A==B==a==B=====a===A=a=Aa==B=====a===B===d===A=b====a'
 'A==B=a===D==d===A==a=A=b==a' 'A====A==a=====E==d===B==c========a'
 'A=A=a====C=====c========E====e======a'
 'A=B==aA==a==C===a===B=a==A======a==A====c=A=c====a'
 'A=B=a=A=a=D==e======A===a=a'
 'A======C=====a=A=a=A==a====C=======aA==c==Aa=A==b===a=a'
 'A=B==a==A=a=B==a=Aa==B======a==B====d===A==b=a'
 'A==B==a=A=a=B==a=A==a===Aa=A==a=A=a==A=aa==C===a=A==a==B=b==A==c=A=b==Aa==a'
 'A======B==a===C==d=======E====e=========A==a=a'
 'A===C==a=Aa==A===a====C===a=A=======d==A===b=a'
 'A==A=a===D==aA=a=A=a===B====a===A====a==A=aA==a=A=a====AaA===b=A===d=a'
 'A==C===a=A==b==B=c=======E===c===B==b=A=c====A==aa'
 'A=====C===a=B===c=====B=a=C==c=A=c======A=a=a'
 'A==Ba===D====d===A=b=a' 'A=B==a=======D==c=====B===d===a'
 'A==Aa======E==e====A==a==A=aa'
 'A=Aa===E======a==Aa====A==b=====B===a==Aa=A===a===A==a=A====e=a'
 'AA=a====E====e=====A=aa'
 'A=A=a====D=====a==A=a=A====a==A===a==B===a==A=====c===A===a=A==c==a'
 'AA=a===D==b===A==a==C==d======A==a==A=b=a'
 'A=B==a==A==a===D===c=====A==b=A=b=a'
 'A=A==a=Aa=A=a=======A==a=====C==b=====B===b=======A=a==B====b=======A==a===D====e==A===a=====A===a==a'
 'A=A=====a===B=a=A==b===A==a=A==a===A====a====D======b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
 'A=====B====a===A==b=====C=a=C===d==Ab=====A===a==a'
 'A======E==e=====Aa==A===aa' 'A==E===a==A===d==A=a=A=b==Aa=a'
 'A=A==a===E======e======a' 'A=A=A=====a===D====d====B==aA==c===a'
 'A====D===b=A=a==B======c====D==c===C===d====A===b=a'
 'A=A=a==C===a=A==a=A==a=====C======a=A==c=A==aA==c==A=a=a'
 'A=C=======a==A==a=A===a==B=b==A=a=A==a=A==a===C===a=A==a===A==c===A==b==Aa=A==b==a'
 'A=====D===c==A=a==A===C=d======D==d=====D===d====A==b=Aa=a'
 'AA=a=====E==e==A=a===A=a=a'
 'A=B=aB=a==C==d===C==b===C====c======B=a=A==d=====A=aa'
 'A=Aa=======E===b======B==b=====B==a=A=a=A===c===B======c==A=b==a'
 'C=B=a=B=a=A==b==A=b==Aac'
 'A=======E===b=A==b===A=a==A==a===C==aA=a=A===c==A==a==A===c==A=a=a'
 'A==A=a===C===c======B===a===D==aA==c===A==b======B==a=A===c=====A==a=a'
 'A==B==a===D======c====A=======c===a'
 'A===B=======a=====C=a==B===b==A==a===A======c===A===b=a'
 'A=====E===d===A=a=C===d=A=a=====C===c==a'
 'A=B===a==A==aA=a=====D===cAc====a' 'A=Aa====E===e=====A=a==a'
 'B=Aa==B==a====C==b=A==b==A==c==A==a=a'
```

```
 'A==B=aA=a==A=a=B==b===A===a==A=a=A=a=Aa======C==a=A=a===B===c==Ab=Ab==A=a==a'
 'A========D==a=A==a=====B====b===A===a=====B=====c====A=====b=Ab===a'
 'BB=aB====a===B===d========D===c===C====e=====A=a=a'
 'A=AaA==a====C=aB===d===B=====b====A==a======D=====c===D===e====A==a=====a'
 'A=A=a===C===a==A==a==C===aA==c=A=c====a'
 'A=A=a===B==a=====B===a===C==c====A===b====C==b=A==c===A==a=a'
 'AA=a=A=a==A=a=====C====a=A=b===A==a===D===d=====Aa==D===d==A==b====A==a=a'
 'AA=a==B=a======D==c==A==b===D==e====a'
 'AA==a==A=====a======E====aA=c===A===b===A===b=A==a===A==a=a'
 'A==D====a=B===d==A==b=====a'  'A===A===a==A==a====E==b=A==d=A====a=a'
 'AA=a==B==a==A==aA==a=A=a==B==aA===a=Aa===C=d=====A=b===a'
 'AA=a==Aa===E===e=====Aa====A==aa'  'A=A=====D==e========A==aa'
 'Ca===B=B==c====A=a=A==b=b'  'B=Aa==D==d===A==a===A=a=b'
 'A==B==a=B==aA==b===A====b======E=======d====A==b=a'
 'A===C===a==A=a====B==c=====D==d=====D==e=====A==a=a'
 'A=Aa====C=a=C==b==A=a===B===b=====B===a==A=a=A===b===A======d==Aa==a'
 'A========E====a==A=a====A===a======A==a=A==aA===b======B====e======a'
 'AA==a===C===a===A=a===C===b==A=c==A==b==a'
 'A=C===a==B==a==A==b===C===d=====C===b===A==c===A=a==a'
 'A=D==a=A==b=A==a====B====a===B==e======Aa==a'
 'A=A=a=Aa======E==d====A==b=A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E==e======A==a=a, 102, 4, 66, A=A=a=====E==e====Aa===A==a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 8, 132, A=====E=====b==A==d=====a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 4, 66, A=A=a=====E==e====Aa===A==a=a
A=A===a===E==e========A==a=a, 156, 4, 66, A=A=a=====E==e====Aa===A==a=a
A===A=a===E==e==A=a==A==aa, 160, 5, 175, A=A====a====E===e===A=a==A==a=a
Accuracy: 0.00909090909090909
```

++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2010

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2153

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1850

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2134

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1965

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2141

Iteration 7

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1895


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2111


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1891


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2104
Final centroids: ['A=A====a====E==d====A=a====A=a=b'
 'AA=a==C===a==C===b==A=a==A==c==A==b==a'
 'A=A==a====D======b=====C==e====a' 'A===D==a==B====c===A===c====a'
 'A======E====b=Aa=A===a==A=aa===C==a=A==a=A==d===B=a==A=c=====a'
 'A========D===b===A==c==========E====e====A====a==a'
 'A=A=a==B===a====D==e====C===c=====C==b===A==b======a'
 'A==B===a==C==c=======D==aA=e======a'
 'A=A=a===C==a=Ab=====A===a===C=a==B==c==A====b======C==a==A===d===A=a==a'
 'A=Aa==B==a===D==aA===c==Aa===A==c===A=a==a'
 'A===B====a=====D===c==Aa=A==c====a' 'B=B=a======C=====c=====B=====d==a'
 'A===B======a=Aa==D===c==A===b===A=b==a'
 'A=Aa==A==a===A==a=====E===b==A=d===A==a====a'
 'AA=a=====B==a===A==a==D===b=A==c==A==b=a'
 'A=A=aA=a===E==e========C==b==A=b===Ab'
 'A===A==a===A==a==A=a====A==a=A=a===A=a=A==a=====C==a=A==b===D===d==A=a==A=b===a'
 'A========E===e====A=a==a' 'AA=a===B==a====A==a===D===b=A=d=====Aa=a'
 'A=B=a==B====a=====C=aA==b======A===a==A===a=A==c====A==b=a'
 'A==C=====a=A======a===C===c====A===a==A==c====A=a=a'
 'A=A=a===E==c==A=b==A==b==a' 'A===B=a=C==b====A=a=C===d====A=a====a=a'
 'A==B=====a==A==aA====a===B==b====A==a=A=a======C==a=A=a===B==c==A=====c==A=a=a'
 'AA=a=====E==d==A==b==a'
 'A=A==a==B===a======B==a==C==c==Aa=B==b====B===b==A=c=====A=a=a'
 'B=B=a=Aa===C==c=======a=A==b=a' 'A=A=a=A=a===C==a==C==b==A===c===A=b==a'
 'A====A==a=====E==d=A=a==A=b=====a'
 'BA==a======B==a===C==d=====B==b==A===b==A==aa'
 'A=======E=====e===C===c========D==a=A===d===A==a==a'
 'A========D===b=A=a==A===a==C==aA==a=A==c===A=aA===b=====a==a'
 'A=B=a==B==a==B===a=A==a===A=====a====A======a===B====a==A=a===A=====a==A==b=A==b=A=ac'
 'A=Aa===D=aA==a==AaA=a==B===b=====A===a==Aa=B==b=====B=====e======a'
 'A==A=a====E======a==A=a==A==a===A=====a==A=aA==b====A======c==A=b==a'
 'B=A===a===Aa==D==c=====C=====d==B==b==A=b===Aa=a'
 'AA=a=====E====e=======A==aa'
 'A=A=a===B==a====A==a========C===a==B===d===A=b==Aa=a'
 'A====A==a===E==e====A=a===A=aa'
 'A=A=a=====E====b====B===b===B===a==A======c====B=====d=====a'
 'A=A=a===D===d=======E==d=A=b====a'
 'A=A=a===B==a===A==a===D==b=A==c==A===b==a'
 'A==Aa=B=a==B=b==A=a====D==aA==e=====a'
 'A=B==a==C======c====B===a==B==a=A==a=A====a===Aa=B==a=A===c===A==c==a'
 'A=A=a==Aa=B==a=A=a==C==d=======E======d====A===b==a'
 'A=B===a===B===b======B==a==B=b=Aa==C===c=======A==a=A==b=A=b==A==a=a'
 'A=A=a==E===e=====Aa=a' 'A=B==a=======D===b=======B===e=a'
 'A=====B===a===C==d====E===d===C==a==A===d======a'
 'A====E==b===A=a==A=a==A===c====D===d=====D==d====A==b=====a'
 'A=A=a==B==a===B==a==C===a=A==c==A==c==a'
 'A===A=a====C===b====A==b===========E====e======A====a=a'
```

```
 'A===B====a===B==a=A===b===B=b==A==b=======C==b===D==b==A====c===B==aA=a=A==b==A==b===a'
 'B=A=a===D==d====A==a==A==a=b'
 'A=====E====c=====Aa=A===c=======C==c=====E==c====A===c=====a'
 'A========E===d===A=a==A=a=A=a===D==aA==a=A==c=====A==a=A==c===Aa==a'
 'A=Aa==A=a===E==e=====A=a==A==a=a'
 'A=A==a==A=a==A==a==A==a==A==a==A==a=Aa==A===a===B===a=A===a==D===d==A=a==A==a=A=b==a'
 'A====A====a====A=a====Aa===C===b===A===b========E====e======A=a===C===c===A===a===A====a=a'
 'A=A===a=A=a====E==c=A=a==A==c===A=a=a'  'AAa==B=a=D===e==A==a===a'
 'A===B==a===D==c===a==D=====e===Aa=a'
 'A======D===a=A==d===E=========e=====A==a==a'
 'A=A==a====B===a====D==a=A===c===B==d==Aa==a'
 'A==B=======a=A==a=A==a====A===a=A==a=A==a-A==a=A==a======C==b====A==a===C====c===A=a=A==b=A=b==a'
 'A======B===a=====D==c====A==b=Ab====a'
 'AA=a====E===b=Aa==B===d===A==a==A=b=a'
 'A===C=====a===C==d====C===b===A==b=A=b===Aa=a'
 'A=A==a===C=====a==B=a=A==a====B===a===AaA===c==A=====c====A=a=a'
 'A=A==a==B=a===A===a===A==a==D======b=Ab=======A==b=A=b=a'
 'A=A=a==A=a=A=a==B==b====A=a=A==a=A=a=A=a==C==aA==a==C===c=A==c====A=aa'
 'B==Aa===B====a==A=a=A==a=======C==a=A=a==A=c===A=a==A==c==A==a==a'
 'A===B==a===D===a=A=====c=A==c=====a'
 'A=C==aA===a==A===b======D===c=====A==b=Ab===Aa==a'
 'A==B==a==C===a=a===C=d=======D=======d===AaA==b=a'
 'B==A===a=====A=a=B==aA==a===C===c====C==e=======a'
 'A=A=a===D===b===A==c=========E======e===A==a=a'
 'A==A===a====C==a=C====a=A=b====A==c====a==a'  'A=A=a===E===e====Aa=a'
 'A=A=a==C===a==Ba=B===d====A======b=a'
 'A=Aa=====D====b=====C===d====A==a=A==b==a'
 'A=Aa====E===b==A===aAa=A=a====B==a=A=a==A===c===A=a==A==c==Aa=a'
 'A=====C==b===A==a==Aa=A==b=====D==d====E===d==A===b=A=aa'
 'A=D==a==A===b==A==c======E==b=A===d======Aa=a'
 'A=Aa===B===a==A==a==B==b====A=a=A==a=A=a=A==a====D==a-A=b====B==a=A==b=A==d======a'
 'A=A=a===E====e====A=a=a'  'A==C==a=B===b=Ab====D=====e===a'
 'A======E=======a=A=b==B===b====B===a=A==a=A==a===A========e===a'
 'A======E===e=======a'  'A=B=====a===D====a=A===d==A=b===a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b===a, 4, 8, 153, A===B====a====D===c==Aa=A==c====a
A=B=a=A=a==D==d====A===b===a, 12, 8, 4, A=Aa=A=a===E==e====A=a=A==a=a
A=D====a==B===b==Aa=A=====d==a, 53, 8, 132, A===D==a==B====c===A===c====a
A===B===a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 8, 132, A===D==a==B====c===A===c====a
A=B==aA=a===D==d==A=a=A==b===a, 51, 9, 170, B=B==a=Aa===C==c======a=A==b=a
Accuracy: 0.004545454545454545
```

