



Universidad Simón Bolívar  
Decanato de Estudios Profesionales  
Coordinación de Ingeniería de la Computación

## Título

Por:  
Antonio Álvarez

Realizado con la asesoría de:  
Emely Arráiz B.

PROYECTO DE GRADO  
Presentado ante la Ilustre Universidad Simón Bolívar  
como requisito parcial para optar al título de  
Ingeniero de Computación

Sartenejas, septiembre de 2018

## Resumen

Hola mundo

# Índice general

<b>Resumen</b>	<b>I</b>
<b>Índice de Figuras</b>	<b>IV</b>
<b>Lista de Tablas</b>	<b>V</b>
<b>Índice de algoritmos</b>	<b>VIII</b>
<b>Acrónimos y Símbolos</b>	<b>IX</b>
<b>Introducción</b>	<b>1</b>
0.1. Antecedentes . . . . .	2
0.2. Objetivo general . . . . .	2
0.3. Objetivos específicos . . . . .	2
0.4. Justificación . . . . .	3
0.5. Organización del trabajo . . . . .	3
<b>1. Marco teórico</b>	<b>4</b>
1.1. Descubrimiento de Conocimiento y preprocesamiento de datos . . . . .	4
1.2. Selección de Instancias y Selección de Prototipos . . . . .	8
1.2.1. Taxonomía del problema de selección de prototipos . . . . .	9
1.2.1.1. Dirección de búsqueda . . . . .	9
1.2.1.2. Tipo de selección . . . . .	10
1.2.1.3. Evaluación de la búsqueda . . . . .	10
1.2.2. Heurísticas . . . . .	11
1.2.2.1. Condensed Nearest Neighbor (CNN) . . . . .	11
1.2.2.2. Edited Nearest Neighbor (ENN) . . . . .	12
1.2.2.3. Relaxed Selective Subset (RSS) . . . . .	12
1.3. Metaheurísticas . . . . .	13
1.3.1. Metaheurísticas basadas en una única solución . . . . .	14
1.3.2. Metaheurísticas basadas en una población . . . . .	14
1.3.2.1. Algoritmos evolutivos . . . . .	15
1.3.2.1.1. Algoritmo Genético Generacional (GGA) . . . . .	16
1.3.2.1.2. Algoritmo Genético Estacionario (SSGA) . . . . .	17

1.3.2.1.3.	Algoritmo Memético (MA) . . . . .	17
1.3.2.1.4.	CHC Adaptative Search Algorithm . . . . .	19
<b>2.</b>	<b>Marco metodológico</b>	<b>22</b>
2.1.	Representación del cromosoma . . . . .	22
2.2.	Función objetivo . . . . .	23
2.3.	Adaptaciones de los algoritmos evolutivos . . . . .	24
2.4.	Criterios para comparar los algoritmos de selección de prototipos . . . .	26
2.5.	Conjunto de datos . . . . .	28
2.6.	Validación cruzada y estratificación . . . . .	28
2.7.	Entonación de las metaheurísticas . . . . .	31
<b>3.</b>	<b>Evaluación experimental</b>	<b>34</b>
3.1.	Diseño experimental . . . . .	34
3.2.	Resultados . . . . .	37
3.2.1.	Heurísticas . . . . .	37
3.2.2.	Metaheurísticas . . . . .	40
3.2.3.	Variaciones de las metaheurísticas . . . . .	45
3.2.3.1.	Conjuntos pequeños . . . . .	45
3.2.3.2.	Conjuntos medianos . . . . .	51
3.2.3.3.	Conjuntos Grandes . . . . .	55
	<b>Conclusiones y Recomendaciones</b>	<b>59</b>
	<b>Bibliografía</b>	<b>61</b>
<b>A.</b>	<b>Pruebas por pares <i>Wilcoxon</i></b>	<b>68</b>
<b>B.</b>	<b>Resultados de todos los conjuntos</b>	<b>74</b>

# Índice de figuras

1.1. Taxonomía para los métodos de selección de prototipos . . . . .	11
2.1. Representación de un cromosoma y su respectivo conjunto reducido . .	23
2.2. Cruce de un punto . . . . .	24
2.3. Validación cruzada . . . . .	29
2.4. Estratificación . . . . .	31
3.1. Selección de instancias de las heurísticas . . . . .	37
3.2. Boxplots de las metaheurísticas para los conjuntos pequeños . . . . .	44
3.3. Boxplots de las metaheurísticas para los conjuntos medianos . . . . .	44
3.4. <i>Accuracy</i> + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos pequeños . . . . .	49
3.5. <i>Kappa</i> + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos pequeños . . . . .	50
3.6. <i>Accuracy</i> + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos medianos . . . . .	54
3.7. <i>Kappa</i> + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos medianos . . . . .	55

# Índice de Tablas

2.1. Conjuntos de datos pequeños . . . . .	29
2.2. Conjuntos de datos medianos . . . . .	30
2.3. Conjuntos de datos grandes . . . . .	30
3.1. Parámetros usados para <i>irace</i> . . . . .	34
3.2. Rangos usados para los parámetros en la entonación . . . . .	35
3.3. Parámetros usados para los conjuntos pequeños . . . . .	35
3.4. Parámetros usados para los conjuntos medianos . . . . .	35
3.5. Parámetros usados para los conjuntos grandes . . . . .	35
3.6. Promedios de heurísticas . . . . .	38
3.7. Promedios de las metaheurísticas . . . . .	41
3.8. Promedios de las distintas variaciones de cada metaheurística para los conjuntos pequeños . . . . .	46
3.9. Promedios de las distintas variaciones de cada metaheurística para los conjuntos medianos . . . . .	51
3.10. Promedios de las distintas variaciones de cada metaheurística para los conjuntos grandes . . . . .	56
A.1. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre las metaheurísticas para conjuntos pequeños	68
A.2. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre las metaheurísticas para conjuntos pequeños	68
A.3. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre GGA y variaciones para conjuntos pequeños	69
A.4. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre SSGA y variaciones para conjuntos pequeños	69
A.5. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre MA y variaciones para conjuntos pequeños .	69
A.6. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre CHC y variaciones para conjuntos pequeños	70
A.7. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre las mejores variaciones de cada metaheurís- tica para conjuntos pequeños . . . . .	70
A.8. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre GGA y variaciones para conjuntos medianos	71
A.9. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre SSGA y variaciones para conjuntos medianos	71
A.10. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre MA y variaciones para conjuntos medianos	72
A.11. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre CHC y variaciones para conjuntos medianos	72
A.12. Pruebas de <i>Wilcoxon</i> entre las mejores variaciones de cada metaheurís- tica para conjuntos medianos . . . . .	73
B.1. Resultados de CNN para conjuntos pequeños . . . . .	74
B.2. Resultados de CNN para conjuntos medianos . . . . .	75