++

Fold 7

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2029

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2319

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1782

```
Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2315

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1824

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2352

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1804

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2322

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1753

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2286
Final centroids: ['A=====C==a==A=a==A=a=A=a=====C==d====C==c====A=b==Aa=a'
 'A=B===a========D===aAa==A====e====a' 'A=Aa=A=a===E==e===A=a==A==aa'
 'A=B=a=A=a==Ba=C==b=A=bAa==A==c==A=a==a'
 'A===B=a===B===a==A====a=A==a=====C===a=A=b==A===c==A=a=A===b===A==aa'
 'A========E===aA==b=A==a==B==e=========a' 'AA=a===E=d====A===b====a'
 'A====D===b======A====b===C===c===D===d==A==b=====a'
 'AA==a=====C==c===========A==a====E====d==Ab=======A=a=B==a=A===b====A==a=a'
 'A=A==a=A===a========C===a==A=a===A==a=A====a===A=a==C===c==A==b===A==b=a'
 'A=A==a=A====a======C=a==C====b===A===b=A===aA==c=====A==a=a'
 'A==B=a==C===a=A===a==B==a=Aa==A==a==A=a=A==b=====A===aA==d==a'
 'A==Aa===D======a=A===b==C==b======B==a==AaA==a==A===b====B==aA===e====a'
 'A======D==a===B==c=A==b=====C==a====B===d=====B===c==Aa==a'
 'A==A==a=====A=a==A==a====D====c===A==b=======A=a=A=a==A=a======Aa=B==a==D==e=====B==b===A==a=a'
 'A===C=====b======C==a=B==a==Aaa=A==b=B====b==A==c===A=a=a'
 'A=A=a==D==b=======C===d======Aa==A==b=a'
 'A==E=====a====A=c====Aa=A==c==a' 'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
 'A=A=a====C===a=A===c=========E===e========A=a==A==a=a'
 'A=B=====a==D==d======A==b==a' 'AAa====E==d===A===b==A=aa'
 'A==A==a====E=d===A=a==A==b=a' 'A==C==a==B==a=B====b====B===e===a'
 'A=A=a====B===a==B===c========E====e=======A=====a=a'
 'A=====D===a==A===c====D==========e=====A==a=a'
 'A==A=a===C===b==B==a==A=a=======C=====a===A===c==A=a==A==c==A=a==a'
 'A=Aa==B==a===C==d===E===d=====B====a==A==c====Aa=a'
 'AA==a====C====c======B===a===D====c===A==b======C=a=A====d===A==a=a'
 'A=B=a==C==a=A==a=A===d=======E==aA==e===A===a=a'
 'A==A==a=Aa===E===e====A==a=A===a=a'
 'A=======E====d==Aa===D===a=A==b===A==a===A===a==A==c==Aa=A=b==a'
 'B=B=a=Aa==B===aAa==A=a===A====b===C===d==Ab====a'
 'A=A=a==Ba=C===b====B===c========D===a=A===e====A=====a=a'
 'A==A=a==B===b======E==a=A==b======B==b===A==b=A==c====A==a=a'
 'A=A=a===E===d==A==b======a'
 'AA=a======D==b=======C==d=====A==a==A==b==a'
 'A=A=a=A=a====C===aA==a====B====a==B==d==A====b=a']
```

```
 'A=A=a===B==b=====C=======a=====B====a==B==b==A=c==A=b===a'
 'A===C====b=========B====c====E===d===D====e====A===a===a'
 'A=B=a==B==b=======B==a===C==a=Aa==A===b===B==b=A==d====A=a=a'
 'A=A=a===C===a==A=a===A==a=Aa====C=====a=A==d====A=a==A==b==A=a=a'
 'A====D===b=A=a==A====b=====D===e====D===d===A==a=A=a==a'
 'A=A==a=A=a===Aa==A==a===A==a=A=a===A=a=A=a===C==a=A==a====C===c==A==b=A==b====a'
 'A=C=====aA==a====C=====a==A===a==A===a==A=====a=A=aA====d=b'
 'A=====E===c==A=====b=A=b=a'
 'A=B=a==C=====b==A===a==C====b===A====b====B==a==A==d===A==a=a'
 'A===B=a=A==a==D======c=AbA=b==Aa==a'
 'A==C====a=A===a===A==b=====D===b===A===c===Ab===A=a=a'
 'A==B=a===D=e===A==a=A=aa' 'A=A==a=====E=====c=A===b=A=b=a'
 'A=B====a==C===c=====D==c=A=c==Aa=a' 'A=B==a=B=a==C==aA==a==A===d=A=b=a'
 'A====A==a====E====e=====A==a=====a' 'AAAa======D==e========a'
 'A=Aa=B===a=B==a=B==b===A===a==A==b==A=a=A===a===D====c=Aa===A=a=B==b===A==b==A==b=a'
 'AA==a====B=a=C====d=======E===e==a'
 'A=A==a===D===d========B====a=C===b===B==b==A==b====Aa=D===a==A==bAc==A=b===a'
 'A=B=a===B=a=C===c=====B===d==a' 'AA==a=======E==c=A=b====B===c==a'
 'A====Aa=A=a===B==b===E==e======A==a==A======a=====a'
 'A=====B=aA=a===D===c========A===c=======a'
 'A======C===b=======C===a=A=a==Aa=B===c===A===a=A====c===A=a==a'
 'A=A=a===B=====a==A==a===D===b=A=c==A==b==a'
 'A=A==a===C==a=C===c======C===e===a'
 'A=A=a==B===b=====B=a=D======c==A=b======B==aA==c====A=a=a'
 'A=D==a=B==c===A===a=A===b=b'
 'A=B====a=A==a=======C==a=A=a==Aa=B===c====A==a=A=a=A===c====a'
 'A=====C======a==A===b====C=a==B==c=A=c=======A==a=a'
 'A=Aa==A=a====C===c========E===e========A==a=a'
 'A=B====a====D==c======C===e====a'
 'A=B=====aA=a==D==d===B==b=====A==a=A==b=A=a===a'
 'A====E===b==A=a=A==aA==c====D===d====D====c==A==c====a'
 'A=========E===aA=b===B====b==B===a==A=a==A====c==B=====c==A=b==a'
 'A====D==b==A==a===A===c====E===e====C====c===A==a=Aa=a'
 'A====C===a========B==c=====C==b===C===e====A===a==a'
 'A====A=a=A=a==E====d==A=a=A=b======a'
 'A=C==a==A=a==C==c=======C===b===B==e======Aa=a'
 'A=Aa==B==a===D==d==B==c=====B==a=A==b=====a'
 'A==B=====a===C=======b==A==b==A=a=====A====a===D======a==A====a=A======e===Aa=a'
 'A=B==a==B=a=C====b====A=====d==a'
 'A=======E===c===A==a=A======a====C==a=A==b===A==c===A==a=A==b====a'
 'A=B=a=B==a==A=a=A==b===A==a=A==a===A=a=A=a==C===a=A==a===B==b=A=b=A==c==Aa=a'
 'A==B=a===C==a==B===b=====B===e=====a'
 'A=B==a=====C===b====C=====e===Aa=a'
 'A=A=a==C==a==A====a===A=a===C=a=A=a===A==c==A==a=A==c==Aa=a'
 'A==B===a==B==a==A==a===C===c===B====b===A==c===A==a=a'
 'A======C==a==C===a=A==a==A==e========a'
 'A====C==a=B===b======C====e======a'
 'A=Aa=B=====a====C==a=B=====a==A==b==A==b==A==b=A==b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b==A====a=A=a===B=====a=====C===a=A==b====B==a==A==b=A===d==Aa==a, 158, 23, 61, A=B=a=B
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 142, A==B====
A=B==aA==a====C==aA==c=====B==b=A=a==Aa==A==a====D==b=A===b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 142, A==B====
A=A==a==A=a===B==a=B==c=====A==a=A=a===A=a=A=a====C==a==A==a==C=d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 19, 20, A=A==a=A
A==A===a==A==a==B=a=B=b===B===b==A=a==A=a==A==a==C=======b=C====c=A=b=A=b===Aa==a, 159, 23, 142, A==B===
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 8
```

```
Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1788

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2126

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1952

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2218

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2069

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2239

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2073

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2073

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1861

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2018
Final centroids: ['A=A=======D===b====A=a===A==b====B===a====B======d======A=====b==A=a===a'
 'A===D==a==B===c==A===a===C===b==B=======e====A=a=a'
 'AA=a=====E==e====Aa=a' 'AA=a=Aa====E==e====A=a==A=a=a'
 'A=B=aB=a=C==d======D=====e======a'
 'A==B====a===B====aA=a====B===b===C==d===Ab====a'
 'A=A=====a==C=a=C==d===A=a===C==d=====A=aa'
 'A=B==a=A=a==D===c====C===e====a'
 'A==A==a===C===b======B==a===B====b===C====c===B===a=A==d======A=a==a'
 'A=A=a=A====a==A=a=A==a====B====b===A==a==A=a=====C===b=======A=a===D==d====A==b===A===a=a'
 'A=B====a=A=a=A=a=A==a==B====a===C==d==Ab=====a'
 'A======B==a==B===a==C==d===B===a=A==c=======a'
 'A=A=a==C==a==B=a==B====a==A=====cA=c===a'
 'A=======D===a=A==b===C===b====A=aA==a==A==b====B==b=A==c==a'
 'A==A=a===C===a===C==e========E=====e===A===a=a'
 'A=A==a==A==a==B=a=B==a==C===c=====B==d==A=a=====a'
 'A=B=====a===C==a=A===b==A==a==A==b==A====a======D====aA==b===B===b==A==b==A=c==Aa=a'
 'A====B===a=====D==c===A=====c=A=a==a'
 'A===C==aA==a=A==a=B===a==B===b====A===c==A===b==a'
 'A===C=====a===B===c===D===d======C==a==A===c==A=b==a'
```

```
'A=====E===a=A=a=A=a=A=aA=a===A===b====B===a==A===e=====a'
'A=B=====a====A==a====D==b==A==d===A==a=a'
'A=Aa===C==a==B===c=====C=a==B==c=A=b=====a=A==aa'
'A=A=a==B==a===B==a==C===c===B==b==A=c===Aa=a'
'A=B==a=Aa===C=====b=====C==e===a'
'A====A==aA==a===E===d==A==a==A==b=====a'
'A==A==a=A=a===E===e==A==a=Aa=====a'
'A==B=a=B===b====C===a==A===a==A==a===B==a=A==c==A==c==a'
'A==A==a=====E==b=====B===e===a' 'A=B======a==D==e=====A==a===a'
'A=======E=====b===A==d======E=======d===A==b==a'
'A==B=a=C==a==B====b===A===d===a' 'A==B==a===D==d=====D====e======a'
'A====C===b=====A===a===B==c========E===e=====E===d===A===b===Aa=a'
'AA=a====E=====e========a'
'AA=a=====D==c=A===a====D===b=A==d===A==a==a'
'A=A=a===CaC===e===A=a=a'
'A==B==a=A=a=A===a===C==b===B==c======D====d======B=a=C==d===A==a===A==b==a'
'A=B=aB==a=A==a==C===c==C====d====C==b===A===c===A=a=a'
'A==A===a==A=a===B===a====A==a=A=a=======A=a===D=====b===B====d====A====b====a'
'A==C=a=Aa==C==aA=b===A=aA==d===a'
'A======D=====a=A==b====C==========d====A==b===a'
'AAa====B==a====A===a=====D==b=A==d=====A=a=a'
'AA=a====C==a===C=====c=A=a==B===d==A=a=a'
'A=Aa==B=a==B=a===C==a=A==c==A=c====a' 'A=B=a=D==e==A==a=AaA==a=a'
'A==B=a=B=a=A==a=A=a==B==a==B=====b==B===d==Ab==Aa=a'
'A==C==a=B===b=======B==a==B====a===A==c===B==b==A==b====A==b=a'
'A=B=a==B==aA=b====B=a=C==b==A=aA==c======C==a=A===d===A=a=a'
'A=B=a===D====c=====C=======e====a' 'A===Aa====E=e=====A=a=A=a=a'
'A==C===a=B=====b======C======e=====a'
'A=Aa====D==b=Aa=B=c===A==a==D==aA==b=A==c=A=a===A==b===Aaa'
'A=A=a==B==a===C==c===D=====e===C===b===A===b===Aa=a'
'A=Aa===C===a====B===c=A=a==D=====b===A==c====AaA===b=====a'
'A===A=a===E==e=====A=a=A=a=a' 'A===A=a===E==e====A=a=A=a=a'
'A=A=a==A===a=========E=d======A==a==A==a=A===b===A==a=a'
'A====C==a===A==a====C===b==A==c==A==b==a'
'A=B==a==A==a==C==b==C===c===A====a==A==c===A=a==a'
'A=A=a=A==a====E===d====A==b==A=a===a'
'A=A=a=A=a==B==a=A====a==A=a==A==a=A==a==A=a====C==a===a===C===c=A==c==A=a=A=aa'
'A=A=a===B==a==D==d====D==e====B==b====B==b====A=a=a'
'A==A=a==A===a=E==b==A===c==Ab====a'
'A=A=a===B====b========Aa==E===a=A=b=A=b=======B==a=A===c===A===b==a'
'A===B==a===D==d======A===b===a'
'A=Aa=Aa==B==a=======D===d====B=====a==B===c====B===a=A=====bAa==A==b=a'
'A=A=a====E====b==Aa=B==c=====Aa==A==c=a' 'B=D=====d===A==a===A=a=b'
'A===B=a=A==a===D==d===D===d====B==a==A===c==A=a=a'
'A=A==a==A====a======E==aA==c=====B==a=A==a=A===d====A==a=a'
'A===C====a==A====a===A==a===C==b=====B===c==A===c==a'
'A=A==a===E===e========A==aa'
'A=B=aB==a==A==a==A==a==Aa==B=aA===a=====B==d===A=b=A=a=a'
'AAa===B===a====A===a==D==a=A===e====A=a=a'
'A=B=a==A=a==D===c=====B====d==a' 'BAa==A==a===D===d======A====b==A=a=a'
'A=A==a=A=a==C==a===C==d====B===a=A==c===Aa=a'
'A=Aa==B===a====D==e======B==b==A==aAa==Aa==a'
'AAa===C==b======A==a====D===b==A==c=A==b===a'
'A=C==a=C===d===A=a==A==b=a' 'A=Aa=====E===e====Aa=a'
'A==C==a==C===d==A=b==a' 'A=Aa=Aa==E==e====A=a==A=a=a'
'A==B==a==A===a======B==a=C===b=====B==b=A====b=A====c===A==a=a'
'A=A=a=A==a==B==a=A==b====A==a==B=b===A===a====D===a==A=a==B===b=A=aA=d=====a'
'A=A====A===a====D===d==A==a=A==b==Aa=a'
'A=B=aB==a=AaA==a=======C=====d==A=b=a'
'A=Aa=B==a===B==a=A==b===A==a=A=a====B====a====C=======b===B===b=A==c=A=b==Aa====a'
```

```
  'A====B=a=B==a==A=aA=a==C===d===C===c===B==c====A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b==A======c=b, 51, 12, 18, A=B==a==A=a==D===c====C===e====a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d===a, 88, 8, 35, A==A==a=====E==b=====B===e===a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 10, 150, A=B=aB=a=C==d=====D=====e=====a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 6, 127, A=B==a=Aa===C=====b=====C==e===a
A===D==aA=a==B=====a===A=====e==a, 120, 8, 135, A===B==a===D==d======A===b===a
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 9


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1749


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2119


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1808


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2035


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1812


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2164


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1897


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2153


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1742


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2183
Final centroids: ['A=A==a=A==a==B==a=A==b====A==a=A==a=A=a==A====a==C==a=A===a===C====c==A==c==A==a=Aa==a'
 'B=A=aA=a===B==aAa======C==d=====A=b=a' 'A========E===e======A=a=a'
 'A=B===a==C===b=======B===a===A==a===A======b=====C=a=A==d=====A==b=a'
 'A=AaA=a====E===e=======A==a=a'
 'A==C=a=B===a===B==d=====D====b==B===c=Ac===Aa=a'
 'AA=a==A==a==B=aA===b===A=a==A==a=A==a==A==a===D=====b===C===e======A==a==a'
```

```
'A=Aa=====C=a==C=====b=Aa==A===d=====a'
'A==Aa===C==a===A==b===B==a===C===c=A=c====A=aA==a=a'
'A=A==a==A=a=A==a=A===a===B====a=A==b===A=a====E=====e========A==a==C===c===A==a====Aa=A=a=a'
'B=C==a=Aa=B===d==Aa==A==b===a'
'A=A=a==D===b===B=a==B===d===A==a=A==b=a'
'A=Aa==C====a===C====b=A==a=A==bAc===a'  'A=A=a===E====d=A=b==A=a=a'
'A==Aa=====C==b=====B===c=========E=====d======A==b===a'
'A=Aa==B===a==A==a====D==c==A==c===A==a=a'
'A====D==b===A=a==B===c=====C==c====D==d===A==b=====a'
'A======C===a==A==b=====Ba=C===e=========A==a=a'
'A=====Ba=C========a==B===b==A==a===A=====b====A====aA===c=a'
'A=B==a=Aa===A===a====D==a=A==d==Aa=A=b=a'
'A==Ba=D===b==A=a=B===d=====A=a=A==b=a'  'AA=a====E===e====A=a=a'
'A====Ba==B====a=Aa==A==c=========E=====e======A==a=a'
'A======D===a=A====d=====E========e=======A==a==a'
'A==A=a=====C==a===A==c=========E===e===A==a=a'
'A===C======a===A====aA==b===D===d==C===b===A=c=====a'
'A======E====e==Aa==A=a=a'
'A==A==a=A==a===B=a=A==b====A=a==A===a=A====a====A=a==C==a=A==b====D====c==Ab====A=b==A=a=a'
'A===Ba==B==a==C=======d===A==a=A==b==a'
'A=A==a=A==a===A=A==a=A==a====B===a===C==e==A=a====a'
'A=======E===b=====A=a======a===C==a=A==a=A===c==B==a=A===d======a'
'A=A==a=B==b========C==a=C===d===B===b==A=====a==A=b==A==a=A=a=a'
'A=A=a=A==a=A==a=A=a=Aa=Aa=B====a===A==b===A==a======E==e========AaA===a===C===c====A===a===A===a===a'
'A=A=a==B======a==C=d=======E=====e====A==a=a'
'A==B===B===b=====C==aA===a=A=====a=A====b=A==c=A=b===a'
'AA==a===E==d===A=a=A==b==a'
'A=B==a==B===b======C==a==B==b=====A==b===B===b=A==b=A==b=a'
'A=C===a===C==d==A=a=A====b=a'  'A=Aa==B=a==D==d===a=A====a==a'
'A=B==a==C====c=====B=a=B==a=A=aA=====c====D=======e====Aa=a'
'A=A==a====C==b=A=b====B====a==C===a==A==a=A=aA==b===Aa==C==a=A======e====A=a=a'
'A=A==a=A==a====E=d===B==b=Ab====a'
'A=A===a======E====c=====A===c=====a'
'A=A==a=A==a====E===d==A=b=A=a=A=a=a'  'AAa===Ba=D==e======A=a=a'
'A=A==a===E==b==A=a=A===d====A==a=A==a=a'
'A======C==a========C=====c==A=a===B===d==a'
'A=A=a===C===b====D=e=======C==a=B===d===A===a=a'
'A==A=a==E==e====Aa=A=aA=aa'  'A=A=aA====D===e======A=a=A==aa'
'A=C==a==A=a===C=====c=====C====e==a'
'A=A=a===B==a==Ba=C===c==A=b====B===c===A==a=a'
'A=Ba==D=aA===d==A==b===a'  'B=B=a==B==a====Aa==B===c==A=a==A=aA==b=b'
'A=Aa===B==a==C===d========E==e========A=aAaa'
'A=B=a===D==d===A==a=A=b===a'
'A==B==a==C==b==A=a==B===d=======E===a=A===e===A====a=a'
'A=B==a===C====a=====B===d======A==a==A==b=a'
'A=Aa==C======a==A==a===B==a=====A==a=======B==a====A===c=A=c==a'
'A=Ba=C==b==C===c=A=a==A==c===a'
'A====C===a==A=aa==AaB==c===C==b=====D===d==A==b==Aa=a'
'A=Aa==A==a=A=a===B===a==D===a=A==c=====C=====d=======C=a==B=d===B==b====A===b==a'
'BA=a=====D===d===A=aA==b=a'
'A=====C===a======B=a=B==b=====B==b===B=b=A==c====A==b=a'
'AA=a====E==e===A==a==A==a=a'  'A=Aa===E==e===A===a==A=a=a'
'B=a======E===c==A=a===C==d====Aa=A=a==A=b==a'
'A===C==a=A====a=A==b=======D====b===B=====e=======a'
'A=Aa====C===a===A==c======C=aC=====c==Ac=======A===a=a'
'A==C=aB==b====B==a=B===c======A====c=a'
'A=A====a===Aa=A=a=A=a===C===b=A==b=======E==e======A====a===C==c===A===a===A====a=a'
'A=A===a===E==e====A=a=A=aa'  'A======D=a======B====d===A==a=A===b=a'
'A==D===a=A====a===A=a=A=a===B=====a=A==a===A==a=A==d==Ab==a'
'A=====C=a=A=a====C==b=A==b===B==d===A=a=a'
```

```
 'A=B=a=C==b===A=a==C==e======A=a=A=a=a' 'A=C====a==C==d======A===b=a'
 'A=====C==a===A==a===C===aA=======e===a'
 'A==B=a===D===c=====C=====e=====a'
 'A=A=a=A==a==B==a===A=a====C==a==B==d===A==b==a'
 'A=A=a==C===a===C======c===A===a=A==c=a' 'A=A==a========E==e====A=a===a'
 'A==D=====b=A===b=====D===b===B=====e======a'
 'A=A=a===C===aA====a==B===a=====B==a==A=====c====A==a=A==c==a'
 'B==A=a==D==d==A===a==A=ab'
 'A=A==a===C===b======B==a==B==a====A=a=A===b=====C==a=A===d===A=b==a'
 'A====Ba==D=======aAa==A===a===A===a=====A===c===A===aA=b=A=b=a'
 'A=A==A==a==C=b=Aa=====C=====e======a'
 'A=A=a=A===a=A==a=A=========C======a==A==b===Aa=C===d=====B==a===C==d===A==a=====A==b=a'
 'A=A=a===D===c==A==a=A===a======D=====c===A==b=====A==a=A==b====A=aa']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C=aB===b===A==c========E===b==B===d======a=a, 7, 11, 91, A==D=====b=A===b=====D===b===B=====e======a
A=D===a=A==b=A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 14, 91, A==D=====b=A===b=====D===b===B=====e======a
A=B======a====A==a==B====b====D====e======Aa=a, 93, 13, 148, A======D===a=A====d=====E=======e========A==a==
A==E========b=A==a===B===b===A====d=======a, 132, 12, 16, A======C===a=A==b=====Ba=C===e==========A==a=a
A===D==aA==b===B==b======C===c==B===aA=d===Aa=a, 151, 13, 91, A==D=====b=A===b=====D===b===B=====e======a
Accuracy: 0.0


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 10


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1861


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2042


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1725


Iteration 4
Found empty cluster
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2101


Iteration 5
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2321


Iteration 6
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1700


Iteration 7
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2232


Iteration 8
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1783
```

```
Iteration 9
Found empty cluster
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1914


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2240
Final centroids: ['A======E==d==C=====c=========D===a=A====d====A=a==A=b====a'
 'A=A=a=Aa=====E==d===A=a=B==c===a'
 'AA=a=====D===a=A=a=A==b=====B==a===B===d=====A===b==A=a=a'
 'AA=a===D==c=====A==a===D==a=A==d===A===b=a'
 'A======E===b=A==a===A=====a===B=====a=A==c=A=a=A==c=====a'
 'A=D===a==A==b==B===b=====C=====a===A=======d===A=b=a'
 'A===A==a===E===d======a=A====a=a'
 'A=B==a===C======b=======C===e===A=a=a'
 'AB==a==C====c======C==a=B==aA=aA==aA==c====C===a=A====d=Ab=Aa=a'
 'A=A=a===D=====a====B====c====A=====c==a'
 'A==C==a==B===c=======D===a==A=a=A=a=A===b==A=====a==A===c==Ab===a'
 'A======B==a=A===b=======E===e========A=aA=a=a'
 'A==D==aA===a=A===d=========E===b==B=====e======Aa=a'
 'A=B=a===D===d==A==a==A==ab'
 'A=A==a==B=====a====B==c==========E====e===AaA==a=a'
 'A=A=a===C===b======B==a===C====c=Aa=A==b=====C==aA===d====A=aa'
 'A==C======a==A==a====B==a=B===aAa==A===c=A=c=====a'
 'AA==a===D==c======D===d===A=a=A==a=b'
 'A====E===b==A=a====A====c==D====d===D===b==A==d=====a'
 'A=A=a==B=a=D===b==B===d====C==a=A===d=======a'
 'A=B==a=B===a==C==c===B===b===A=====a==A==c===A=a==a'
 'A=A=a===E====e==A=a==A=a=a'   'A=A=a==B===a===B==a===C=======d===A=b==a'
 'A===A=a===A=a====C======a=A==b=====A=a===D==e========A==a=B===b==A===a===A=a=a'
 'A=B===a===D=====e=======C==a==B====a=A==aA=c=======D=========d==A==b=a'
 'A=A=a===C=a=C===b====A=====d==a'   'A=A=a===E===d======C======d===A=aa'
 'A=Aa=====E=====a==A=c===C=c=======C==a===A==aA==c=======B==aA==d=====a'
 'A=A=a=====D==b====C====d====A===a==A==b=a'
 'A==Aa===B=====a=A===b========E====e=========A==a==a'
 'A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a=a'
 'A==Aa===D=====c======D=====e====a'
 'A=Aa==B==a====D===b==A==a==A==c==A=b==a'
 'A====B==a==A==a====C==d=====D==d====E===e===A=a=A=a==a'
 'A======E====a==A==b===B==aA====a=A==c==A=====c==a'
 'AA==a==B==a=====A==a====C==a=B===e========a'
 'A=======D===a=A==a==A==a====B==a===A=aA===c===A=====b=A=b=a'
 'A==Aa===C===a=A====b===D==========e=====Aa=A=a==a'
 'A==A=a==B=a=A=a=A=b=========E===e=========Aa=A==a=a'
 'A=B==a===D====d=======C==a=B==a=A=aA=====d=======D==aA====c==A==c==a'
 'A=Aa====C===a==A==b====C==a=B==aA=e=======A=a=a'
 'A=A===a=A=a====Aa===C===b===A==b=====B==a=D===e=======A==a==D==d====A==a====A==a=a'
 'A=Aa=A=a===E===d==A=a==A==b=a'
 'A==A=a==B=====a==A===b=====C=a==C===e=========A===a=a'
 'A====D===b==A=a===A==c=====E===e====D===d===A==a=A=a=a'
 'BA=a==D===d=====A==b=A=a=a'   'B=C=aA==a===B==c==Aa==A===c=a'
 'A=======E===e====Aa==a'   'A=B==a==C===b====C====e=======a'
 'A==B==a==A==a====B==b==D====c=====B==b==A==c====A=a==a'
 'AA=======C==b=A=a====B==d=========E==aA==e====A====a=a'
 'A==A=====a==A==a==A==a====B===a=A==b===Aa==C==b==Aa=====B==a=C===d===A==a====A===b=a'
 'A=C==a=C==c==A==a=A=c==a'   'A==A==a=A==a===E==a=A==c==A=c=====a'
 'A=A=a==D====b=====A==c======E======d===A==b==a'
 'A==D===a=A==a==A==b====C====b===B=====e=====A=a=a'
 'A=A=a=A=a=A==a=======E======b=A==c=====B=====b===C=======c==A===a==A===b==a'
```

```
 'A====A==a=======A=a======D===c==A=b=====E====e========B==a==D==e===A===a====A==a=a'
 'A=B===a==B=aA==aA==a======C====c===A=======c====A=a=a'
 'A===B====a====D====c==A=a=A==c====a'
 'AA=a======C==a=C==e==e==A=a===B======b==A==a====A==aA==a===a'
 'A=A=a=Aa===B==a=A===a====B====b====D==d======a=a'
 'A===B===a===C===a==B==d====B==b==A===b==A=a=a'
 'A=====C==a==Aa=B=a=B===c====A=a=A===c==a'
 'A=A==a=A===a===E===d===A==a=A==b=====a'
 'A=A=a==A==a==A=a==B===b====B===a=AaA=a=A==a=Aa==C===a=A==b===C===b==A=d=======A=a=a'
 'A=A=a==A=a====A==a==E===b==A=c==A==b==a'
 'A=A===a===B=====a======A=a===D====c==A==b==========C=======d=====A=a=a'
 'A=Aa=====E===aA=aA=a==A==b=B=====a===A===b====A===c==A=b==a'
 'B=Aa==B=a==A==a=Aa=====C==b=A==c==Aab'  'A=A=a===E====e========a'
 'B=D===a===A==b=A=a=A===d=a'  'A====A==a===E==e=======A==a=a'
 'A===C======a===B==c=======D===b====A==d======Aa=a'
 'B=B==aa=A===a=D===bA=b==B===b=Ab=b'
 'A=A=a=A==a==B=a==A==b===A==a=A==a==A=a=A=a===D===a==A=a==B====c==A==b=A=b=A=a=a'
 'A=A==a=A==a==B=a=A==a===B====b===A=aAa=====C====a===B==b==A=b=A=c===A=a=a'
 'A==C==a==C===c=====C===e=======a'  'A=A======a===E====d==A=a=A=b====a'
 'AA==a=======E===e===A=a=a'
 'A===A=a===A==A=a==A=a===D===b==A==b==A=aAa===C==d======A===a==D==e====A==a===A===a=a'
 'A=====E==e===A=a==A===a=a'
 'A==B==a=B===c=====C==c=========E===d===C======d===A=a=a'
 'A==D===a==B==a==A==a====A===c=====B==b==A=c===A=a==a'
 'A=A==a=B==a=A=a=Aa=A=A=a======B==b======C==d===A==b==A=aa'
 'A=Aa====B==a===A====b=====C=a=C====e========A==a==a'
 'A=B==a====B=a==C===c======B==d===a'
 'A=B===a=A===a==A==a==B=b======A==b===A==a=A==a=A====a=====C==a=A==a=====C====c=A==b=A=b==A==a=a'
 'A==B==a=A===a===B===b===D===e====A===a==A==a=Aa=A==a=a'
 'A=====B=a=C===c======D====e====Aa=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A====b=a, 60, 10, 132, A=B==a===C==b====C====e=======a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a====A=b=a, 65, 11, 68, A=====C==a==Aa=B=a=B===c====A=a=A===c===a
AA=a===E==c===C=====e========A===a=a, 90, 10, 58, AA=a===D==c====A==a===D==a=A==d===A===b=a
A=====D====a=====B====d====A=====b=a, 107, 5, 61, A=A=a====D====a=====B====c====A=====c==a
A=A=a===D===a===B====c====A=====c=a, 109, 5, 61, A=A=a===D====a=====B====c====A====c==a
Accuracy: 0.013636363636363636


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Average accuracy: 0.01
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


k = 100

Fold 1

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2215

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2239

Iteration 3
Found centroids not unique
```

```
Terminal measure: Et = 2054

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2240

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2077

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2191

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1994

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2310

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2119

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2234
Final centroids: ['A========E==e======A==a=a'
 'A=A==a=A==a==B==a=A==b====A==a=A==a=A=a==A====a==C==a==A===a===C====c==A==c==A==a=Aa==a'
 'A=B==a===D===d======C====d======a'
 'A=A=a==B===a=B===b====D=======e========A==a==a'
 'A====D==b==A=a===B====c===C===c====D=d===A==b==A=aa'
 'A======D======b===A===c=======E======e==A==a===a'
 'A=A====a===Aa=A=a=A=a===C==b==A==b=======E==e======A====a===C==c===A===a===A====a=a'
 'AA=a===E==e====A===a===a' 'AA=a===E==e====A==a=A==aa'
 'AA==a==B====a==A==a====D====aA===c=A=c====a'
 'A=Aa====E======aA=a==A==b===B==a===A====c====A======c====a'
 'AA=a===B=a=B==b======D===c=A=c====a'
 'A==Aa====D=====a===A==d========E==aA===d===A==b==a'
 'A======D==b====B==a=B==d=====A=a==A==a=b'
 'A==B==a==B==a==C===d=======D===c===B==b=A=c===A=b'
 'A=A=a=A====A=a==A=a====C===b===A===b=====B======b====A=a====D==d===A==a====A==b==a'
 'A====C===a====A=a===C==b==A==d====A=a=a'
 'A===C==aA==a=A==a=B===a==B===b====A===c==A===b==a'
 'A==C====a===B===c====C==aB==aA===d======A==b======a'
 'A======D==a======B====c=====A======c==a'
 'A=Aa=====D==c===B=====b==A=a====D==aA==a=A==c====Aa==A==c===Aa=a'
 'A===B==a======B=b=A=a=A==aA===a====D==c==Ab==b'
 'A==B==aA=a=A======a=====D====e=======a' 'A=A====a===E==e====A====a=a'
 'A=D==a=A===b==A===b=====D====a==A======e===Aa=a'
 'A======D===b===B=a=B===e===A=a=A==a==A==a=a'
 'AA=a===D===b====C===c=====A=a=A===c=a'
 'A=A==a====B==a===D======c======B=====d=====a'
 'BAa==A==a====D===d======A===b==A=a=a'
 'A===B===a==Aa=====C==d=====E==d===D==d===A==b====a'
 'A=====B=a=B==a===A==a===B==b====B==a=A==a==B==c====A=====b=Aa=b'
 'A=A==a===B===b=======A==a===D====c=Aa==A==b======E======e=====A=a==a'
 'A=B=a=C==b===A=a==C==e======A=a=A=a=a'
```

```
'AA=a===C====b======A=a===D===c===A=a=A=a======B==a=A====c===A==b=a'
'A======E=====aA=b===A===a===A===a==AaA===a==Aa==A====c=A=b=a'
'A======C==a===C=d======B==a==C==b=A=d=======Aa=a'
'A===B==a==C===b==A==c===A=a==E===c===B====d======Aa=a'
'A==B==a==B=a=C===a====A====e===a'
'A=A==a==C==a====A==a==C===b=A==c=A==b==a'
'A=B==a===B==b=======C==a=A==a=====B==b===A===b=A===b==A==b=a'
'AA==a==B=a=D==e========a'
'A=A==a=A=a===Aa==A==a===A==a==A=a===A=a=A=a===C==a=A==a====C===c==A==b=A==b====a'
'A=======E==d===A=a==A=a=A=a====D==aA==a=A==c=====A==a=A==c===Aa==a'
'A=A==a===C=a=C=c======B==d=====a' 'A=A=a===D===d=======E=d=A=b====a'
'A=A=aA=a==A=A=a=====Aa===C===b===A===a=======C=aA===d=======B==a==C==d====B===b====A==b=a'
'AA==a==A====a=======E====aA=c======A===b===A==b==A==a===A==a=a'
'A======D===b=====A===c=======E==aA==d==A====b=a'
'A=A=a==B==a===B=a=A======a==A=====a=A=a==A=a=A=a=A=a=C===a==A==a===A==aA=c===A=c==A==a=A=a=a'
'A=A==a=A=a==C==a===C=d====B===a=A==c====Aa=a'
'A=A=a==B=a=A===b========E====e=======A==a=a'
'A=A=a===B===b=========C==a=C==b=====A==b====A====a=A==b===A==b=a'
'A=B==a===B=a=C===b======A======d=a'
'A====B=a=A==a====D==c=A=b=A==b====a'
'A==A===a====C==a==C=====a=A=b====A==c=====a==a'
'A==D=aB==c===A==c==Aa===a'
'A=A=a===C==a=A=a===B==c========D=a=A===d===A===b=a'
'B=C==a=AaA===a==A===b=====Aa==C==b====B======c===A=a=c'
'A=B==a=B==c=======C===a===C==b=A=a=B==b==A==a=A==b=Ab===A=ab'
'A==A====a==A==aA=a=A=========C===c=====A==b===A=a===A====a========A===a===E==e=====A===a=====A====a=a'
'AA=a==B==a=A==aA==a=A=a==B==aA===a=Aa==C==d====A=b===a'
'A==B=a=A==a======C=a=B===a=A==a==A======d==Ab=A=a==a'
'A=====E==e====A=a===A=aa' 'AA==a===B==a===B=a=C===a=A==c=A==c==a'
'A=Aa==C==a==B=a=B===d=====A=a=A==b==a'
'A=====D===a==A===c====D=========e=====A==a=a'
'A=A=a======B=a=Ba==C==b==Ab===B===d===A=a==a'
'A=Aa==C==a====C===b=A=b==A==c==A==a=a' 'A=B===a===D===d=======A===b=a'
'A=Aa=====E===e==A=a=a'
'A====A==a=======A=a======D===c=A=b=====E====e=======B==a=D==e===A===a====A==a=a'
'A=A=====a====Ba==D==e====A==a=A==a=a'
'A===C=====a==A=====a==A==a====C==b=====B===c=A===c==a'
'A======C==aA=a===A=a==C=d=========A==b=a'