B.3. Resultados de CNN para conjuntos grandes . . . . .	75
B.4. Resultados de ENN para conjuntos pequeños . . . . .	76
B.5. Resultados de ENN para conjuntos medianos . . . . .	77
B.6. Resultados de ENN para conjuntos grandes . . . . .	77
B.7. Resultados de RSS para conjuntos pequeños . . . . .	78
B.8. Resultados de RSS para conjuntos medianos . . . . .	79
B.9. Resultados de RSS para conjuntos grandes . . . . .	79
B.10. Resultados de GGA para conjuntos pequeños . . . . .	80
B.11. Resultados de GGA para conjuntos medianos . . . . .	81
B.12. Resultados de GGA para conjuntos grandes . . . . .	81
B.13. Resultados de CNN-GGA para conjuntos pequeños . . . . .	82
B.14. Resultados de CNN-GGA para conjuntos medianos . . . . .	83
B.15. Resultados de CNN-GGA para conjuntos grandes . . . . .	83
B.16. Resultados de ENN-GGA para conjuntos pequeños . . . . .	84
B.17. Resultados de ENN-GGA para conjuntos medianos . . . . .	85
B.18. Resultados de ENN-GGA para conjuntos grandes . . . . .	85
B.19. Resultados de RSS-GGA para conjuntos pequeños . . . . .	86
B.20. Resultados de RSS-GGA para conjuntos medianos . . . . .	87
B.21. Resultados de RSS-GGA para conjuntos grandes . . . . .	87
B.22. Resultados de CNN-RSS-GGA para conjuntos pequeños . . . . .	88
B.23. Resultados de CNN-RSS-GGA para conjuntos medianos . . . . .	89
B.24. Resultados de CNN-RSS-GGA para conjuntos grandes . . . . .	89
B.25. Resultados de ENN-RSS-GGA para conjuntos pequeños . . . . .	90
B.26. Resultados de ENN-RSS-GGA para conjuntos medianos . . . . .	91
B.27. Resultados de ENN-RSS-GGA para conjuntos grandes . . . . .	91
B.28. Resultados de SSGA para conjuntos pequeños . . . . .	92
B.29. Resultados de SSGA para conjuntos medianos . . . . .	93
B.30. Resultados de SSGA para conjuntos grandes . . . . .	93
B.31. Resultados de CNN-SSGA para conjuntos pequeños . . . . .	94
B.32. Resultados de CNN-SSGA para conjuntos medianos . . . . .	95
B.33. Resultados de CNN-SSGA para conjuntos grandes . . . . .	95
B.34. Resultados de ENN-SSGA para conjuntos pequeños . . . . .	96
B.35. Resultados de ENN-SSGA para conjuntos medianos . . . . .	97
B.36. Resultados de ENN-SSGA para conjuntos grandes . . . . .	97
B.37. Resultados de RSS-SSGA para conjuntos pequeños . . . . .	98
B.38. Resultados de RSS-SSGA para conjuntos medianos . . . . .	99
B.39. Resultados de RSS-SSGA para conjuntos grandes . . . . .	99
B.40. Resultados de CNN-RSS-SSGA para conjuntos pequeños . . . . .	100
B.41. Resultados de CNN-RSS-SSGA para conjuntos medianos . . . . .	101
B.42. Resultados de CNN-RSS-SSGA para conjuntos grandes . . . . .	101
B.43. Resultados de ENN-RSS-SSGA para conjuntos pequeños . . . . .	102
B.44. Resultados de ENN-RSS-SSGA para conjuntos medianos . . . . .	103
B.45. Resultados de ENN-RSS-SSGA para conjuntos grandes . . . . .	103

B.46.Resultados de MA para conjuntos pequeños . . . . .	104
B.47.Resultados de MA para conjuntos medianos . . . . .	105
B.48.Resultados de MA para conjuntos grandes . . . . .	105
B.49.Resultados de CNN-MA para conjuntos pequeños . . . . .	106
B.50.Resultados de CNN-MA para conjuntos medianos . . . . .	107
B.51.Resultados de CNN-MA para conjuntos grandes . . . . .	107
B.52.Resultados de ENN-MA para conjuntos pequeños . . . . .	108
B.53.Resultados de ENN-MA para conjuntos medianos . . . . .	109
B.54.Resultados de ENN-MA para conjuntos grandes . . . . .	109
B.55.Resultados de RSS-MA para conjuntos pequeños . . . . .	110
B.56.Resultados de RSS-MA para conjuntos medianos . . . . .	111
B.57.Resultados de RSS-MA para conjuntos grandes . . . . .	111
B.58.Resultados de CNN-RSS-MA para conjuntos pequeños . . . . .	112
B.59.Resultados de CNN-RSS-MA para conjuntos medianos . . . . .	113
B.60.Resultados de CNN-RSS-MA para conjuntos grandes . . . . .	113
B.61.Resultados de ENN-RSS-MA para conjuntos pequeños . . . . .	114
B.62.Resultados de ENN-RSS-MA para conjuntos medianos . . . . .	115
B.63.Resultados de ENN-RSS-MA para conjuntos grandes . . . . .	115
B.64.Resultados de CHC para conjuntos pequeños . . . . .	116
B.65.Resultados de CHC para conjuntos medianos . . . . .	117
B.66.Resultados de CHC para conjuntos grandes . . . . .	117
B.67.Resultados de CNN-CHC para conjuntos pequeños . . . . .	118
B.68.Resultados de CNN-CHC para conjuntos medianos . . . . .	119
B.69.Resultados de CNN-CHC para conjuntos grandes . . . . .	119
B.70.Resultados de ENN-CHC para conjuntos pequeños . . . . .	120
B.71.Resultados de ENN-CHC para conjuntos medianos . . . . .	121
B.72.Resultados de ENN-CHC para conjuntos grandes . . . . .	121
B.73.Resultados de RSS-CHC para conjuntos pequeños . . . . .	122
B.74.Resultados de RSS-CHC para conjuntos medianos . . . . .	123
B.75.Resultados de RSS-CHC para conjuntos grandes . . . . .	123
B.76.Resultados de CNN-RSS-CHC para conjuntos pequeños . . . . .	124
B.77.Resultados de CNN-RSS-CHC para conjuntos medianos . . . . .	125
B.78.Resultados de CNN-RSS-CHC para conjuntos grandes . . . . .	125
B.79.Resultados de ENN-RSS-CHC para conjuntos pequeños . . . . .	126
B.80.Resultados de ENN-RSS-CHC para conjuntos medianos . . . . .	127
B.81.Resultados de ENN-RSS-CHC para conjuntos grandes . . . . .	127



# Índice de algoritmos

1.1. CNN . . . . .	12
1.2. ENN . . . . .	12
1.3. RSS . . . . .	13
1.4. Algoritmo Genético Generacional . . . . .	17
1.5. Algoritmo Genético Estacionario . . . . .	18
1.6. Algoritmo Memético Estacionario . . . . .	18
1.7. CHC . . . . .	20
1.8. Recombinar . . . . .	20
1.9. Reinicializar . . . . .	21
2.1. Meme . . . . .	27
2.2. IRACE . . . . .	32