'AA==a====C=====c======B===a==D====c===A===b=======C=a=A====d===A==a=a'
'A=B=====a==Aa=A=a==B==a=B=======a=A===c=========C==a===B======a=A====b==A====b===A====c==a'
'A=====D===c=====A==a==B==c======D===d=====E===c==A===c=====a'
'A==A==aA==a===B====a=A==b====A===a=Aa=====A==a=======D===aA==b====C===c=A==b=A===b=====a'
'AA==a====B===a==D=====d========A==b==A=a=a'
'A====E===b==A=a====A====c==D====d===D===b=A==d=====a'
'A=B=a==B=a=B===c=======D=======e====a'
'A=A==a=A===a==E===d==A==a=A==b=====a'
'A==D===a=B====c=====B==a=A===a====B=====b====B====a=A========e===a'
'A=======E===e======A=a=a'
'A=======C===a=Aa===B==d===========E=====e=====A===a=a'
'A=A=a=Aa=====E==d===A=a=B==c===a'
'A=Aa===E===b==A=a==B===e====A===a==A==aa'
'A==D===a====B===c======A==c=a'
'A==D======a===A==c=====D====c=A==c===A=a=a' 'AA=a=====E==e=======a'
'A=A==a==B====b=======Ba==D====b=A=====c======B==a=A====c==A==a=a'
'AA=a=====E==c===A=a==A==c=======A==a=A=a=a'
'A=B==a===C===c=======B=a==C==b=A=====c=========C==a=A===d===A=a====a'
'A====C===aA=a=A==b=====D=======e======A===a==a'
'A===A==a===E===d=======a=A===a=a' 'A=B==a===C=a=B===b==A=a=A===d==a'
'A=Aa=Aa===E===d=======C===a=A=d=====a'
'A=A==aA==a===B==aA===a=Aa===B===b====D==e===A=a=Aa=a'
```

```
    'A===A===a=A==a==A===a=====C===a===C===e=========a'
    'B=B=a=A=a==C===d===A=aA==b====a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a===D=====d=======A==a=====D==c====A=a==A=a====Aa=A====a=A=a=A===c=====A==a=a, 44, 22, 125, AA=a===C====b
A=A==a====D====c========B=====a==C=aA===c===A===c=========D==b===A=====c===A==a=a, 19, 19, 88, AA==a====C====
A=B=a===C======c======B=====a=C=aA===a=Aa===A===c=======C===a=A==aA==d=A==b=a, 60, 19, 88, AA==a====C====c==
A=A==a====C====c=======A==a=====E====c=====A===b=========C===a=A===d=====A==a==a, 46, 15, 88, AA==a====C====c=
A===B=a==C=======b======B==a==B==a=A=b==Aa=A==b=======B==a=A===c===A===b==a, 52, 20, 113, A=B==a===C===c==
Accuracy: 0.01818181818181818


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 2

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2001

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2299

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2004

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2494

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2245

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2423

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2212

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2270

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2056

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2337
Final centroids: ['A==B=a=B===c=========C==a=B=====a====A===a==B====aA==d======A==b=a'
  'A==Aa=B=a==B=b==A=a====D==aA==e=====a' 'B=B=a=C===c==A===b=A===a=b'
  'A=A==a==A=a==A==a==A==a===A==a=A==a=Aa=A===a====B===a=A===a=D===d==A=a==A==a=A=b==a'
  'A==D===a==B==d==Aa=A==aA=ab' 'A=B=a=A=a=D==e=====A===a=a'
  'A===B===a====D===a=A=====c=A==c=====a'
```

```
'A=Aa==B===a===A==a====D==c==A==c===A==a=a'
'A=A=a===D===c===A==b======E=====e===A====a==a'
'A==A=a==C=====a=A====c========E====e=====A==a=a'
'A=A==a===D===b===C=====c======A=====aA==c=a'
'A=B===a=A=a==D===c===C==c=====B==b=A==b=A==b==a'
'AA=a=====E===e======Aa=a'  'A=C==a==C==a=A==b==A=a=A==c==A==b===a'
'A====D===a==A==a==Aa==A=b======C=====c===C=====d=Aa==A==b==a'
'A==Aa=====C==b=====B===c==========E=====d======A==b===a'
'A==B=a===D==d===A==a=A=b==a'
'A=======E==e===B===a==A=a==A=a===D=====b==A==c====A==a==B==c===Aa==a'
'A==A=a==C=a=====A=a==A=a===C=====b==A=c===A==a=A==b==A=a=a'
'A=Aa===E=====e===A=a===D===aA==c=A=a===D==e====C===a==A==c==A=aA==a=a'
'A=A=a=A===a===E===c=A==b=A=b====a'
'A==Aa======D==b=A==b===D==c====B===a===B==a=A===c=====B======d=====a'
'B=Aa==B=a===B=a=B===c=A=a==A==a=A=b=b'
'B=B=aA==a=A==a=A=a=A==a==B==a=A=b===C===d==A=b==Aa=a'
'A=======E=====a==A=a====A===a=====A==a=A==aA===b======B====e======a'
'A=C===a==C===d=A=a====a=a'  'AA=a===B==a==C=aB==c=A=c=====C==c=====A=a=a'
'A===A==a===E==e=======A==a=a'
'A=Aa=C==a=B==b==B==d======E===d====C===b=A=c=====Aa==a'
'A===B=a=B=====b===C==d=========E======e=====A==a=a'
'A====D==b===A==a=====A===c=====E==e=====D===d====A===a=A=a=a'
'A====D===a==A=a===Aa=A==c=====D====d===C=====c==A==b=A==a=a'
'A===C==a==A==a==A==a==C===c====A===a===A===c===A==a=a'
'A===B=a=C==b====A=a=C===d===A=a====a=a'
'A==A====a=A==a========DaB====b=A==c=======D====d======C==a==B===c==A===b====A==b==a'
'A=B=a===C====a====B===d======A==a==A==b=a'
'A====C===b=A=a====B===c=====D===c===D===d==A=b==A=a=a'
'A====D==b===A==a===A===c====E===e=====C====c===A==a=Aa=a'
'A=Aa====B==a==Aa=A=b=====C=a==C===e=======A===a=a'
'A==A=a===D===a==A==d=====E========e========A=a=a'
'A======D===a=A==b===C===b====A=aA==a=A==b===B==b=A==c==a'
'A=A=a====A==a========D===b=A==b===B=a===C==d=====A==a=C==d===A===a===A==a=a'
'A=Aa=B=a==D==c=======C====e======a'
'A====B=====a=B==b===D===d=====A==a=A==b======a'
'A=A==a===B=a==D====c=====C=====e==a'
'A=A=a==B===b===B==b===A=a====E====e===A====a=a'
'A=A=====a===B=a=A==b===A==a=A==a==A===a====D=====b===C===d===A=b=Aa==A=a=a'
'A==Aa====D====c======D=====e=====a'  'B=A=a==Ba==C===c=====C==e====a'
'A=====C==b===A==a==B===c======E===e======D===d===A====a==Aa=a'
'A====B==a=A==a=====C==d=====D==d====E===e===A=a=A=a==a'
'A====E===d===A==a=A==b=a'
'A====C===b======B=====b====D==d===C===d======A==a=a'
'A=Aa==B==aa==D===c==D===e=====C===b===B==c======a'
'A==B=a==C==a=A==a=B==d=======D==aA===e=====A===aa'
'A==B=aA=====a==A==a===D==d======A===a=A==b======Aa=a'
'A=C===b=======A==a==D===c===C==d=A==b===a'
'A=B==a==B==b=======C==a==B==b===A====b=A=====a=A===b==A=b==a'
'A=B==a==C==a=A==a=A===d=======E==aA==e===A===a=a'
'A=A=a===C===a====A==c========E====e===A===a=a'
'A=Aa==E==d==A===b==A==a=a'  'A=====C=====a==C==c===A=a=A==c=====a'
'BA=a==D==e===A==a==A=aa'  'A=A=======a===E====d==A=b==Aa=A=a=a'
'A==C====a===A==a====A=a======C===b===B===e======A==a=a'
'A=A=a=B==a====B==a=A==a=Aa=A=====a==C===e=======Aa=a'
'A=====Ca=C===d==A=b=a'
'AA==a====E===e=========B===a=B==a=A==b=A====b======A=a==E=======e======A==a=a'
'A==A==a======E===c===C====e===a'
'Ba=A=a==A=a=A=a=A==a=A==a===B======a==A==a=A==a====D==e============A==a===D==d====B==b====A===a==a'
'A==B===a=A===a======D======b====A===a===A===b=A==c===A===a==a'
'A=A=a===B==b========E=====c========A==a==B===b==A===c===A==a=a'
```

```
'A=B===a==C==c===a====E======e=====a'
'AAa===B=a=Aa=Ba=C===b=A=b===A==c==A=a=A=b'
'A=D===a==A==b==B===b=====C=====a===A=======d===A=b=a'
'A=A==a====E==e======A=aA==aa'
'A==A==a===C===b=A=a====B===a===C==aA==b===A===b====Aa==C==a=A==e=====A==a==a'
'A==A=a===E===d===A=a=A=a=b'
'A====E=====b======A=aA=a===B====a===A===a=A====e=====a'
'A==Aa====E====e======a' 'A=Aa=====E===e=====Aa=a'
'A=A====a===E===e=====Aa=A===a=a'
'A=====D=====b======A===a====C=====aA==d=======A====aA=b==a'
'A=B=a==D==d===A====a=A=a=b'
'Ba==Aa======E===b=Aa=A=a==B==b=====A==a=====B=aA===c=====B=====d====a'
'A=====C=====a====A=a===B=a==B===b=Ac=====A===b==a'
'A=A==a===E===e====A=a==a'
'A=A=a==C===b=====B===a=A=a====C=====b==A==c==A=a=A===b==Aa=a'
'A=A=a=A===a====E==e==A==a=A=a==Aa=a' 'BA==a=A=a=Aa==D==e===A==a===a'
'A==B==a==A=a==C==a==B==d===A==a==A===b===A==aa'
'A==C====a==B==a==A=aA=a==B===b====B==e=========a'
'A=======C==b===A=aA=a===Aa=====D==aA==b=A==c===A==a=A==b=====a'
'A==B====a==Aa====B===c=====C===b====D===e===A=a=A=a=a'
'B=B==aA=a==C==e===A====a==a' 'AA==a====B=a=C====d=======E===e==a'
'A=A==a==B==a=A=a===B==c==========C=a==C==e====A==aA=aa'
'A===B========a=====C=a==B===b==A==a===A=======c===A===b=a'
'A=====C==b===A=====b====E==c===B==d=====A==a=A=a=a'
'A==A=a=====E===e=======A==a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==A===a===A=a===Aa==Aa===C====b===B===b=========D==d=======B=aA==a==C===d====B===b====A==b=a, 136, 27, 50, A=
A=A=a=Aa==B====a==A=aAa==B=====a==A==a====A==a=A=a=A==b======B===a==C====c==A==aA==b=A===b==a, 40, 26, 177, A=A
A====B==a=A==a=A==a==C=====a==A===b=====Aa=C====d=======B=====a==B===c===B==aA====b=A=b==a, 153, 24, 166, A=
A==B==aA==a=A==a====B===a==B=====a==A======c======C=====b=====C===a=A====b==B===c====A====c=a, 146, 21, 166, A==
A===B=======a==A====a=A=a==B======a====A==b=====B===b=======C===a==B===c===B===b==A====c==a, 152, 24, 166, A==
Accuracy: 0.00909090909090909


++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++

Fold 3

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found empty cluster
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2650

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2525

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2014

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2450

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2018
```

```
Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2463

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2044

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2495

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2020

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2554
Final centroids: ['A====C===a==A==b=====D====e=====a'
 'A=B=a=B===b==B==c=======E===b==B====e=======a'
 'A=Aa==B====a==B==c=====D==aB===d==Ab=====A==a=a'
 'A=B=a=B=a==B=a=B==b==A=a==A===d===A=a=a'
 'A======E===c==A=a=A==aA=a====C======aA==c====A====c======a'
 'A==B=aA=a==A=a=B=b===A===a==A=a=A=a=Aa=====C==a=A=a==B===c==Ab=Ab==A=a==a'
 'A==C=aB===a==B==a==A==b====A==b==A==a===A=a=A===b===C==a==AaA==b=B=====b==A==b=A==b==Aa=a'
 'A=B=a=B=aA==a==A==c========E===c==A==b==A=b===A=aa'
 'A=A==a==A==a========C=a==B==b=====B==b===C===b=A=d====A=a==a'
 'A=A=a===B==a=Aa==A==b=======E=====e===A===a=a'
 'A=C==a===B==c=B===b=====D===b====B==c=A=c===A=a=a'
 'A==C==a=B===b=======B==a==B====a===A==c===B===b===A==b====A==b=a'
 'A===A==a=A===a=A==a=====B=======a===B==b==B==a=B===c========B===a==C===d===B==b====A===b==a'
 'A=A=a===C====a===A===a==BaB==c===A====b===C======c=Ab==A=a=a'
 'A==Aa====D===b==A=aA======a===C==========d===A=a==A===b==Ab'
 'A===D===b===Aa==BaB===d====D==c===C====d=A==b=====a'
 'A=B=a=A=a==Ba=C==b=A=bAa==A==c=A=a==a'
 'A=B=a=A====a==A=a==B==a=====B====b===C==e=A=a====a'
 'A=A==a==A===a=======E==aA==c====B==a==A==a=A===d====A==a=a'
 'A=A=a==E=====b=Aa=Aa==B===b===A===a==A=a=A==b====B==b=A==c==a'
 'A=Ba==D=aA===d==A==b===a'  'A=A==a==Aa======E==d===A=b==A=a===a'
 'A=A====a=A===a===E==e===A==a=A==a====a'
 'A==A=a===C===b=B==a=A=a=======C=====a===A===c==A=a==A==c==A=a==a'
 'A=A=a===D==b===B====a=A=a===B==aA==b=A==b==A=a=A==c=====a'
 'A====B=a=B======a===C=====e=====a'  'A==D===b===C==d==Aa==A==b==a'
 'A=A=a===A==a===C==b===D==d====A==b==AA===b==A=a=a'
 'A=A=a==E===d==A===a==A==ab'
 'A=Aa======C==a=A===c==========E===d==Ab===A==a==A=a=a'
 'A=====C=a=A=a====C==b=A==b===B==d===A=a=a'
 'A=Aa=A==a==B==a=A=a=A=a====D=======d====C===c==A=b====a'
 'A=A=a=A==a==B==a=A===b==A==a=A=a=====B==a=B===aA===a==C===c==A=a=A==c=====a'
 'A=====C===a==A=a===B==c====D===d====B===b==A=b==A==a=a'
 'A=B=a===D==a==A==b===B======e===a'  'AA==a==B=a==D===d=====C===d==a'
 'B=B=a==B==a====Aa==B===c==A=a==A=aA==b=b'
 'A==C=a==A==a==B====a==A==a=Aa==A====a===B====b=A==d=====a'
 'A=Aa=A==a=A=a==Aa=A==a=====C======a==A==b==A===a====D====d===A=a==A==a====C==d====B==b=====A==a=a'
 'A======C===a==A==b=====Ba=C===e==========A==a=a'
 'A=B=a==B==b=======B==a===C==a=Aa==A===b===B==b=A==d====A=a=a'
 'A=B===a===B===b======B==a===B==b==Aa===C===c=======A==a=A==b=A=b==A==a=a'
 'A====C===b==A==a==A=a=B==c========E===d===D====d==A==a=A=b==a'
 'A=A=a==D==b======C===d======Aa==A==b=a'
```

```
 'A===C===a==A==a=A=a=A==c====E====d===D====d===A=b==Aa=a'
 'A=======C===b===A=a===A======a===D======bA===c====Aa=A====b=====a'
 'A==C====a=A===a===A==b=====D====b===A===c===Ab===A=a=a'
 'A=A=a==E===d==A=b==A=a=a'
 'A=====C===a===A===a====B==c======D===d=====D===d=====A===b===a'
 'AA==a==B==a===A=a===D====a=A==e===Aa=a' 'A=E=====a==A==d===A=aA==b==a'
 'A=A=aA=a===A==a=====Aa===D===b===A=c====Aa==C==c========B==a=D===e===A===a===A===a=a'
 'A=====B=a==B==a=====C==d========A==b==a' 'A======E===b==A=====d===a'
 'AA==a===D==c======D===d===A=a=A==a=b'
 'A====E===a===A===a=A==b====B====b==A====b====A====c==a'
 'A=Aa==B==a==Ba=C==c=A=b=A===b=A=a=a'
 'A=A=a===A=a====E===e===A=a=Aa=a' 'AA=a====E===e=======Aa=a'
 'AA=a======E===e===A=a=a'
 'A==B==a=A===a=====B=a=C==b======B===c====B===a=A==c===A=aAb===a'
 'AA=a=====D==c=A===a====D===b==A=d===A==a==a'
 'A====C=====a=======C==d=====C=b===C==d==A====b=a'
 'A====B=======a====D====a=A=======e=====a'
 'A==A=a=B===b======E=a=A==b======B==b===A==b=A==c====A==a=a'
 'B=A=a=A==a=B==a=A=a=A=a===C====b===B===d===A==b===a'
 'AA==a==B==a==B==b======D===bA=d===Aa==A=a=a'
 'A====B=a==C==a=Aa==A===c========D==a=A==e=====A===a=a'
 'A=Aa===C=a=B==c===D==c==B==b=======B==a===A=a=A===b=====B==aA===d====a'
 'A=====C===a==B==a==B===a==A====d==A=b===a' 'BA=a==D===d==A=b==A=a=a'
 'A=Aa====C===a=A=a=A=a=A=a====C==aA==b=A==c=====A=a==A==b====A=aa'
 'A===B==a=====D========c===A===c=====a'
 'A=B==a====D===e========B==a=C====b=Aa=A====c=======D==a=A===d====A=a=a'
 'A==Aa===C==a====A===b===B==a==C===c=A=c====A=aA==a=a'
 'A===A==a===A==a========E====a=A===d======C======d========B=a=D====d==B===b===A===b===a'
 'A=======C===a==A===c==========E=====e====Aa=Aa=a'
 'AA=a===B==a==B===b========D=====e===A=a====a'
 'A=A==a====E==d========A=b=a' 'B=B=a==C==a=A======d=====A==a=A=b=a'
 'A=B=aA===a====B=a==B==c=====B==a=A==a=A=a=A==b=====C==a=A==b===C==b===A==b==A=c==Aa=a'
 'A=A=a====E===d======C======d===A=aa'
 'A=A===a=A=a====E==c=A=a===A==c===A=a=a'
 'A==A=a===B=======a==A===b=========E====e=======A==a=a'
 'A==A====a=====E==d==A==b========a'
 'A=B==a==C=====b====A===a==B==a=A=a=A======b======C==a=A==d===A=b==a'
 'A==A=a===D==aA=a=A=a====B===a==A===a==A=aA==a=A=a====AaA===b=A===d=a'
 'A===C====b=======B====c===E===d===D====e==A===a===a'
 'A=A=a=====D===c=====A===b======E======d===A===b==a'
 'A=====C==b===A==a=A=aA==b=====E===e=====D===d====A==a==A=a=a'
 'A=B==a===D====e=======C==a==B====a=A==aA=c=======D=========d==A==b=a'
 'B==B===a==AaA=a===B=a=B===aAa==A==b======A=a==B==c=======B==a=A===c===A===b===A===a=a'
 'Ba==C==aa=Aa===C==aB===a=A=a===A==d===A=b==a'
 'A=====D===c=A=a==A===C=d=======D==d=====D===d====A==b=Aa=a'
 'A==B=a=A===b=====E===a=A=a====A==b=A==a=A==c==A=b===a'
 'A=======E===e====Aa==a' 'AA==a=======E===e===A=a=a'
 'A=Aa===B===a==B===b====C=a=B====c=A=c===A=aA==a=a'
 'A=Aa=B=a=C===b====C==b=A=d==A=aa'
 'B==Aa=A==a==Ba=C==b=A=b===A==b=A==b=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==C==a=C====d===A===b=a, 143, 8, 146, A=Ba==D=aA===d==A==b===a
AA=a======E===e====A=a=a, 145, 0, 145, AA=a======E===e====A=a=a
A=A=a===E====d====A=b==a, 151, 6, 24, A=A==a====E==d========A=b=a
A=A==a===E====e===A=a==a, 158, 5, 153, A=======E===e====Aa==a
CaA=a===CaB===e=====A=a=a, 165, 6, 145, AA=a======E===e====A=a=a
Accuracy: 0.013636363636363636


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Fold 4

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2222

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2564

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1970

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2492

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2063

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2576

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2143

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2654

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2047

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2660
Final centroids: ['A==Aa==B==a===Aa===D==a==A==d==A=b===a'
 'A==D==aA==a==A=aA=a=B===bAb===A=a==A===c==Aa==a'
 'A==C==a===B====b====A==c=========E=======d=====A==b=a'
 'A=A=a==A=a==A===a=A===a===A==a=A=a=A=a=A==a===C==a=A=a===C===c==A==b==A==b==Aa=a'
 'A==B==a=B==aA==b===A====b======E=======d====A==b=a'
 'A=A=a=Aa======E==d====A==b=A==a=a' 'A=====E==d===A==b==A=a==a'
 'A===B====a=A===a===Aa==B=c======E==d======D===d===A==b======a'
 'A====E======b====B===a===A===a==A===a===A===a=A=======e===a'
 'A=Aa=A=a==E===e===A=a=A==aa'
 'A==Aa===D=======a=A===b==C==b======B==a==AaA==a==A===b====B==aA===e====a'
 'A=====D===c===A=a=A==a=A===b=====E===e=====E===d======A==b==Aa=a'
 'A=A=a====C=====c========E===e======a' 'A=Aa==E===c===A=b=A==b=a'
 'A==A==a==C==b====C==d========E=====e====A==a=a'
 'A=A==a=A=a=A=a===B=a===D===aA==d=====C====d=====C==a=B===d===A==a===A===a=a'
 'A=Aa===B===a===A===a===D====aA==c===A==c===a'
 'A==E===a===A==c======A===c==a'
 'A=A==a=A=a==A=a=A===a==B==a=A=a=====A==a===C==aA==c===D==d======A==b====a'
```

```
'A=A=a====D===a=Aa=B======b====A====d===a'
'A======C==b=======C===a=A=a==Aa=B===c===A===a=A====c===A=a==a'
'A=B=====a====D=====a=A===d==A=b===a'
'A=Aa===D=aA==a=AaA=a==B===b====A===a===Aa=B==b=====B=====e======a'
'A=======E=====d===A==b==a' 'A===E===a==A===c=====A======c==a'
'A=====D=a=B==b==A==c====D=====c====C==b=A==d======a'
'A=A=a====E===e=====Aa=a' 'AA=a=====E==e====Aa=a'
'A==C==a=C===e===A=a=A==a==a' 'AA=a====E===e====A=a=a'
'A==A===a==A==a=======D====b===A==b====B=a=B=====c=====B==a=C==d===A==a==A===b==a'
'AA=a===D==b===A==a==C==d======A==a==A=b=a'
'A========E===c==A==a=Aa==A=a====C===a=A==a=A====c===A==aA====c=Aa=a'
'AA=a==C=aC===e===A=a====a'
'A=====E===a=A=a=A=a=A=aA=a===A===b====B===a==A===e=====a'
'A=A=a===B===a======B=aA===b====B==c=Aa==A==a=A==a=======C===a==C=d===A==a===A==b=a'
'A=Aa===B==a==C===d========E==e=========A=aAaa'
'A==C==a=A===a==A===b=A=a==C===b====C====e======Aa=a'
'A==B=a=B==a=B===b==C===c=====A==a=A==c=====A=a=a'
'A=A=a===B==a==Ba=C===c==A=b===B===c==A==a=a'
'A===B=====a===A=a==B===b===A==a==A=a==A=a=A==a===C==a====A==b===C====c===A==b=A=b==A=a==a'
'A=A==a==A==a=======D=a=B==c====A==b==B=======bAb==A===a=a'
'A=B=a====D===b=A==aA=a===A==a===B===a=A=a==A===b=A=a==A===d====a'
'A=Aa=B==a===B==a=A===b===A==a=A=a===B=====a===C=======b===B===b=A==c=A=b==Aa====a'
'A=B==a====B=a=C====c=====C====e==a'
'A==A=a==D====d=====B==a==C=a===A====c======D==aA====d==A==b=a'
'A=Aa==B==a=B==a==C==a=A==c=A=c====a'
'A=A==a===C===b======B==a=B==a====A=a=A===b=====C==a=A===d===A=b==a'
'A======B==a===C==d=======E===e=========A==a=a'
'A==B==A==a=B===b=====C=====e===Aa=a'
'AAa===B==a===B==a===C===a=A==d==A=b====a'
'A=B=====a===C==a=A===b==A==a==A==b=A=====a======D====aA==b===B===b=A==b==A=c==Aa=a'
'A==B==a=B=a==C==d===A=a=====B==c====Aa=a'
'A======B====a===D==d==A=b===A==a=Aa===B====b===A=a==A=aA==a==a'
'A====B===a=====D==c===A=====c=A=a==a'
'AA=a===B==a=====A==a===D===b=A=d=====Aa=a'
'A==B=a====B====b========A===a====B==a=A==a=AaA==a===A=aA==a==C==a=A=c=A==c===a'
'A====C===a===C==b==B===c=====A==a=A==b==A=b=a'
'A=C=aB==a=A=a=A====c=====D====b===A=====d===A==a==a'
'A===E=====a==A==b==A=aA===d===a'
'Ba======E===e=========B==a=B===b==B=b===A===b===A=a===D===a==Aa=A==d====A==a=a'
'A=A==a==A=a===E==c===A==b====B===b==A==b=====a'
'A======E======b==A==d=========E=======d===A==b==a'
'A=A=a=====D====a=A==a==B==b===B===a==A=a=A==d=====A=====b=====a'
'B=a=====E===c==A=a===C==d====Aa=A=a==A=b==a'
'A=A=a===B=a=B==a===A==a===B===b===B=====a==A=a=A==a===B===c==A==c==a'
'A=====D======a==A==a==B===a=====A===a=A=a==A==b===A====c=A=b==a'
'A======E====b=Aa=A===a==A=aa===C==a=A==a=A==d====B=a==A=c=====a'
'A=A=a==Aa==D==a=A=b==C=c====B==a=A=a==A==c=====A===b=A=a=a'
'A====A=a==B===b======E==e===A=a==a'
'A=B==a===C==a=B==aA==c=====A===b=Ab=a'
'A=====B====a===A==b=====C=a=C===d==Ab=====A===a==a'
'A==C=a=A=a==A==a=A=====b=A==b=A=a=B==a=A==a====C=====a==Aa===B===a=A==b=A==d===a'
'A=====C==a==A=a==A=a=A=a=====C==d====C==c====A=b==Aa=a'
'A===Ba=B==a==B==a==A==a====B===a=====A===c==A===a=A===c=a'
'A=Aa=A==a==A=a==B===b===A=a=A=a=======A==a===D======b===C===c==A==b=A=b====a'
'A=C=====aA==a====C======a=A===a=A===a=A======a=A=aA====d=b'
'A========E======a======A===a==A===a=A=a=A=====a====A========e====a'
'A==A=a====E======a==A=a==A==a===A=====a===A=aA==b====A======c==A=b==a'
'A=Aa===E=====e=======a' 'A=A=a===B==a===A==a====D==b=A==c==A===b==a'
'A===A==a===C==a=B=aB==b==A=b===B==d==A=a=a'
'A=A=aA=a=A==a==Aa=A===a=====D===c====B===c===A=a=Aa===E==e=========B===a====D===e=====A===a====A==a=a'
```

```
'A=A=a====B==a==A==a===D===aA==e========a'
'A=A=a===C=aB==aA===b==B==b====B==a=Aa==B==c===A=====c=A=a=a'
'B=D====a==A==d=====A===b==a'
'A=======E===aA=b=Aa===B====a===A===a=====A=====b=====A===d======a'
'A=B==a===D===c=======B==a===B=====c===A==a=A==b======B====a==A=b=Ab===A===a=a'
'A====E======b=====B=====a=A==a=A====a===A====a=========d====a'
'A====A==a=====E==d=A=a==A=b=====a' 'A=A=====D==e===A====a=A=a=a'
'B=A=a==A=a=A==aA=a=A===a=A==aA=a==D===d==Ab====a'
'A=A==a===E==e=====A==a===a' 'B=D===a===A==b==A=a=A===d=a'
'A=A=a====E==e=====A=a=A=a=a'
'A=B=a=A====a==A==b======E====c=B==b=A=c====A=a=a'
'A====D=aB====b==A===a==A==a===A=======a=A===b==A=a==A==c===A=aa'
'A======D===c=====B==a=A=a=AaA=a==B==a==B==a=A==c=A=c====a'
'AAa====B==a====A===a=====D==b==A==d=====A=a=a'
'AA=a==C==a===A==a====C==b===B==d==A==b==a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==B=a=A==a===C===b===C==c====B==b==A==b==A==b=a, 131, 9, 78, A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b==A=b=a
A===B=a=A===a==C==a=B==d===B===a==A==c===Aa=a, 18, 13, 78, A====C===a===C==b==B==c====A==a==A==b==A=b=a
A=A=a==A==a===C=b===D=d===B==a===A==c===Aa=a, 20, 12, 90, A=A==a==A=a===E==c===A==b====B===b===A==b=====a
A=A==a==A==a==C==a=C===c===B===b==A=b==A=b=a, 35, 13, 78, A====C===a===C==b==B===c====A==a==A==b==A=b=a
AA=a===B==a==D==b==B===c====A==a===A==c====Aa=a, 58, 11, 164, A==B==a=B==a=B===b==C===c=====A==a=A==c=====A=a=
Accuracy: 0.0

+++

Fold 5

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2083

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2625

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1975

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2560

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2150

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2506

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1833

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2586

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1850


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2710
Final centroids: ['A==B=a===C==a==B===b=====B===e=====a'
 'A=A=a====C===a===B==d=======E=====e=====A==a=a'
 'A=Aa======C===b==A=a=A==a=A==a===D=======a==A===c===A=a==A===c===Aa=a'
 'A==C=aB==b====B==a=B===c=====A====c=a'
 'A=======E==a=A==a====A==c=====C===a=A=a=A====c===B====d==A=a=a'
 'B=B=a=A==a=A=a====C==a=A====c==Aa===A==a===A====a==A===b===A===b==a'
 'AA==a=====Aa===Aa==B===a==A==a===Ba=C==d=====A=a==B==c==A==a===A==a=a'
 'A=====D===a====B====d====Aa===A==b=a'
 'A==E=======a==A=aa==B====a===A=====e====Aa=a'
 'A=A==a==A==a==B=a=B==a==C===c=====B==d==A=a=====a'
 'BA==a=====B==a===C==d=====B==b==A===b==A==aa'
 'A=A==a===C======a==B==a=A==a====B===a==AaA===c=A=====c====A=a=a'
 'A==B=a=B===a===B=a=B===b===A===b==A==c===A=a=a'
 'A=======E==a=AaA==a=A=====b===A===a=A==d=a'
 'B==Aa===B====a==A=a=A==a=======C==a=A=a==A=c===A=a==A==c=A==a==a'
 'A=A=a=A==a===A==a=A====a===Aa=B==b=====A===a===C===aA==a===C==d===A=aA==b===Aa=a'
 'A=====B==a==B===a==C=d====B===a=A==c=======a'
 'A=A=a=BaB==a==A=a==C===c=====A=a=A===c==a'  'B=====D===d==Aa=Aa=A==b=a'
 'BB==a===C=======c===A==a=A=a=A=a=A==a===A=a=A===b===B==aA==aA===b=A=a=A==a==Ac'
 'A==B==a=B===c=====C==c========E===d===C======d===A=a=a'
 'AA=a===A==a====E==e====A=====a====a'
 'A=B==a==B===a=A=a==C===c=====B===b==B===b=A=c====a'
 'A=B==a=A===b=========D==a=A===a====A===a=B==b=A==c==A===b==a'
 'A=====E===c==A=====b=A=b=a'
 'A=C===aA==a==B==b===C===c==B===b==A==b=A==b=a'
 'A=Aa======E===e=========a'  'A=A==a==B==a==C=a=B===c=======A===c===A=a=a'
 'A===E=======b==A==a====B====a===A=======e=======a'
 'A=B==a=====C===b====C=====e===Aa=a'
 'A====B==a==Ba===C==a=A=======c=A=c======a'
 'A=====D====b==A==c======E=======e=======A==a=a'
 'A==C======a==A==a====B==a==B===aAa==A===c=A=c====a'
 'A=A=====C===b===C==e=======E=====e====A==a=a'
 'A=B=a===D==a=A===b===B==e=====a'
 'A=====B=a==B===a==A==a=Aa===A===a===C==a=A=a==A==c=====Aa=A==c==A=a===a'
 'Ba======E====e=====A=a=a'
 'A=A=a====C===a=A===c=========E===e=======A=a==A==a=a'
 'A=Aa====D===b==C===b===A==a==B==aA==a=====c==A=a=A==b=A=a=a'
 'A=A=a===A===a=====C=a=A==a=====C==b===A===a=A==c===A==ab'
 'A==B==a===D======c====A=======c===a'
 'A=====C==b===A=a======C==d======E==d====D===d=====A=a=A=a=b'
 'A=A=aB======a=====D==d===A==aA==b==Aa=a'
 'A==B==aA=a==B=a==B==b=A=====b===A====a====C===aA=a==B===d==Aa=A==b==Aa=a'
 'A====A==a===E===e==A==a==A===a=a'
 'A=Aa====E==d=====C===c==A===a===D====b===A==c=====A=a==A==b=A=a=a'
 'A====E===d===A=a=====C==d======D==d=====C==b===A==b====a'
 'A=====D====a======B====d=========B===c=a'
 'A=A=a=B=a==D==d=======C===d=======a'  'A=C=======a==C====c===C=====e===a'
 'A=======E====e=======a'  'A=B====a====D==c======C===e====a'
 'A=====C==a=A==a===B===c=====D==c==C===c==A==bA==b==a'
 'A=B=a===C==a=B===b=====B===e===a'  'A===A=a===E==e===A=a=A==a=a'
 'A=A=a=A===a==A==a====A==aAa===B=====a===D===e======A=a=a'
 'A====B==a=====D==c=A==b===D===e======a'
```

```
'A=A=a==B==a==A===b====D==aB====e========A==a=a'
'A=A=a==A=a===A=a-A====a===B===a==Aa=A=a===A==a===C==a==A=b===C==d===A=a==A=b==Aa=a'
'B=A=a==D==e===A==a==A=a-a'
'A==A==aA==a==A==a-A==a====A==a===A==a-A=a===A===a===C===a=A==a===C==c==A==c===A=a====a'
'AA==a===B==a====A==a===D====a=A===d==A=b==a'
'A=Aa===D===c======C==a=A==a==Aa==B===b===B===b===A====c=A=b=a'
'A=======E=====b=====A===d======E=======d===A==b==a'
'A=C===b=======A==a===D===c===C==d==A==b===a'
'A========E==d===A==b==A==aa'  'AA==a====B=a==D=====b=Ab===A==c==A==a==a'
'A========E===b=====A=a======a====C==a=A==a==A===c===B==a=A===d=====a'
'A====A==a=A=a====A==a=====D===b===B==d=======C==a=A==b==Aa====B==a==C===e====C==c====B===b====a'
'A=Aa===E==e==A===a==A=a=a'
'A=C==a=B======a=A==a==B=====b===B===e======A=a==a'
'A===A=a===A==A=a==A=a===D===b==A==b==A=aAa===C==d======A===a==D==e====A==a==A===a=a'
'AA=a===A====a=====A=a===E====d===A=b======B==aA===b==Aa==A=aa'
'A=A==a=A=a-Aa========D===b==A==b====B==a=A==b====B==a=C===e=========A==a=a'
'A=====C===a====C===c===B==a====B====a===A===b====A=====d=====a'
'A=A=a====D==a=====B====c====A==a=A==c=a'
'A=====B==a==A===b=======E===e=======A=aA=a=a'
'A===B==a==Aa====C====d====D===c===D===d=A==b====a'
'A=B=a==C=====b=A==a==C====b===A====b====B==a=A==d===A==a=a'
'A===B====a======D====e===A=====a=a'
'A==C==aA==a=A=a==B==a===B==a==A==a===A===d===A=b=Aa=a'
'A=A=a==A=a==A=a-A==a===A=a==A=a==Aa=A==a===C=a=A==a=C===b==A=b=A=c=====a'
'A==C==a==C===c=====C===e=======a'
'A=======E==b==A==a=A==d=====A=a=A==a=a'
'A=A=a=====D===a==A=a=B==c=====B==a===A==a==A==a==A=====c==A==b=a'
'BA=a=====D===d===A=aA==b=a'
'A=A=a==A==a-A=====a=B==aA=a===D====d====C==d====A=a====a'
'A=A=a=A=a==A=====A==a==A==a==A==a=A===a=D==e========A==a=B===b==A==a====A===aa'
'A=A==a=====E=====c==A====b=A=b=a'
'A==A===a==A=======a===A=a===C====b===B==c===A==a=====C==c=======B===a===D==e====A==a=====A====a=a'
'A===A==a===A==a=A==a====A==a=A==a=A=a=A==a====C==a=A==b===D===d=A=a==A=b===a'
'A==A==a====B===b=========A===a====E=====e======Aa=======A=a=B===b==A==a==a'
'AAa===C==b=====A==a====D===b=A==c=A==b===a'
'A=B=a=A===a==D===c======B====d=a'
'A=B=a==B===b=====BaB=a=B==c=A=a==B==b===A==a=A==c==Aa==Aa=a'
'A====Aa===E===d====A=a=A=b=a'  'A==A==a===E===d=A=a==A====b=a'
'A==B==a=A==a==B==b===D===d====C==b==A===c==A=a==a'
'A=AaA=a===E==d====A=a====aa'
'A=A=a=======C==b====A==b=========E=====e======A==aa']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=A=aA=a==E===e=======A==a=a, 102, 5, 18, A===A=a===E==e===A=a=A==a=a
A====B=a==D====bAb==A===c=a, 138, 8, 153, A=======E====e=======a
A=A=a=====E===e======A==a=a, 145, 4, 43, A=Aa=====E===e========a
A=A===a===E==e=======A==a=a, 156, 4, 18, A===A=a==E==e===A=a=A==a=a
A===A=a===E==e==A=a=A==aa, 160, 2, 18, A===A=a===E==e===A=a=A==a=a
Accuracy: 0.0136363636363636636

++

Fold 6

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2265

Iteration 2