# Acrónimos y Símbolos

<b>KDD</b>	Knowledge Discovery in Databases
<b>DM</b>	Data Mining
<b>IS</b>	Instance Selection
<b>PS</b>	Prototype Selection
<b>NN</b>	Nearest Neighbor
<b>NE</b>	Nearest Enemy
<b>CNN</b>	Condensed Nearest Neighbor
<b>ENN</b>	Edited Nearest Neighbor
<b>RSS</b>	Relaxed Selective Subset
<b>GGA</b>	Generational Genetic Algorithm
<b>SSGA</b>	Steady-State Genetic Algorithm
<b>CHC</b>	CHC Adaptive Search Algorithm
<b>MA</b>	Memetic Algorithm

---

$\in$	Relación de pertenencia, « <i>es un elemento de</i> »
$\subseteq$	Subconjunto
$\setminus$	Diferencia de conjuntos

# Introducción

En los últimos años ha crecido la cantidad de información generada con las computadoras, producto de procesos industriales, administrativos, científicos y sociales. Con la gran cantidad de información que se procesa en la actualidad, nace la disciplina conocida como *Descubrimiento de Conocimiento en Bases de Datos* (KDD por sus siglas en inglés) que busca transformar esa información en conocimiento útil para distintas áreas de aplicación [HPK11]. Entre las tareas de KDD se encuentra el preprocesamiento de datos, el cual busca preparar la información para ser usada por algoritmos de minería de datos.

Entre los métodos de preprocesamiento de datos se encuentra la selección de prototipos, proceso que consta en elegir un subconjunto de las instancias originales que mantenga la capacidad de representación del conjunto original [GLH16]. Esta tarea se puede ver como un proceso de optimización, para lo cual se han planteado una serie de heurísticas como *Condensed Nearest Neighbor* (CNN) [Har68], *Edited Nearest Neighbor* (ENN) [Wil72] y *Relaxed Selective Subset* (RSS) [FM17]; en la que cada heurística plantea un esquema de reducción acorde a una idea sobre cuáles son los puntos más importantes a preservar. Por otra parte, se pueden usar metaheurísticas de propósito general para conseguir una solución aproximada a la óptima del problema.

En este trabajo se implementaron algunas metaheurísticas que entran dentro de la clasificación de algoritmos evolutivos: *Generational Genetic Algorithm* (GGA) [Hol75], *Steady State Genetic Algorithm* (SSGA) [Tal09], *Memetic Algorithm* (MA) [NC12] y *Adaptative Search Algorithm* (CHC) [Esh91].

## 0.1. Antecedentes

El uso de metaheurísticas para resolver el problema de selección de prototipos no es nuevo, ya que trabajos como los realizados por *Czarnowski, I. & Jędrzejowicz, P* en [CJ11], donde usan *Simulated Annealing*; *Cerverón, V. & Ferri, F.* en [CF01], los cuales usan una variación de Búsqueda Tabú; *Anwar, I. et al.* en [ASA15b, ASA15a] quienes utilizan colonia de hormigas; *Ahmad, S. & Pedrycz, W* en [AP11], quienes adaptan *Particle Swarm Optimization*; *Sierra, B. et al.* en [SLI<sup>+</sup>01] por su parte, optan por utilizar algoritmos de estimación de distribución o *Wang, J. et al.* en [WXGZ16] que usan *Differential Evolution*.

## 0.2. Objetivo general

Evaluar si el uso de las heurísticas CNN, ENN y RSS para construir la población inicial de los algoritmos evolutivos GGA, SSGA, MA y CHC mejoran el desempeño de estos últimos.

## 0.3. Objetivos específicos

- Determinar cuál es la mejor combinación entre heurísticas y metaheurísticas para los conjuntos de datos pequeños.
- Determinar cuál es la mejor combinación entre heurísticas y metaheurísticas para los conjuntos de datos medianos.
- Determinar cuál es la mejor combinación entre heurísticas y metaheurísticas para los conjuntos de datos grandes.

Para lograr el objetivo principal y los objetivos específicos se procede a combinar cada una de las tres heurísticas con cada una de las cuatro metaheurísticas y se comparan a través de parámetros seleccionados para medir su mejoría sobre varios conjuntos de datos.

## 0.4. Justificación

El presente trabajo cobra importancia porque el tiempo de cómputo de los algoritmos de minería de datos se ha expandido, producto del crecimiento de la información almacenada en las bases de datos; por lo que, se necesita reducir la cantidad de datos, manteniendo o mejorando la calidad de representación de los mismos, con el fin de mejorar el desempeño de los algoritmos.

Este trabajo es novedoso al combinar heurísticas para el problema de selección de prototipos con metaheurísticas de propósito general, intentando mejorar el desempeño de estas últimas. Se eligen GGA, SSGA, MA y CHC por pertenecer a la familia de algoritmos evolutivos, los cuales han mostrado ser exitosos en la resolución de problemas de distintas índoles [HPK11]. Al usar CNN, ENN y RSS junto a estas metaheurísticas se espera obtener la mejor combinación que permita solucionar el problema de selección de prototipos, tanto para conjuntos pequeños, como para conjuntos medianos y grandes.

## 0.5. Organización del trabajo

Este trabajo está organizado en tres capítulos, donde el primero es el marco teórico e introduce toda la información referente a KDD, preprocesamiento de datos, el problema de selección de instancias, las heurísticas y las metaheurísticas utilizadas; el segundo capítulo es el marco metodológico donde se explican las adaptaciones particulares hechas a cada metaheurística, el proceso de validación cruzada, la estratificación, las métricas con las que se evalúan las metaheurísticas, el entonador usado para configurar los distintos métodos, la representación del problema y la función objetivo utilizada; el tercer capítulo presenta los detalles del experimento realizado y muestra los resultados obtenidos; finalmente se cierra el trabajo con las conclusiones y recomendaciones.

# Capítulo 1

## Marco teórico

### 1.1. Descubrimiento de Conocimiento y preprocesamiento de datos

Hoy en día existe una creciente necesidad de procesar grandes volúmenes de datos, estos datos son producto de la recolección de información de procesos y actividades de distintas índoles y se vuelven un material valioso para extraer información sobre posibles tendencias que puedan existir en dichos procesos [HPK11]. Es aquí donde entra el *Descubrimiento de Conocimiento en Bases de Datos* (KDD por su siglas en inglés) como disciplina encargada del procesamiento de datos para la extracción de información.

KDD es definida por *Smyth, P. et al.* [FSS96] como “el proceso no trivial de identificar patrones en los datos que sean válidos, novedosos, potencialmente útiles y finalmente entendibles”. Para este fin, KDD se subdivide en distintas etapas a llevar a cabo para lograr el fin último de identificar patrones, éstas son [GLH16]: especificación del problema, entendimiento del problema, preprocesamiento de los datos, minería de datos, evaluación de los resultados y explotación de los resultados. En el presente trabajo de investigación es de especial interés la etapa de preprocesamiento de datos.