```
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2485

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2165

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2506

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2191

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2628

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2295

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2742

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2419

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2616
Final centroids: ['A=Aa==C==aA===b=====D===e====Aa==a' 'A==A=======a===E==e===A==a=A==a=a'
 'Ba====D==c====A==a====D==b=A=c===A==b==a'
 'A=====A====a==E===d==A=a=A=b====a' 'A==E==a==A==d===A=b==A=a=a'
 'A=B===a==D==c==Aa====C===d===A=b=a'
 'A=B==a==C====b=====A==a==B==a=A==a==AaA==b=====C=a=A====d==A==b=a'
 'A===B====a====D====c==A=a=A==c====a'
 'A=Aa==C==a==B=a=B==c==A=a===A===c======a'
 'A=Aa=A=a===E===d==A=a==A==b=a'
 'A===D===a===A===aA=a=A==a===A=====a===B====b=A==d===a'
 'A=Aa=Aa===E==e====A=a==A=a=a'
 'A==A==a==A=====a======C=aA===b=A=a===A=a=C==d=======B===a===D==e===A===a===A===a=a'
 'A====C==b====Aa===C===d====E==d=====C==c===A==b====a'
 'A=B=a==B==aA=b====B=a==C==b==A=aA==c======C==a=A===d===A=a=a'
 'A=C=======a==A==a-A====a==B==b==A=a=A==a=A==a===C===a=A==a===A==c===A==b==Aa=A==b==a'
 'A==B==a==C===a=a===C=d=======D=======d==AaA==b=a'
 'AA=a==B==b=======A=a==D==a=A==c=A==b==========E==d======a=a'
 'A=A=a===C==a=A=a=Aa=A==b======D==aA====e====A==a==a'
 'A=B=a==B==a===B==a==B==c====B===a==A===c===A=b=a'
 'A=A==a==C====b=======A==a===D=====d====A==a=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A=A==a=====D==a==A==b===C==c====A====a=A==a=A==b======A===b=A=a=A=a=a'
 'A=B==a==C====c===B==c=======E======e===A==a=a'
 'A===C==a====C==c==A=a==A==b=b'
 'A==A=aA==a==C==a=A==b======D==d====A====a===D==d=======C==b=A==b==A=b======a'
 'A==Ba=D===b==A=a==B==d=====A=a==A==b=a'
 'A==B==a==A==a==D==c==A==b=A==b===a'
 'A==A=Aa==C===b=A=a====A===a=====C==aA=c===A==b====A=a==A==b===A=a=a'
```

```
'A=Aa===C==a===B==c=====C=a=B===e==========A=a=a'
'A=Aa===C=a=====A===a===C===b==A==c===A==b=a'
'A====A=====a====E==c==A==b=A==b====a'
'A===A==================AaA=a===C=====b===A===b====A=a===D===e=========A====a====C===c====A====a====A===a=a'
'A=B=a===C===b====C====e=======a'  'A=A==a=A==a====E===d==A=b=A=a=A=a=a'
'A=B======C===d===A=a=A==b=a'
'A=A==a=====A=a=====D===b===A=b===B==a=C===e======B=a==C===d===A==a==A==a=a'
'A==C===a==B===c======D==a=A===aA=a==A===b=A=====a==A====b==A===c=a'
'BA=a=====B=a=C=aA==c===A======c=a'
'A=A==aA=a====B==aA==b===A==a==A==a===A===a=Aa===C==a=A===a===C===c==A=b==A=b==Aa=a'
'A=A=aA==a======E===d======B==c====a'
'A==C==a=B====c======Ba=B===a=Aa=A====c=====D============e===a'
'A==C==a=A==b======D===a=A==a=Aa==A===b=A=====a=A==bAb==A=b=a'
'A=B===a==B=a=A=a===C===c======A==b=A===b===A==a==a'
'A=A=a=====D==a==B==c===B===a==A==a==A==a=A==a==A====b==A=b==b'
'A=====E==c===A==a==A=a=A===c=====E==e====E====d==A===b===Aa=a'
'A=A=a==A==a==A=a==B==a==A=====aAa==A==a==A=a===D====a===A===aA====e====A=a=a'
'A=A==a===C======a==A=a===B==b====B===a=====B==c======B=====c=A=b==a'
'A===B==a====A=aA=a=A==a==BaA==a==A==a==A==B===c=====C===a=B===d==B=====b==A===b=a'
'A==E===aA===b==A==c=====D======b=B==b=A=d===Aa==a'
'A=C==a===B==a==A====c======D====c===B=====d====A=a=a'
'A=A=a===E==d==A=b======a'  'AA==a===E==e===A=a===A=aa'
'A=Aa===E======a==Aa====A==b===B===a==Aa=A====a==A==a=A====e=a'
'A=A==a====C====b=======A==a===C=a=B==d==A=aA==a=====B==aA===c=====A===a=a'
'A=A=a===C==aA=a==B==d=======E======e====A==a=a'
'A==C==a==B==b===C===b=====B=====b===B===c=A=c==A=a=a'
'A=B=aB==a=AaA==a=======C=====d==A=b=a'
'A==B==a==B=====a===A=a=Aa==B======a==B===d===A=b====a'
'A=A==a====B=a====D=b=A=b==A==c==Aa==a'  'A=Aa=======E==e===A=a=a'
'A=B==aA==a=A=a=B=====a=A=a=B===a==B====e====A=a=a'
'A=Aa===E=d====A=a===aA=aa'
'A======D===b=A==a==A==aA==a===C=a=A=a===A==c====B======d=====a'
'A==B=a=C====a=A====a=B==a=Aa==A==a==A=a=A==b====A===aA==d==a'
'A=A===a==A==a==A=a==B======a=B==b===B===c====B=aA===a=B==c========B===a===D==e======B==b=====A===a=a'
'A=A=====a==B====a=A==a==A=a===A=a==A======a===D======b===B==c==A=c========a'
'A===A=a===E===e=======A==a=a'
'A=A=a===C====b=======C=a=B===c===Aa===B===c===B===b=A==a==a==A==a===a'
'B=A=a===A==a==D===c=====B==d====a'
'A=====C===a==B===c=====B=a=C==c=A=c======A=a=a'
'A=C==a=B=a=B==d=====A==aA=b=a'
'A=A===a==Aa==A=a=A=====a===B=a=A=a==A==a=A=a====C=======a===B====d===A=b====Aa=Aa=a'
'A=Aa=====D==a=A==d=======B=a==D===e=======A=a==A=a=a'
'A=B=====a=A=a=A=a=A==a==B=====a===C==d==Ab=====a'
'A=A=aA=a==E==e=========A=a=a'
'A=A=a==B==a===C=c===D==d====C==b==A==c=======a'
'A==C==a==Aa===C=====c====A===c==a'
'A=D=====a===A==c=====D=====b==A=====d===A=a=a'
'C======C=a==A=aA===c=====C====e===Aaa'
'BA=a==B===a====A==a===C==a=A===d====A=b==a'
'A=B====a==A=====a==B===c======E======d===A==b=a'
'A=B=aA==b==A=a=B==aA=a====D====c===C==d==Ab==A=aa'
'AA==a===B==a====D==c====A==c===A==a=a'
'A=A=a=====E====a=A==d===B==b=====B===a==B=a=B==d=====B=====c===A=a=a'
'A====B==a==A==a===B==b=======D==e===E====d==A==b==Aa=a'
'B==B==a===C===c====A======c==a'  'A==B==a===D==e======A==a==a'
'A==Ba=B===a=B===aA=b=====C===d======a==a'
'A=A=a===D==b===B==b=====A==a===C======b==A===c===A=a==A==b==Aa=a'
'A=A==a=A==a======BaB=====a=A==a===B=a=A==c==========D==d==A===a==A==b=a'
'A=Aa=A=a====E===e===A=a=A=a=a'  'AA=a====E====e====A=aa'
'A==A=a===B=======a====A===a===D==b=Aa==A===b======B===aA===d====A==a=a'
```

```
  'A=A=a=====D===a==A=a==B===b====B===a===A=====c=====B===c==A=b===a'
  'A=A==a===D===d=========B====a==C===b===B==b=A==b=====Aa==D===a==A==bAc==A=b===a'
  'A=======D===b===A===c======E========e======A====a==a'
  'A=Aa==Ba=D===d=====C==c==Ab===Aa==a'
  'AA=a======C==a==C==e===A=a====B======b==A==a====A==aA==a===a'
  'AA==a=======E==e=====Aa=a' 'AAa===Ba=D==e======A=a=a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A===B====a==D==d==A=a==A==b====a, 4, 7, 67, A=====A====a==E===d==A=a=A=b====a
A=B=a=A=a===D==d====A====b===a, 12, 8, 132, A=B==a===C===b====C====e=======a
A=D====a==B===b==Aa==A=====d==a, 53, 9, 37, B==B==a===C===c====A=====c==a
A===B===a===D==e===Aa===A==a==a, 62, 4, 137, A==B==a===D==e======A==a==a
A=B==aA=a===D==d===A=a=A==b===a, 51, 7, 50, A=B======C===d===A=a=A==b=a
Accuracy: 0.00909090909090909


+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++


Fold 7


Number of unique labels in the training data: 170


Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 3148


Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 3365


Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 3392


Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 3441


Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 3433


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 3421


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 3352


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 3323


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 3084


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 3474
Final centroids: ['A=D====a==B===c===Aa=A====c=a'
```

```
'A===B==a==A=a==B=====a==B==a==B==b===B===d==A=b=====a'
'A==A==a=A==a=A==a==B==a====C===b===C===e=====A=a=a'
'A=B=a==A==a======C=a=A===a===B==a==A==aA=bA=c==A=b=a'
'BAa===B==a==A==a===C==a=A==c===A==c=a'
'AA==a===B=a====D===d==Aa=A==b===A=a=a'
'A======E==a=A=aA====c=======A===c==a'
'A==C==a==B=====c=======D===a==A====a===A==b==B===b=Aa==A===b==A===c===a'
'A=A==a====E===c==A=aA=a==A==b==b'
'A=A==aA=a==B=a=B==a==B===b===C==d==Ab==Aa=a'
'A======E===c==Aa==A=a=A==b===D==d===D===d===A==b===Aa=a'
'A====Ba===D==b=A===b=B===b===B=====a=A=a==B==c======B==aA==d===Aa=a'
'A=B=a=B==a==A=a=A==b=A=a=A==a=A=a===A==a==B==a=A===a===C===c==A===a=A==b===b'
'A==C==a===C==c===C==d===C======a==B======e====A=a=a'
'AA==a===C===a===A=a===C===b==A=c==A==b=a'
'A=A=a==B==aA=a==B====a===C===a==A==c==A===c==a'
'A=Aa======E==e========a'
'A=====E==c======A=aA=c=====C==c====C==c===A=a=A=a=a'
'A====C=aA=aA==a===C=======a==A===b=====Aa=B===c======B==a=A===b==A===a==A===c===a'
'A======D===a==A==c===D=====bA=d======A=a=a'
'A=A=====a===E===e====A=a==A==aa'
'A==A=a==D===b=A=a=A=aA=a====C==aA=a=A==d====A=a=A==b=A=a=a'
'A=B=a==C====b=Aa====B===a====B===c====A==b===Aa=D==a=A====e====A=aa'
'A======D===a=A==d====E==========e====A==a==a'
'A=A=a===E===e====A=aA==a=a'  'A==E===a==A===d==A=a=A=b==Aa=a'
'AA====a======E==e=======E==e==a'
'A=Aa====C===a==A==b====C==a=B==aA=e========A=a=a'
'A===C=====b======C==a=B==a=Aaa=A==b==B====b=A==c===A=a=a'
'B===D===c=====B=====b=====A=====aA===c=a'
'A==A=a==B======a==A===b=====C=a==C===e=========A===a=a'
'A====A==a====E====e=====A==a=====a'
'A===B=a=A==a==D======c==AbA=b==Aa==a'
'A==B=a==C==a===B=a=A===b===Aa==A=====c=b'
'A=B=aA==a==A===a===B==a====A=====a===C==c=A=c=====a'
'A=B=a===D==d===A==a=A=b===a'
'A=A==a===B===a=====C=a==B===b==A==b===B===b=A=c=====A==a=a'
'A=======E====e========a'  'A=Aa=A==a==C==b=Aa=====D=====e==Aa=a'
'A=A=a====C===c=======A==a===C=aC=d===A==b========D=====d=======Ab'
'Ba=====C==a===A==a===C==a=A==e====A==a=a'
'A=A=a==C==a=A===b==D===c==A===b=A==b=A=a=a'
'A=====C==a===A==a===C===aA========e===a'  'A=A=a====E==d==A=a===A=ab'
'AA=a=====E===e=======a'  'A=A===a===E==e=====A=a==A=aa'
'A==Ba==D==c==A==b==A==b==a'
'A=B==a=A=aa=A==a==C==c=====A==a=A===a==A=a=A==a=Aa===C==a==A===b====D===d===A=a==A==b======a'
'A=B=a==B===b=====A==a===B======a==A===a=====C=======d==A=b=a'
'B=B=a=====C===d==Aa=A===a=b'
'A=========D====a==A=a=A===c===B===a====C===c======A====c===A=a=a'
'A=A===a=A=a===E===d==Ab==A=a=A==aa'
'A===D==a=B===c==A==a==C==b=B=========e====A=a=a'
'A==B=a==C===a==A===a=A===a===B===a=A==a=A=====a==A==a=A===e===Aa=a'
'A=A=a==B=a===D==d=====C====d==a'
'A=A=a==D==b==A==a====A==a=A==a===C==a=A=b=A====c==A==a==A==b==A=aa'
'BA=a===C===a======B===d==A=a====A==ab'  'AA==a==E==d===A==b==A==a=a'
'A=====D===c===Aa===A==a=A=a======D===e=====D==d===A===a==A=a=a'
'A=A=a==C===a===Ba=B===d====A======b=a'
'B=B=a=Aa==B===aAa==A=a===A===b===C===d==Ab====a'
'B=B=a====C===d========A==a===C==c===A===aA==b=======C==a==B====c==A==b=a'
'BA==a===B==a=C===c====B=====d=a'  'A==B==a===D==e====A=====a=a'
'A==B======a===C=========b===A==b=A=a=====A=====a===D========a==A====a=A======e===Aa=a'
'BA==a===B===b=====A=a===D=====c==A=b======B==aA=====c==A=a==a'
'AA==a=====C=a==B==a=B==b=A==a==A===c===A==b=a'
```