El preprocesamiento de datos consiste en el conjunto actividades destinadas a preparar los datos para ser usado por un Algoritmo de Minería de Datos (DM por sus

siglas en inglés). Las actividades realizadas en el preprocesamiento pueden ser clasificadas como actividades para la preparación de los datos y la reducción de los mismos [GLH16].

La preparación de datos es un paso obligatorio en el preprocesamiento, ya que transforma los datos, que inicialmente no se pueden utilizar con el algoritmo de DM por asuntos como la presencia de atributos faltantes en instancias, datos erróneos y atributos con formatos no aceptables para el algoritmo a utilizar [GLH16]. Dependiendo del enfoque dado, estas actividades pueden clasificarse en los siguientes parámetros:

- **Limpieza de datos [GLH16, KCH<sup>+</sup>03]:** incluye el tratamiento de los atributos faltantes y los datos erróneos, que si se dejan sin tratar resulta en un modelo de minería de datos poco confiable. Un atributo faltante en una instancia ocurre como consecuencia de no haberse introducido al momento del registro o bien por la pérdida en el proceso de almacenamiento. Los datos con atributos faltantes pueden tratarse de tres maneras [FKP07]: la eliminación de las instancias que presenten el problema, utilizar métodos de estimación de máxima verosimilitud para calcular promedios y varianzas y utilizar algoritmos del repertorio de *machine learning* como k-nn, k-means o *Support Vector Machine* para estimar el valor de los atributos faltantes.

Por su parte, los datos erróneos (también conocidos como “datos ruidosos”) pueden venir de dos formas [CAB11]: se llama “ruido de clase” cuando la instancia está mal clasificada y “ruido de atributo” cuando uno o más valores de los atributos en una instancia están distorsionados y no representan la realidad. Para tratar los datos ruidosos se pueden usar tres métodos: construir algoritmos de DM que no se vean afectados en cierta medida ante el ruido (sean robustos), pulir los datos [Ten99] de tal manera que se corrijan los errores y por último se puede identificar los datos ruidosos para eliminarlos del conjunto y así quedarse sólo con datos correctos [BF99].

- **Transformación de datos [GLH16]:** se centra en aplicar fórmulas matemáticas a los valores de los atributos para así obtener valores sintéticos que puedan proporcionar más información respecto a la instancia y al conjunto que pertenecen, las transformaciones más comunes son la lineal y la cuadrática.

- **Integración de los datos [GLH16, BLN86]:** consiste en la unión de los conjuntos de datos provenientes de distintas fuentes en un único conjunto. La integración tiene que tomar en cuenta algunos aspectos que se pueden presentar durante el proceso, entre ellos están la redundancia de atributos, la cual sucede cuando dos atributos están fuertemente correlacionados. La redundancia de atributos puede traer consigo un *sobre ajuste* (*overfitting* en inglés) de los modelos predictivos, además de aumentar el tiempo de cómputo de los mismos, es por eso que se debe eliminar la redundancia y para ello se utiliza una prueba de correlación  $\chi^2$  con el fin de identificar los atributos redundantes y así decidir con cual quedarse.

Al continuar con los problemas que se pueden presentar al momento de la integración, se tiene también la duplicación de instancias, problema que normalmente trae consigo la inconsistencia en los valores de los atributos, debido a las diferencias con las que se registran los valores. Para solucionar este asunto, primero se tiene que identificar las instancias duplicadas usando técnicas que midan la similitud entre ellas, como la propuesta de *Fellegi, I. & Sunter, A.* [FS69] que lo modela como un problema de inferencia bayesiana o como en [CKLS01] donde se usan árboles de clasificación y regresión (CART por sus siglas en inglés) para cumplir este trabajo.

- **Normalización de datos [GLH16]:** busca cambiar la distribución de los datos originales de tal manera que se acoplen a las necesidades de los algoritmos predictivos. Dos de los tipos de normalización más usadas son la normalización min-max y la normalización *z-score*.

A pasar a la reducción de los datos, se tiene que engloba todas las técnicas que reducen el conjunto de datos original para obtener uno representativo con el cual trabajar en los modelos predictivos. La reducción de datos cobra especial importancia cuando se tienen conjuntos muy grandes que tienden a elevar en gran medida el tiempo de cómputo de los algoritmos que los van a usar. Las técnicas de reducción de datos son [GLH16]:

- **Discretización de datos [GLH16, GLS<sup>+</sup>13]:** es el proceso de transformar datos numéricos en datos categóricos, al definir un número finito de intervalos



que representan rangos entre distintos valores consecutivos con el fin de poder tratarlos como valores nominales. Es de especial importancia conseguir el número correcto de intervalos que mantengan la información original de los datos, ya que muy pocos intervalos puede llegar a ocultar la relación existente entre un rango en específico y una clase dada y muchos intervalos puede llevar a un sobre ajuste [CPSK07]. El principal atractivo de la discretización es que permite utilizar un algoritmo de DM que trabaje principalmente con datos nominales como *Naïve Bayes* [YW09] a partir de datos numéricos. Para un estudio más completo de la discretización se referencia a [GLS<sup>+</sup>13].

- **Selección de características [GLH16, LM12]:** busca eliminar atributos que sean redundantes o irrelevantes de tal manera que el subconjunto de características restantes mantenga la distribución original de las clases. El proceso de selección de características tiene ventajas, como mantener e incluso mejorar la precisión de los modelos predictivos, reducir los tiempos de cómputo y reducir la complejidad de los modelos resultantes. La búsqueda de un subconjunto de atributos puede realizarse de tres maneras: búsqueda exhaustiva, búsqueda heurística y métodos no determinísticos. La búsqueda exhaustiva cubre todo el espacio de soluciones, normalmente prueban todas las combinaciones posibles de atributos para conseguir el que mejor se acople a la métrica a optimizar, entre los métodos exhaustivos están *Focus* [AD91], *Automatic Branch & Bound* [LMD98], *Best First Search* [XYC88], entre otros. Por su parte, la búsqueda heurística encuentra una solución aproximada a la óptima en poco tiempo, entre sus métodos están los propuestos en [DL97, KS96, Bat94]. Por último, están los métodos no determinísticos, de entre los que destacan las metaheurísticas evolutivas, recocido simulado y *Las Vegas Filter* [LS<sup>+</sup>96].
- **Selección de instancias [GLH16]:** consiste en elegir un subconjunto de las instancias totales que mantengan las características del conjunto original. Este es el problema desarrollado en esta investigación y se elabora más sobre el mismo en la siguiente sección.

## 1.2. Selección de Instancias y Selección de Prototipos

La Selección de Instancias (IS por sus siglas en inglés) consiste en reducir el conjunto de datos dado a un conjunto reducido que conserve las capacidades de representación del conjunto original, para ser utilizado con un algoritmo de clasificación o regresión, que mantenga el desempeño del algoritmo como si se usara el conjunto original.

**Definición 1.** Dado un conjunto de datos  $X$ , se tiene que una instancia  $X_i = (X_i^1, X_i^2, \dots, X_i^p)$  donde  $X_i^j$  es el atributo  $j$  para la instancia  $X_i$  con  $X_i \in X$  y  $p$  es el número de atributos. La instancia  $X_i$  es de clase  $Y_j$  donde  $Y_j \in Y$ ,  $Y$  es el conjunto de todas las clases definidas con  $j \in (1 \dots q)$  donde  $q$  es el número de clases totales. A continuación, se divide el conjunto  $X$  en un conjunto  $TR$  de entrenamiento y un conjunto  $TS$  de prueba. El problema de **Selección de Instancias** consiste en conseguir un conjunto reducido  $S \subseteq TR$  con el cual, al usarse con el clasificador  $M$  se mantenga o mejore la capacidad de representación del conjunto original [GLH16].

La respuesta óptima de un método de selección de instancias es un conjunto *consistente* y de cardinalidad mínima.

**Definición 2.** Un conjunto  $R$  es **consistente** con  $T$ , *si y solo si* toda instancia  $t \in T$  es clasificada correctamente mediante el uso de un clasificador  $M$  y las instancias en  $R$  como conjunto de entrenamiento. [Ale14]

Sin embargo, conseguir la respuesta óptima es un problema NP-Duro (*NP-Hard*) como lo demuestra Zukhba, A. en [Zuk10]. Por lo tanto, la mayoría de los métodos propuestos hasta la fecha se enfocan en obtener una solución aproximada.

El problema de selección de instancias se puede enfocar como un problema de selección de prototipos (PS por sus siglas en inglés). PS es en esencia IS con el detalle de que el clasificador  $M$  usado es un clasificador “1 Vecino Más Cercano” (1-NN por sus siglas en inglés) [GLH16].

### 1.2.1. Taxonomía del problema de selección de prototipos

En la presente investigación se toman las propuestas taxonómicas de *García, S. et al.* en [GDCH12]. Este procedimiento de clasificación permite agrupar los métodos según distintos criterios: si el método de selección parte de un conjunto vacío o del conjunto original; si usan un esquema de validación cruzada o no o si las instancias preservadas son las más cercanas a los límites entre clases o son las instancias centrales. Esta taxonomía se utiliza para hacer la elección de las heurísticas a utilizar, de tal manera que sean distintas entre sí y así poder estudiar los diferentes comportamientos al combinarlas con metaheurísticas.

#### 1.2.1.1. Dirección de búsqueda

- **Incremental:** se empieza con un conjunto vacío  $S$  y se añaden instancias de  $TR$  si cumple con cierto criterio. El orden de presentación de las instancias puede llegar a afectar el resultado final para muchos algoritmos, por eso se acostumbra a presentar los datos de manera aleatoria. Una búsqueda incremental tiene la ventaja de que se pueden agregar instancias una vez finalizado un proceso de selección inicial, aspecto característico lo hace bastante atractivo para el aprendizaje continuo
- **Decremental:** la búsqueda empieza con  $S = TR$  y se seleccionan instancias para remover de  $S$ . El orden de presentación todavía es importante, pero a diferencia de los métodos incrementales, se tiene todo el conjunto desde el inicio. Los algoritmos decrementales tienden a presentar un mayor costo computacional que los incrementales.
- **Por lote:** se elige un grupo y se evalúan todos los elementos del mismo para su eliminación, los que no pasen la prueba seleccionada son desechados. El proceso se repite con distintos lotes hasta terminar.
- **Mixto:**  $S$  empieza como un subconjunto preseleccionado (puede ser de manera aleatoria o usando un proceso incremental/decremental) e iterativamente puede añadir o remover instancias que cumplan con criterios en específico.

- **Fijo:** el número final de instancias en  $S$  se fija al principio de la fase de aprendizaje y se aplica una búsqueda mixta hasta cumplir con dicha cuota.

#### 1.2.1.2. Tipo de selección

- **Condensación:** se busca mantener los puntos bordes (aquellos que están cerca de las fronteras entre las clases). El razonamiento es que son los puntos bordes los que realmente determinan las fronteras, ya que son más útiles al momento de clasificar una nueva instancia. Estos métodos tienden a reducir bastante el conjunto original ya que hay menos puntos bordes que interiores.
- **Edición:** los métodos de edición en cambio buscan remover los puntos bordes, con lo que se suavizan las fronteras bajo la idea de que es el lugar donde se concentran la mayor cantidad de puntos ruidosos. Tienden a disminuir en menor medida el conjunto  $TR$  en comparación a los métodos de condensación.
- **Híbridos:** su principal objetivo es mantener la precisión del clasificador al usar un conjunto lo más reducido posible. Para esto eliminan tanto puntos internos como los ruidosos en el borde, al tomar las ideas principales de los métodos de condensación y edición.

#### 1.2.1.3. Evaluación de la búsqueda

- **Filtro:** son los métodos que no usan esquema de validación cruzada (se explica este esquema en el siguiente capítulo). Se caracterizan por conseguir resultados rápidamente.
- **Envolventes:** usan todo el conjunto  $TR$  en un proceso de validación cruzada. Son métodos más costosos que los filtros, pero tienden a obtener una precisión mayor al momento de generalizar al usar un algoritmo de  $DM$ .

A continuación se presenta en la la figura 1.1 la clasificación que se le puede dar a los algoritmos. Para un estudio más extenso sobre los distintos algoritmos se recomienda leer [GLH16]

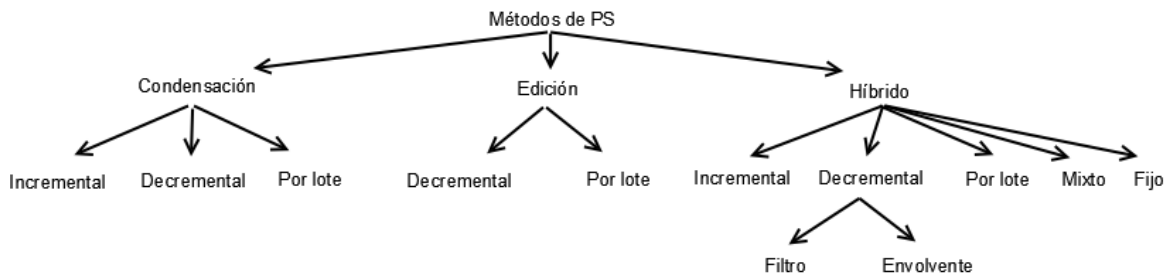


FIGURA 1.1: Taxonomía para los métodos de selección de prototipos

### 1.2.2. Heurísticas

En esta sección se exponen las heurísticas utilizadas en este trabajo. De acuerdo con *Pearl, J.* en [Pea84]: “Una heurística es un criterio, método o principio para decidir cual, de entre varias alternativas de acciones a seguir, promete ser la más efectiva para alcanzar un objetivo”. Para el caso de PS, dicho objetivo es alcanzar un buen aproximado al conjunto de cardinalidad mínima y máxima precisión en la clasificación.