```
 'Ba=Aa====E====e====A=a==a' 'A=B==a===D==a===A===b=====A==d===a'
 'A=C===a=A===a=A==b=====D===c====B===d======A=a==a'
 'A=A==a=A===a====B==a===D==d=====A===a==A===b====A=a=a'
 'A=A=a==C==aA==a=A==a==A==a====C===a=A==a=A===b===A=a=A===c==A=b===a'
 'A==B==a==B===a==C===b=A==a=A==c==A==b=a'
 'A=A==a=Aa=A=a====E==e=A==a=A==a=Aa=a' 'A=====E===e===A==a=a'
 'A=A=a==Aa=B==a=A=a==C==d=======E======d=====A===b==a'
 'A==Aa===D===a=Aa=A==c====C==a=B===c=A=b=A=a=A=b==a'
 'A===B=a=B=====a==B==d========E====e====A==a=a'
 'A======C===a==A===b====D=======e======A====a==a'
 'A======E===e====A=a==A==a=a'
 'A==A===a==A==a==B=a=C====b=A==b==A=a=Aa==C===d========C==a==C==d===A==b====A==a=a'
 'AB==a=C====c======C==a=B==aA=aA==aA==c====C===a=A====d=Ab=Aa=a'
 'A====A==a=====E==d===B==c========a'
 'A===C======a==Aa===C===c====A===a=A==c=a'
 'A=B===a========D===aAa==A====e=====a' 'AA==a=====E===d=====a=a'
 'A====C===a====A=a=A==a=B===aA=a===A==b=====B=a==A====b====B====a==B===c===B==b===A====c==a'
 'A=A=a=====E=====c====B====d=a'
 'A==B=a=B=a==B==a==A====a=A=aA=====a==B===c=A==c====a'
 'A=======E==c==A===b===A==b=a' 'A===D==c===D===d==A=a=A==b==a'
 'A=======D===b==A=a=A===a===C==aA==a=A==c===A=aA===b=====a==a'
 'A=====D===b===A==a===B===c=====D===c====C===d=====A===b====a'
 'A==A==a===D==b=Ab=====B==a=B==a=A==a=A===a=====b=======C==a=A==d====A==b==a'
 'Ba=A==a===E====e========a'
 'A=A=a==A=a=A=a==B==b====A=a=A==a=A=a=A=a==C==aA==a==C===c==A==c====A=aa'
 'AA=a====E==d===A===a==A=a=b'
 'A=A=a==B===a====D==e====C===c=====C==b===A==b======a'
 'A==D========a==A==c=======C===b=====C===e====Aa===a'
 'A=A===a===E===e===A=a=A==a=a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A==Aa=B=a==B====a=A====b=A=====a=A=a===B=====a=====C===a=A==b====B==a=A==b=A===d==Aa==a, 158, 27, 142, A==B==
A=B==aA==a====C=aA==c=====B==b==A=a=Aa=A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 4, A=B==a=A=a
A=B==aA==a====C=aA==c=====B==b==A=a=Aa=A==a===D==b=A==b===C===c====A==aA==c===A=aa, 64, 26, 4, A=B==a=A=a
A=A==a=A=a===B==a=B==c=====A==a=A==a==A=a=A==a====C==a=A==a==C==d====A==a=A==b==A=a==a, 130, 22, 4, A=B==a=A=
A==A===a==A==a==B=a=B==b===B===b==A=a=A=a=A==a==C=======b==C====c=A==b=A=b===Aa==a, 159, 22, 174, A==A===
Accuracy: 0.00909090909090909

++

Fold 8

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2075

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2247

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2027

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2279

Iteration 5

```
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1983


Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2336


Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2028


Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2379


Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2026


Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2442
Final centroids: ['A=B==a===D==c===A===aA==b=b' 'B=B====a==C==d=====A==b====a'
 'A=D==a=A=a=B==d==A=a==A==b=a'
 'A=Ba=B=aA===a==C==d=======D====c=====C==e========Aaa'
 'A==C=a=B===a===B==d=====D====b=B===c=Ac===Aa=a'
 'A=C==aA===a==A===b======D===c=====A==b=Ab===Aa==a'
 'A=A=a==B==a=A=a==A==a=A==a==B=====a===C==d==A=b====a'
 'A=A=a====C==a=B=a=B===b=A=b====B==d===A=a===a'
 'A=A=a===C==b======B==a===C=====c=Aa=A==b=====C==aA===d====A=aa'
 'A====B===a==A===a=======C==a=B===c=====A===a===A===a=A===b==A====b==a'
 'A=Aa==B==a=====A=a===D==b==A=d=====A=a=a'
 'A=======D===a====A==d=========E===e=====A===a=a'
 'A=A=A====a====D====d====B==aA==c===a' 'A=Aa===D=a=B==d===A=bAa=a'
 'A=A=a=A=a==A==a==Aa====C===b===A==a==A==a===C==b======B==a==B==c==A===b===A===b=a'
 'A===C=a=B==a==A==a==B===c====B==b==A==b==A=b==a'
 'A=A==a======A=a==B==a===Aa=B==a==Aa==A=a==C==a=A=b===B==c=A=c==Aa=Aa=a'
 'A==C=a=B==a==A=a=A====b==B==b==A=a==A=a=A=aA==a==B==a=A===a=B==aA=====b=A=c==Ab==a'
 'A==A=a==B===a===A==b======C=a=C===d==Ab===A====a==a'
 'BA=a====D==b===A=a=B===c=======A=a=A==c=a'
 'B==D====b==B===c=====A=====b=b' 'A=A=a==E===c==A=a=Aa==A==c====a'
 'A=B=====a==A==a===B===a=C===a=A==c===Aa====B===c=====Aa=A=a==B==c===A===a===A====a==a'
 'A===E===c==Aa======B==d======E===e====E==d===A==b==Aa=a'
 'A=A=a==B==a==A==b=======E===e=========A==aa'
 'A=B==a=B==a=B==b===C===c===A==a==A======c==a'
 'A=A=a====D====c====A===b========E====e======A==aa'
 'A=Aa==D==a=B==e===A=a=a'
 'A=======E=====b=A=a==A==a=Aa===B======a===A===c===A=a=B===d==Aa==a'
 'A===B=a==D===e=======E=====e===a'
 'A=Aa=Aa==B==a=======D===d====B=====a=B===c====B===a=A=====bAa==A==b=a'
 'A=====D===aA=a====A=aA==c======D====c===C=====c=A====c=====a'
 'A=Aa==A==a====B===b=======Ca=C===e========Aa=A=a=a'
 'AAa====B==a===A==a===D===c==A==c==A=aAa=a'
 'A=B==a=======D==c=====B===d===a'
 'A=Aa===A==a====B==b=====B=a=D==e==========A===a=a'
 'AAa====E==d===A===b=A=aa' 'A=A==a==E===d====A==a=A==b=a'
 'A=A==a===B===a=======Aa==D==aA==e==========B==aA===b===A=a==a'
 'A===A====a==A==a=A==a=A====a==A==a=Aa===E==e===A==a===a'
 'A====B=a=B==a==A=aA=a==C===d====C===c===B==c====A==a=a'
 'A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a']
```

```
'A==B==a=B===c=======E=====a==A==a===A==b===A===a==A==c==A===b==a'
'AAAa=======D==e========a' 'A===A=a===E==e====A=a=A=a=a'
'A=A=a===D==a==A=a=B===d=====A==aA==b=a'
'A=C=====a==A==a==A===b===B==b=====A==a==A==a==B==a==A==b=====D==b==A=b==A==c===a'
'A=A===a===B==a=A==a===B===b====A===a======D=====a==A===aA==d====A===b=a'
'A==A===a===E===c=Ab====A==aA=b=a'
'A==B==a===D==b==A=a==A==b===A=a===C===a=A=a==A==c=====A==a=A===c=A=a=a'
'A=B=aA=a==D==d=======A==b=a' 'AA=a==C===a==C===b==A=a==A==c==A==b===a'
'A=C==a===C=====d===A==b=a'
'A====A===a==A=====a===B==a=Ba=C====b==A===c===A==a===C===d=======Aa=B=a==C===d====A====a=====A====a==a'
'A==B=aB===a=A==a===C==c===A===b==A=b==A==a=a'
'A==B=aA==a====D===d=A==a=A==b===a' 'A=B=aB=a=C==d======D=====e=====a'
'A====A==a==A===a=========D====b==A==c=======E====e=======B==a====D==e====A===a==A====a==a'
'A=A=a=Aa===B==a=A====a===B===b====D==d=======a=a'
'A=Aa=A=a===E=e====A=a==A==a=a' 'A===B====a=====D===c==Aa=A==c====a'
'A=Aa===E===c==A==b==A=b=a' 'B=Aa==B=a==A==a=Aa====C==b=A==c==Aab'
'A=A=a==B===a====C==d=======E=====e===A==aa'
'A==A=a===B==b======C===a=B===a=====B==b==B===a=A===e===A=a==a'
'A====D====a===B=aA==c=====A======c=a'
'A=B=a=A=a==A==a==A==a=A=a=B===aA=a==C===d==A=b===a'
'A=A=a=B=a=C===c======D==b=A=d====a'
'A====D==a==A==a===B==c===A=a===A===c=a'
'A====C======a====C===a=A=======e======a'
'A==B=a==B==a==A==a===C===c===A==a==A===c==A=a=a'
'A==A=a===C===c=====B==a==B==aA==a==A==b=======D======d==A=b==a'
'A====E====c==A==a=Aa==A==b=====D===c====C==d====A==b==Aa=a'
'A=B==a======D==c====B===d====a'
'A======D====a=====B===d===A===a==A==b=a'
'A===B===a===C===a==B==d====B==b==A===b===A=a=a'
'A=A==A==A=a===B=aB===c=A=b===B==c===Aa=a'
'A=B==a====Aa===D===b===A=======d===a'
'A=A=a==B==a==A===a=A=a=Aa===D===a=A==aA=c===A==a=A==b=Ab=a'
'AA==a======E===e====A==a=a'
'A=A=a=B==a=A=aA===a=Aa=====C===a==B===d====A==b===a'
'CA=a=====B==a==A=a=B===d=======A==a=A==b=a'
'A=B==a===C====b=======A==a===B==a=B==c====A===b======B==a=A=====c===A==a=a'
'AAa====C==a===A==a====C===b==A=d=====A=a=a'
'A==B=a===C=====aA=b===B==a===B==a=Aa==A===c===Aa==A=a==A==b===A==b=a'
'A=A===a===E=====e====A====a=a' 'A=Aa=E===d====A==a=A==a=b'
'A==B==a==B==a====C==e========E======e===A==a==a'
'A=A==A=a==B==a====C==e========E=====e===A==a==a'
'A===C======a===B==c========D===b====A==d======Aa=a'
'A====E======d==A=b==a' 'A=======E====e====A=aa'
'A==D====a=A==b===A==b=======D===b=====A====c===A=b====a'
'A=Aa==C==a==Ba=B===b=Aa==A==d========a' 'AA=a====E==e===A==a==A==a=a'
'A=A==a===A==a=A=a===B=====a=A==b======B==a=B==b====A==a==D==d==A==b===A===a=a'
'A===C=====a=A=a==C===d=========A==b=a'
'A=A=a===B===a==A==a====D==c==A==b=A==b=a'
'A=A=a=A=====a=B==a====C===a=A==b===B=a===B==d=====B==a==B==c===B==b=A===b==a'
'A=A==a===C======b======A==a===B===b==D==c====A===b=======C==a=A====c=A=b====a']
```
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
B=A==a==B==a==C==aA=b=A======c=b, 51, 11, 178, B=B====a==C==d=====A==b====a
A=A=a==E==b===B==b====A=====d==a, 88, 8, 121, A=B=a=======D==c=====B===d===a
A=A=a===C==a=A====a==B=a=B===e==a, 100, 10, 38, A=A=a===E===c==A=a=Aa==A==c====a
A=C==a=AaA==a=C==a=======A==e===a, 68, 8, 156, A==C==a==Aa==C==b=====B===e===a
A===D==aA=a==B======a===A=====e==a, 120, 10, 178, B=B====a==C==d=====A==b====a
Accuracy: 0.01818181818181818