#### 1.2.2.1. Condensed Nearest Neighbor (CNN)

Propuesto inicialmente por *Hart, P.* en [Har68], CNN es un método de condensación incremental. El conjunto  $S$  se construye de tal manera que cada elemento de TR está más cerca de un miembro de  $S$  de la misma clase que un miembro de  $S$  de clase distinta. El algoritmo empieza con la selección de una instancia aleatoria  $s$  y se coloca en  $S$  (inicialmente vacío), acto seguido se empieza a clasificar las instancias de TR sólo usando las instancias pertenecientes  $S$ ; si una instancia es clasificada incorrectamente, se agrega a  $S$ , lo que asegura así que en la siguiente vuelta sea clasificada correctamente. Una vez aumentado  $S$  se vuelve a probar cada instancia de TR y se agregan las que sean mal clasificadas. El proceso se repite hasta que no existan instancias en TR que se encuentren mal clasificadas. CNN se presenta en el algoritmo 1.1.

---

**Algoritmo 1.1** CNN

---

**Input:**  $TR$  conjunto de entrenamiento**Output:** Conjunto reducido  $S$ ,  $S \subseteq TR$ 

```

1:  $S \leftarrow \{\text{Una instancia cualquiera } t \in TR\}$ 
2: repeat
3:    $S' \leftarrow S$ 
4:   for all  $t \in TR$  do
5:     if  $t$  es mal clasificada usando  $S$  con un clasificador 1-NN then
6:        $S \leftarrow S \cup \{t\}$ 
7: until  $S = S'$ 
8: return  $S$ 

```

---

**1.2.2.2. Edited Nearest Neighbor (ENN)**

Propuesto por *Wilson, D.* en [Wil72], ENN es un método de edición decremental. Empieza con  $S = TR$  y se itera sobre las instancias de  $S$ , de modo que se remueven aquellas que no concuerdan con la clase de su vecino más cercano. ENN se presenta en el algoritmo 1.2.

---

**Algoritmo 1.2** ENN

---

**Input:**  $TR$  conjunto de entrenamiento**Output:**  $S$  conjunto reducido

```

1:  $S \leftarrow TR$ 
2: for  $s \in S$  do
3:   if la clase de  $s$  es distinta a la clase de su vecino más cercano then
4:     Se elimina  $s$  de  $S$ 
5: return  $S$ 

```

---

**1.2.2.3. Relaxed Selective Subset (RSS)**

Al observar la propuesta de *Flores, A. & Mount, D.* en [FM17] que se tiene de RSS, se comprende que es un algoritmo híbrido incremental con la particularidad de que no es sensible al orden de presentación de las instancias, porque realiza un ordenamiento inicial de las mismas. El método al principio ordena las instancias según la distancia que tengan a su enemigo más cercano (la instancia más cercana con clase distinta) de manera incremental (de la distancia más corta a la más larga). Luego, al empezar con un conjunto  $S$  vacío, se presentan las instancias y se agrega a  $S$  aquellas

para las cuales no exista una instancia  $s \in S$  que esté a una distancia menor que la distancia que tiene  $s$  a su enemigo más cercano. Sea  $d_{NE}(p)$  la distancia de la instancia  $p$  a su enemigo más cercano y sea  $d(p_i, s)$  la distancia de una instancia  $p_i$  a un punto  $s$ . Rss se presenta en el algoritmo 1.3.

---

**Algoritmo 1.3** RSS
 

---

**Input:** TR conjunto de entrenamiento

**Output:** S conjunto reducido

- 1:  $S \leftarrow \emptyset$
  - 2: Sea  $\{p_i\}_{i=1}^n$  los puntos en TR ordenados de manera ascendente respecto a  $d_{NE}(p_i)$
  - 3: **for all**  $p_i \in TR$  **do**
  - 4:     **if**  $\neg \exists s \in S$  tal que  $d(p_i, s) < d_{NE}(s)$  **then**
  - 5:          $S \leftarrow S \cup \{p_i\}$
  - 6: **return** S
- 

### 1.3. Metheurísticas

Las metaheurísticas son una familia de algoritmos aproximados de propósito general y no determinístico; consistentes en procedimientos iterativos que guían una heurística subordinada. Al momento de diseñar una metaheurística se debe tomar en cuenta dos conceptos: intensificación y diversificación [Tal09]. En un proceso de intensificación, las regiones en el espacio de soluciones prometedoras son revisadas con la esperanza de conseguir mejores soluciones. En un proceso de diversificación, las regiones no exploradas son visitadas para poder abarcar distintos lugares en el espacio de soluciones y así evitar que la exploración se estanque en una región específica. Las metaheurísticas se pueden clasificar como metaheurísticas basadas en una única solución o metaheurísticas basadas en una población [Tal09]. Para estudiar los distintos métodos, primero se necesita definir una serie de conceptos que son comunes para todos:

**Definición 3.** La **representación del problema** es la manera de codificar las soluciones pertenecientes al espacio de soluciones. Entonces, debe estar acorde con el problema de manera que cumpla con las siguientes características: debe ser completo, es decir, todas las soluciones deben poder ser codificadas; debe ser conexo, lo que se

traduce a que debe haber un camino entre dos cualesquiera soluciones y por último, debe ser eficiente, de tal manera que la manipulación por los operadores de búsqueda tenga un costo en tiempo y espacio razonable [Tal09].

**Definición 4.** La **función objetivo** (también conocida como *función de adaptabilidad o de utilidad*)  $\mathcal{F}$  asocia a cada solución un valor real que mide la calidad de la solución:  $\mathcal{F} : S \rightarrow \mathbb{R}$ , donde  $s$  contenida en  $S$  pertenece al espacio de soluciones. Con la función objetivo se guía la búsqueda hacia “buenas” soluciones [Tal09].

**Definición 5.** La **vecindad** es el conjunto de soluciones cercanas a  $s$ . Se obtienen al realizar un pequeño cambio a  $s$  a través de un operador de perturbación [Tal09].

### 1.3.1. Metaheurísticas basadas en una única solución

También conocidas como *metaheurísticas de trayectoria*, se centran en mejorar una solución que cambia a lo largo del curso del algoritmo; se puede ver como trayectorias de búsqueda en el espacio de soluciones. Estas trayectorias son trazadas por procesos iterativos que se mueven de una solución a otra según el criterio de aceptación particular de la metaheurística utilizada. Esta clase de metaheurísticas se enfocan principalmente en la explotación del espacio de soluciones. Entre ellas se encuentra la *Búsqueda Local* [Tal09, AL03], el *Recocido Simulado* [Tal09, KGV83], la *Búsqueda Tabú* [Tal09, Glo89], *Búsqueda Local Iterada* (ILS) [LMS03], *Búsqueda de Vecindad Variable* (VNS) [MH97], *Búsqueda Local Guiada* (GLS) [Vou98], *GRASP* [FR95], entre otros. De especial importancia está la *Búsqueda Local*, la cual juega un papel importante en la mayoría de las metaheurísticas de trayectoria y en algunas metaheurísticas poblacionales:

### 1.3.2. Metaheurísticas basadas en una población

Estas metaheurísticas empiezan con una población inicial de soluciones, que puede ser elegida de manera aleatoria o con heurísticas, e iterativamente generan nuevas



soluciones que pueden llegar a suplantarse los de la población actual según un criterio de selección. El proceso de generación y selección se repite hasta que se cumpla un criterio de parada, el cual puede ser un número de iteraciones fijas o hasta que la población converga a una región sin mejoras. Dichos procesos de generación y selección pueden ser sin memoria, es decir, sólo dependen de la población actual, como el caso de los algoritmos genéticos tradicionales o pueden ser con memoria y usar información adquirida durante el proceso de búsqueda para dirigir la generación y selección a mejores resultados.[Tal09].

Entre las metaheurísticas basadas en una población se encuentran: *Scatter Search* [Tal09, Glo77], *Colonia de Hormigas* [Tal09, Dor92], *Optimización de Enjambre de Partículas* [Tal09, ESK01], *Algoritmos de Estimación de Distribución* [Tal09, LLIB06], *Evolución Diferencial* [Tal09, PSL06], *Algoritmos evolutivos* [Tal09], entre otros.

### 1.3.2.1. Algoritmos evolutivos

Los algoritmos evolutivos están basados en la competencia entre individuos de una población llamados cromosomas; la población se inicializa con cromosomas elegidos aleatoriamente. Una vez obtenida la población inicial y dada una función objetivo, se evalúa cuán bueno es cada cromosoma y con esta información se decide por medio de un proceso de selección cuáles serán los cromosomas que se van a cruzar, lo que da como resultado uno o más hijos que comparten características de sus padres. Luego del cruce, viene la mutación de los nuevos cromosomas con un operador definido que perturba ligeramente al cromosoma. Por último, viene un proceso de reemplazo donde se decide si los hijos suplantaron algún elemento de la población (esquema estacionario) o si se construye una nueva población con los hijos que va a suplantarse totalmente a sus padres (esquema generacional) [Tal09].

El diseño de un algoritmo evolutivo viene dado con la toma de decisiones respecto a algunos componentes. Algunos comunes a todas las metaheurísticas como la representación del problema, el cual puede ser un vector de valores binarios, enteros, reales, una permutación, entre otros o la elección de una función objetivo que evalúe cuán buena es un cromosoma y el criterio de parada. Por otro lado, hay unos componentes

que son propios de los algoritmos evolutivos como el criterio de selección de cromosomas para reproducirse, el operador de cruce, el operador de mutación y la estrategia de reemplazo.

Entonces, los algoritmos evolutivos elegidos en esta investigación son: el *Algoritmo Genético Generacional* (GGA), el *Algoritmo Genético Estacionario* (SSGA), el *Algoritmo Memético* MA y *CHC Adaptive Search Algorithm*. MA y CHC se eligieron porque han presentado buenos resultados para el problema de Selección de Prototipos en los trabajos de *Cano, J. et al.* [GDCH12, GCH08] y se eligieron GGA y SSGA por ser las primeras metaheurísticas que se desarrollaron dentro de la clasificación de algoritmos evolutivos; además de ser las metaheurísticas más simples dentro de toda la familia. Con estas elecciones se busca estudiar las diferencias presentes al momento de cruzar las heurísticas con las metaheurísticas que presentan herramientas para derivar información útil del espacio de soluciones, como es el caso de MA y CHC, de aquellas que no poseen los recursos para hacer una búsqueda inteligente, como es el caso de GGA y SSGA.

#### 1.3.2.1.1 Algoritmo Genético Generacional (GGA)

El Algoritmo Genético Generacional (*Generational Genetic Algorithm* en inglés), es el esquema tradicional de algoritmos genéticos; los algoritmos genéticos fueron desarrollados por *Holland, H.* en [Hol75]. La versión generacional usa una estrategia de reemplazo en la que se genera una generación nueva de hijos en cada ciclo del algoritmo que suplanta a la generación anterior. El algoritmo comienza con una población inicial aleatoria y crea progresivamente poblaciones nuevas en cada generación hasta que se cumpla una condición de parada. En medio del proceso actúa un operador de cruce que mezcla los cromosomas seleccionados como padres y una operación de mutación que modifica algunos cromosomas de la nueva generación. GGA se presenta en el algoritmo 1.4 [Ale14].

---

**Algoritmo 1.4** Algoritmo Genético Generacional

---

**Input:** `pop` tamaño de la población, `cp` probabilidad de cruce, `mp` probabilidad de mutación

**Output:** La solución al problema

```

1:  $P \leftarrow$  Generar población aleatoria de pop cromosomas
2:  $s^* \leftarrow$  el mejor individuo en  $P$ 
3: while  $\neg$  Condición de parada do
4:    $P' \leftarrow \emptyset$ 
5:   while  $|P'| < \text{pop}$  do
6:      $p_1 \leftarrow$  Seleccionar un cromosoma en  $P$ 
7:      $p_2 \leftarrow$  Seleccionar un cromosoma en  $P$ 
8:      $c_1, c_2 \leftarrow$  recombinar  $p_1$  y  $p_2$  con probabilidad cp
9:     Mutar  $c_1$  y  $c_2$  con probabilidad mp
10:     $P' \leftarrow P' \cup \{c_1, c_2\}$ 
11:   $P \leftarrow P'$ 
12:  if El mejor cromosoma en  $P$  es mejor que  $s^*$  then
13:     $s^* \leftarrow$  el mejor cromosoma en  $P$ 
14: return  $s^*$ 

```

---

**1.3.2.1.2 Algoritmo Genético Estacionario (SSGA)**

El Algoritmo Genético Estacionario (*Steady State Genetic Algorithm* en inglés), es otra variación de los algoritmos genéticos. En este caso, la estrategia de reemplazo consiste en generar uno o dos hijos por iteración y decidir al momento si va a suplantarse algún elemento de la población; puede suplantarse a uno de los padres si es mejor que uno de ellos o puede suplantarse al peor elemento de la población. Al igual que GGA, se tiene que definir un operador de mutación y cruce. SSGA se presenta en el algoritmo 1.5 [Ale14].