+++

```
Fold 9

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 1814

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2296

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2076

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2326

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2050

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2204

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2039

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2341

Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2114

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2493
Final centroids: ['A=B==a==B==a==A===b===D===c=====B==a==A=======d====a'
 'AA==a==B====b======A=a===E======b=A==d======C===aA==c=====A=a=a'
 'A=====E==e===A=a==A===a=a' 'A==AaB=a=B=====b======D====e=======a'
 'A==Aa===B==a==Ba=C===c=A==a==B==d=========a'
 'A=A=a===E==d===A===b==A=a=a' 'AA=a====E===b==Aa==B===d===A==a==A=b=a'
 'A=A=a==C===b======C===a=B===b=A=a=A==b===B====b=A==c====A=aa'
 'A==A==a===E==e=====A==a==A=aa'
 'A=A==a==B===b========C==a==C===d====B===b===A=====a==A=b==A==a=A=a=a'
 'A=D==b=====C==d===A=aA==b=a'
 'A====Ba==D=======aAa==A===a===A===a=====A===c===A===aA=b=A=b=a'
 'A======D==c===A=a==A=a==B==c=======E==e=====E==d=====A==b=Aa=a'
 'A====C===a=A=a===B===c====D===c===C==d===A===b===a'
 'A=A=a=====D==b====C====d====A===a==A==b=a'
 'A==A=====a==A==a==A==a====B===a==A===b===Aa==C==b==Aa=====B==a==C===d===A==a====A====b=a'
 'A=B===a=Aa===D====c====C====e===a'
 'A==Aa===C=====a===B===a==A==b======C==a====A=a==A===c====A=======c==A=a==a'
 'A=B==aA==a==C===a===B=a==A=====a==A====c=A=c====a'
```

```
'A=A==a==A===a=====D===aB===c===B==b===A==b=A=b=====A=a=a'
'A=A=a==B===a==A==b====CaC====e======A==a=a'
'A=D===a==A==b==B===c=======D===c=====B=====d====Aa=a'
'A==B=====a=A==a=A=a=A=a=====C==b=====C===d====A===b==a'
'A=B==aA====a==B==a=B===c===A==a=A=a=A=a=A=====a===C==a=A==b=====C==c======A=a=A==b=A=ab'
'A=B==a=Aa=====D===d=======A===b==a'
'A=Aa==B==a==C=a=B=c===A==a===B==d======A=aa'
'A=======D==b==A=a===A=a======C=====b==A===c===A=a==A==b===Aa=a'
'A===D=====a==A=a=A===a==A==a==A=a==A===a====B====a=A=a===A===a===A=====e======a'
'A====E===d==A===b=A=a=A==aa' 'A=======E====e=======a'
'A=Aa====B==a===A====b=====C=a=C====e=======A==a==a'
'A====A=a===E===e====A===aA=a=a' 'A==B=a==Ba=C==d=====A====b==a'
'A=Aa=A==a==A==a==B===b===A=a=A=a======A===a==C===aA==a====C===c==A==aA==c=====a'
'A==A=a=A==a====E===d=A==a=A=b==Aa=a'
'A==A==a==C===b======B==a==B====b===C=====c==B===a=A==d======A=a==a'
'A===B==a==D==e====A==a==a' 'A=A=a==B====a=B==a===C===a=A==c==A=c=a'
'A=C=a==C==b===A===b=A==c=a'
'A=====D==c=A=a=======C=d=====E===e===E===d===A==b==Aa=a'
'A=Ba=B==a==A===aA=a===A=a=A=aA==a===C==c=A=c===a'
'A=A=a=B===a==A=a==Aa=B===c=====E==d====C====d===A=a=A=a=a'
'A=A==a===B==a===A==a===D===a=A===c=A=c====a'
'A=A==a==A=a=A===a==B==b====A===a=A=a===A=a=A====a===C===a=A==b====D===d===A===aA==b======a'
'A==C==a=B==c===C==d=======D====c===D==b=A=d=====a'
'A=Aa=======E===b======B==b=====B==a=A=a=A===c===B=====c==A=b==a'
'A===C==a==A=aA==aA=a====C=====e===Aa=a'
'A=====C=aB==b==Aa=A=a=B==b====C=====a=A=a=A==b===A======d===a'
'A=Aa=B==a=B==a=B==b===A===a=A==b=A=a=A===a===D====c==Aa===A=a=B==b===A==b==A==b=a'
'A========D===b===A==c=========E====e====A====a==a'
'B=B=a====B=a==B===c=====B===d=====a' 'A==C=a=Aa==C==aA=b===A=aA==d===a'
'A=======E===b==A=a=Aa==Aa==B==a=A=a==A==b==Aa=A===d=====a'
'A=B===a==A==aA=a=====D===cAc====a'
'A=B==a==C===b==Aa=====A===a==C==c=A=a=A==a=A==a==Aa==B=a=A===c=====A==b=a'
'A==A=a=====E====d====A====b==a'
'AA=a===E===c===B=a==A==d=======A==a=A=a=a'
'A=A=a==B=a==D===b==B===d====C==a=A===d=======a'
'A=C==a==B=====c======B==a==B==a=A===a=A===c========D==a=A=====c=A==c=a'
'A=A=a===C==a=Aa====A==c======E=======e===A===a=a'
'A=Aa=B=a=B==b======C==a==A==aA=a==A==a===B====a=A=b==A===d===a'
'A=B=a=A==a==A==a=A=a====B=a=B=====a==B===e====A=a=a'
'A=Aa===B===a====A==a===D===b==A==c===A==b=a'
'A=B=a===D==b==A==b====A==a==C===aA=a=A==c===A=a=A==c==Aa==a'
'A=Aa===B====a==A==a==B==b=====A=a=A==a=A=a=A==a====D==a=A=b====B==a==A==b=A==d======a'
'A=A====a==A=====B====a====A===a=A==a==A=a=A=a=====C==b=Ab====C====e======A=a======a'
'A=C====a=C==d==A=a==A===b=a'
'A=======E===b=A==b===A==a=A==a===C==aA=a=A===c==A==a==A===c==A=a=a'
'BA=a=A=a==D===e===Aa=A==a===a'
'A=B==a===B==a=B=a=B===d======A==a==A==b=a'
'A=====A====a====A=a====Aa==C===b===A==b========E=====e======A=a====C===c===A===a====A====a=a'
'A==B==a==C==c========D=====e=====a'
'B=A=a=A==a==Aa==B==a=A===a====C===c=====C==d===A====b==a'
'A==A=a===C===c======B===a===D==aA==c===A=b======B==a=A===c=====A==a=a'
'A=B=aB==a==A==a==A=a==Aa==B=aA===a=====B==d===A=b=A=a=a'
'AA=a=====E==e==A=a==A=a=a' 'A=Aa===E==e===A==a===A==aa'
'A=A=a==B==a===B==a===C===c===B==b=A=c===Aa=a'
'A=====B===a===B==b==D=d====B==b===A==b===Aa==a'
'A=A==a==B=a===D===c===A=a=C==e====a'
'A=Aa==B====a===A====b=========E===e=======A===aAa=a'
'A=A===A=a====D===e==A==a=A=a====a' 'A===A==a=E=====d=====A===b==a'
'A=A=a=A==a==B==a=A=a==Aa===B=====a=C===e==Aa====a'
'A==A=a==A==a====E===d==A==a=====a==a'
```

```
'A=A==a==B==a==D=====b=A==b===B===d===A==a=a'
'A==C======a==A===aA====a===B====a===B==d===Aa=A==b=a'
'A=A=a=====E====d==A=b=a'
'A=A==a=A==a===A=A==a=A==a===B===a===C==e===A=a====a'
'A====D==b=A==a====C===d===C===c===C===d===A==a=Aa=a'
'A=A=a======E==e=====A==a=a'  'A=D===a==B==d===A===aA=a=b'
'A=B=a==A==a===A==a====A=a===B===a====C===d==Ab===Aa==a'
'A=B=a==C===b=======B===a===A==a===A======b=====C=a=A==d=====A==b=a'
'A======C==a==C=====a=A==b=A===d==A=a==a'
'A=B==a=A==a=B==a=A===b===A=a=C==c====A==a====B==a=A==a===C====b==A==c=A=b===Aa=a'
'A========D==a=A==a=====B====b===A===a=====B=====c====A=====b=Ab===a'
'A=A==a===B====a=======Aa==D==b=Ab=Aa=A=b=====A=a=A===aA=b==A=a=a'
'A======E======b==A=a=B===b===A===a===B=a=A==c===C======d=Ab==a'
'A=B=a==A=======a===A==a======D=d===A===a=====C=======c=A==b=a']
```

Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid

A==C=aB===b===A==c========E===b===B===d======a=a, 7, 13, 92, A=D===a==A==b=B===c======D===c=====B=====d====A

A=D===a=A==b=A==c======E===c===A===b=Ab====Aa=a, 16, 10, 92, A=D===a==A==b=B===c======D===c=====B=====d====

A=B======a====A==a=B===b===D====e=====Aa=a, 93, 13, 164, A========D===b==A==c=========E====e===A====

A==E=======b==A==a===B===b===A====d========a, 132, 13, 164, A========D===b===A==c=========E====e===A===

A===D==aA==b===B==b======C===c===B===aA=d===Aa=a, 151, 12, 79, A=A=a==B==a===B==a===C===c===B==b==A=c===Aa=a

Accuracy: 0.013636363636363636

+++

Fold 10

Number of unique labels in the training data: 170

Iteration 1
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2175

Iteration 2
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2431

Iteration 3
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2167

Iteration 4
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2429

Iteration 5
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2189

Iteration 6
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2505

Iteration 7
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2213

Iteration 8
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2457

```
Iteration 9
Found centroids not unique
Terminal measure: Et = 2227

Iteration 10
Found empty cluster
Terminal measure: Et = 2393
Final centroids: ['A===B==a==D==e==A=a=A==a=Aa=a'
 'B=A=a=====D==a=A=a==A===d=====A==a==A=b=a' 'A=====E=====e====A=aa'
 'A=A==a=A==a====E==d====B==b=Ab====a'
 'A=A====B=a===B===d=====C==a=C==e=========A==a=a'
 'A======C==a====A==c====D=a=B===c=A==c==A=====a=a'
 'A==Ba=C===a=A===b====C==aA===aA==d====A===b=a'
 'AA=a==C=a=C===e===Aa=a' 'A=A=a==B===a===D===d=====B==c===A=a=a'
 'A=A==a====B===a===A==b======Ca==C==e=======Aa==A===a=a'
 'A==A=a====E===e======A==a=a' 'A=B======a==D==e=====A==a===a'
 'A=A=a==A==a===B==a=D===c===B=====b==A==c==Aa=a'
 'B==A=a=D==d=A===a=A=ab' 'B==A==a=D===c===A==a=====a=b'
 'A=B====a===D===e=====A===a=a' 'AAa=A=a==B==b===Aa==E==e========a'
 'A=B=a===B==a=A==c========D===b===C===cAc==A=a=a'
 'A=B==a==A==a=====C==a=B==b====A==a===A===b==Ab==A===b==a'
 'A=Aa====C===a===B==d========E=====e=====A=a=a'
 'A=A=====a=====E=====e==A=a====A=a=a'
 'A=A=a==C===a===C======c===A===a=A==c=a'
 'B=B=aB===a===Aa==B===c=====A==a=A==c==a'
 'A==A==a=====A=a==A==a===D=====c===A==b======A=a=A=a==A=a======Aa=B==a==D==e=====B==b===A==a=a'
 'A=B==a========D===c======C===e====a'
 'A=Aa====D===a====A=a=A===a====B===a====A===c=====B=====d====a'
 'A=======D=====d======E=====e=======a'
 'A=A=a====C===a===C==c=A===a====B==a==Aa=B===c=====A==b=A=aA=b==a'
 'A==D==aA===a=A===d==========E===b===B=====e======Aa=a'
 'A=AaA======D==e====A==a=A==a=a'
 'A=B==a=A==a==C==b==C===c===A===a==A==c===A=a==a'
 'A=C==a=A===a=A===c=======E==c===B===c=Ab===A=a=a'
 'A===A===D==d==Aa====D====e=====a' 'A=A=a====E====e=======a'
 'A=A=a====B===a=======A==a===C=a=B=c==A==b=======B==a=A===c====A=a=a'
 'A======E====a====A===c===A========c=a'
 'Ba=====C======a==C==e========E=====e=====A==a=a'
 'A==A==a==E==e======A=a==A=a=a'
 'A==D======c=======D===aA=aA=a===A==a==A==aA=b=A=d=====a'
 'A=B=====a==D==d======A==b==a' 'A=A=a====E==d======D===e=======a'
 'A===B==a===D==e====A===a==a'
 'A=Aa=Aa==C=====a====B==d========E=====e======A==a=a'
 'A=A=a===B==a====A==a========C===a=B===d===A=b==Aa=a'
 'A=A==a===D=====a=A===b==B===a====A==a==B=a=A=a=A==b=A=====c==A=b==a'
 'A=Aa==B==a===D==aA===c==Aa===A==c===A=a==a'
 'A=====C==a==A=a==A====a===C==a=A=a=A===d===B=a=C==e====a'
 'A==B==a=A=a=B==a=A==a===Aa=A==a=A=a==A=aa==C===a=A==a==B==b==A==c=A=b==Aa==a'
 'A=B==a=B=a==C==aA==a==A===d=A=b=a'
 'A==B==a=A===a=======D==aA======a==A==a==A====aA==c=A==c==a'
 'A====A===a===E====d==A==b====A=a=a'
 'A===A=a==B===a===A==b=======E====e=======A===a==a'
 'A=A==a==C=a=C===d======C===d==a'
 'A=B=a=B==a==A=a=A==b===A==a=A==a===A=a=A=a===C===a=A==a===B==b==A=b=A==c==Aa=a'
 'A==Ba=D=====a===A==a==A==aA=a=A==c===A==c===a'
 'A==A=a===D===c==A=a==A==a==Aa===D===aA===d========C===d===A=a==a'
 'A=A=a===B===a=B===c========E====e=======A=====a=a'
 'A==C===a==C===d====A===b==a' 'A=Aa=A=a===E==e===A=a==A==aa'
 'A=A==a===C=a=C=====c==A=a=B==d=====a' 'A=AaA=a====E===e=======A==a=a'
 'A=A=a=====E====b====B===b===B===a==A======c====B=====d=====a'
```

```
 'A====D===c=========B====c=====E====e=====D===c===A==b====a'
 'A=Aa===E===c===B===b===A==a===C==aA==a==A==c===B=a==A==d=====a'
 'B=Aa==D==d===A==a===A=a=b' 'A=A=====D=====aA=a==A===c=======A=a=A===c==a'
 'A=B==a==A==a===A====a===D====d===B==b===A==b===Aa=a'
 'A==A=a==D==c===A=a=A====a=A=a=======D==a=A===c==B==c=====A=a==C==d======a'
 'A=A=a==C==a==B=a==B====a==A=====cA=c===a'
 'AA=a===B==a=A=a===D==d=====Aa==D===e==Aa=Aa=a'
 'A====B===a===A==a===B===c=======E====e=====E===d===A==b====a'
 'A=B=a=B====c=======B==a==C===a==A==aA=b=======C==aA=====d==A=b=a'
 'A==C==a=A=a==A==b====D====b===B==bA=d======a'
 'A==C==a=B====b==B==d======E===b==B====e=========a'
 'A=B==a==B=====b====D==c=A=c===a'
 'A====D===b==A=a==A====b=====D===e====D===d==A==a=A=a==a'
 'A=Aa=A==a=A=a==A===a==A==a=A==a=A==a========E====b==B===d=====A==b=====a'
 'A=A=a===C===b====D=e=======C==a=B===d===A===a=a'
 'A=A=a==C=a=C===c===B=====d====a'
 'A===A==a==========E====b===A==b====B==a==B===c====B==a==B==c===A==b===A===b=a'
 'A======C===a==A==a==A=a====C==a=A=b=A==b=======A==c=====a'
 'A====D==aA==d====C==c========E===d====D===bA=d========a'
 'AA=a===D==c====A==a===D==a=A==d===A===b=a'
 'A=======D===b===A===a===A==a==C===aA==a=A==c=======B==d=======a'
 'A====A=a===E====d==A=a==A===b=a' 'A=A=a===E====e==A=a==A=a=a'
 'A==A===a===A=a==A=a===C===b==A=a=======D====e=====B===a==B==c===A==a====A===a=a'
 'A==C===a====C==d==A===a=A==b=a' 'A=C===a===C==d====A==aA=b=a'
 'A===D=====a==B====a==A===e====a'
 'AA=a=A==a==B=aA===b===A=a==A==a=A==a==A==a===D=====b===C===e======A==a==a'
 'A=B=a==D======a==A=b===A==a==B=====a====A===b====A======cA=b=a'
 'A=========E===e=====A==a=a'
 'A===E====a==A====a=A====b==B====c=====C===b==A====d===a'
 'A=A==a==A=a=A==a==A==a===B=====a==A==b===A=a====E====e========A==a==C===c===A==a====Aa=A=a=a'
 'A=Aa==A==a===A==a=====E===b==A=d===A==a====a'
 'A=Aa=====E=====a==A=c===C=c=======C==a==A==aA==c=======B==aA==d====a'
 'AA=======C==b=A=a====B==d=========E==aA==e====A====a=a'
 'AA=a====D======a=Aa==B=====a====A===a===Aa==A=====a===A==aA=b=A==d==a'
 'A=B=a==A=a==D===c=====B====d==a']
Predictions: test sample, test label, distance, predicted centroid label, predicted centroid
A=B=aB===a==C==a=A===d======A====b=a, 60, 10, 135, A=B==a=======D===c======C===e====a
BA=a===C==a==A=a==B==d===A=a===A=b=a, 65, 9, 89, A=A=====a=====E====e==A=a====A=a=a
AA=a===E==c===C=====e========A===a=a, 90, 10, 50, A=A=a==B===a====D===d======B==c===A=a=a
A=====D====a=====B====d===A=====b==a, 107, 9, 142, A=======D=====d======E=====e=======a
A=A=a===D===a===B===c====A=======c=a, 109, 8, 132, A======E====a====A===c==A=======c==a
Accuracy: 0.013636363636363636
```

```
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Average accuracy: 0.01181818181818182
+++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++++
```

```
Done
```

```
Results:
k, accuracy, number of unique labels, average distance
[2, 0.006363636363636363, 170.0, 17.08181818181818]
[5, 0.006818181818181818, 170.0, 15.389545454545456]
[8, 0.004090909090909091, 170.0, 14.866818181818184]
[11, 0.008636363636363636, 170.0, 14.954545454545453]
[14, 0.007727272727272727, 170.0, 14.739545454545455]
[17, 0.009545454545454546, 170.0, 14.908636363636365]
[20, 0.007272727272727273, 170.0, 13.998181818181816]
```

```
[23, 0.010454545454545456, 170.0, 13.813636363636363]
[26, 0.008636363636363636, 170.0, 13.807727272727272]
[29, 0.01090909090909091, 170.0, 13.21590909090909]
[32, 0.007272727272727273, 170.0, 13.885909090909092]
[35, 0.011818181818181818, 170.0, 13.022272727272727]
[38, 0.005909090909090909, 170.0, 13.180909090909092]
[41, 0.005, 170.0, 13.351818181818183]
[44, 0.007272727272727273, 170.0, 13.067272727272726]
[47, 0.009545454545454546, 170.0, 12.845909090909089]
[50, 0.01181818181818182, 170.0, 13.165000000000001]
[60, 0.011363636363636364, 170.0, 12.488181818181816]
[70, 0.010454545454545456, 170.0, 12.76590909090909]
[80, 0.01181818181818182, 170.0, 12.220454545454546]
[90, 0.01, 170.0, 11.986818181818183]
[100, 0.01181818181818182, 170.0, 12.005909090909089]
```