**1.3.2.1.3 Algoritmo Memético (MA)**

El Algoritmo Memético (*Memetic Algorithm* en inglés), es un algoritmo evolutivo basado en los algoritmos genéticos que tiene la peculiaridad de tener un proceso de optimización interno llamado “meme”, el cual es aplicado a todos o algunos cromosomas de la población en cada iteración; el meme más común es una búsqueda local [NC12]. El esquema clásico se basa en los GGA y primero genera una población nueva con los cruces y mutaciones propios de un GGA, para luego pasar a una fase de

---

**Algoritmo 1.5** Algoritmo Genético Estacionario

---

**Input:** `pop` tamaño de la población, `cp` probabilidad de cruce, `mp` probabilidad de mutación

**Output:** La solución al problema

- 1:  $P \leftarrow$  Generar población aleatoria de `pop` cromosomas
  - 2:  $s^* \leftarrow$  el *mejor* cromosoma en  $P$
  - 3: **while**  $\neg$  Condición de parada **do**
  - 4:    $p_1 \leftarrow$  Seleccionar un cromosoma en  $P$
  - 5:    $p_2 \leftarrow$  Seleccionar un cromosoma en  $P$
  - 6:    $c_1, c_2 \leftarrow$  recombinar  $p_1$  y  $p_2$  con probabilidad `cp`
  - 7:   Mutar  $c_1$  y  $c_2$  con probabilidad `mp`
  - 8:   Seguir algún criterio de reemplazo de cromosomas en  $P$  por  $c_1$  y  $c_2$
  - 9:   **if** El *mejor* cromosoma en  $P$  es *mejor* que  $s^*$  **then**
  - 10:      $s^* \leftarrow$  el *mejor* cromosoma en  $P$
  - 11: **return**  $s^*$
- 

intensificación donde aplica el meme a todas las soluciones y se genera una nueva población optimizada que suplanta la generación anterior. Otro esquema se basa en los SSGA y en cada iteración se cruzan una serie de padres para generar uno o dos hijos que, luego de mutar con cierta probabilidad dada, se decide si pasan a un proceso de optimización con el meme y el resultado se decide si se incorpora a la población. En el algoritmo 1.6 se presenta la versión estacionaria del Algoritmos Memético.

---

**Algoritmo 1.6** Algoritmo Memético Estacionario

---

**Input:** `pop` tamaño de la población, `cp` probabilidad de cruce, `mp` probabilidad de mutación, `mem` meme usado

**Output:** La solución al problema

- 1:  $P \leftarrow$  Generar población de `pop` cromosomas
  - 2:  $s^* \leftarrow$  el *mejor* cromosoma en  $P$
  - 3: **while**  $\neg$  Condición de parada **do**
  - 4:    $p_1 \leftarrow$  Seleccionar un cromosoma en  $P$
  - 5:    $p_2 \leftarrow$  Seleccionar un cromosoma en  $P$
  - 6:    $c_1, c_2 \leftarrow$  recombinar  $p_1$  y  $p_2$  con probabilidad `cp`
  - 7:   Mutar  $c_1$  y  $c_2$  con probabilidad `mp`
  - 8:   Determinar si  $c_1$  y  $c_2$  van a ser optimizados con `mem` y almacenar el resultado en  $c'_1$  y  $c'_2$
  - 9:   Seguir algún criterio de reemplazo de cromosomas en  $P$  por  $c'_1$  y  $c'_2$
  - 10:   **if** El *mejor* cromosoma en  $P$  es *mejor* que  $s^*$  **then**
  - 11:      $s^* \leftarrow$  el *mejor* cromosoma en  $P$
  - 12: **return**  $s^*$
-

#### 1.3.2.1.4 CHC Adaptative Search Algorithm

El algoritmo CHC propuesto inicialmente por *Eshelman, L.* en [Esh91], es un algoritmo evolutivo generacional con la diferencia de que es totalmente elitista, ya que elige los mejores  $n$  elementos de entre la vieja y nueva población para conformar la nueva generación ( $n$  es el número de cromosomas en la población). También tiene la particularidad de que implementa un operador de cruce llamado HUX en el cual, dado dos padres, intercambia la mitad de los genes que no coincidan entre ellos de manera aleatoria con el fin de crear hijos lo más distinto posible de los padres. Además CHC tiene un mecanismo de prevención de incesto en el que se usa la distancia de *Hamming* entre los dos posibles candidatos a ser padres para determinar si son lo suficientemente distintos para cruzarse. Para ello, se usa un umbral que inicialmente es  $L/4$  donde  $L$  es la longitud del cromosoma. Por último, no existe una operación de mutación y en cambio, cuando pasa una generación sin cromosomas nuevos, se disminuye el umbral de incesto en uno, hasta que llega a cero y se toma la decisión de reinicializar la población, se preserva el mejor cromosoma encontrado hasta el momento y se llena los cromosomas restantes con variaciones del mejor, donde se perturban hasta un 35 % de los genes asociados al cromosoma. CHC se presenta en el algoritmo 1.7, donde  $t$  es la generación actual,  $d$  es el umbral de incesto,  $P(t)$  es la población de la generación  $t$  y  $L$  es la longitud del cromosoma.

---

**Algoritmo 1.7** CHC

---

**Input:** pop tamaño de la población**Output:** La solución al problema

```

1:  $t = 0$ 
2:  $d = L/4$ 
3:  $P(t) \leftarrow$  Generar población de pop cromosomas
4:  $s^* \leftarrow$  el mejor cromosomas en  $P$ 
5: while  $\neg$  condición de parada do
6:    $t = t + 1$ 
7:    $C(t) \leftarrow P(t - 1)$ 
8:   recombinar los cromosomas en  $C(t)$  para formar  $C'(t)$ 
9:   evaluar los cromosomas en  $C'(t)$  con la función objetivo
10:  seleccionar  $P(t)$  de  $C'(t)$  y  $P(t-1)$  sólo con los mejores cromosomas
11:  if El mejor cromosoma en  $P$  es mejor que  $s^*$  then
12:     $s^* \leftarrow$  el mejor cromosoma en  $P$ 
13:  if  $P(t) = P(t - 1)$  then
14:     $d \leftarrow d - 1$ 
15:  if  $d < 0$  then
16:    Reinicializar  $P(t)$ 
17: return  $s^*$ 

```

---



---

**Algoritmo 1.8** Recombinar

---

**Input:**  $C(t)$  candidatos a padre,  $d$  umbral de incesto**Output:**  $C'(t)$  hijos

```

for all par de instancias en  $C(t)$   $x_1$  y  $x_2$  do
   $ham \leftarrow$  distancia de hamming entre  $x_1$  y  $x_2$ 
  if  $ham/2 > d$  then
    cambiar la mitad de elementos que difieran entre  $x_1$  y  $x_2$  de forma aleatoria
    para generar  $x'_1$  y  $x'_2$ 
     $C'(t) \leftarrow C'(t) \cup \{x'_1, x'_2\}$ 
  else
    borrar el par  $x_1$  y  $x_2$  de  $C(t)$ 
return  $C'(t)$ 

```

---

---

**Algoritmo 1.9** Reinicializar

---

**Input:**  $P(t-1)$  población anterior,  $s^*$  mejor solución,  $r$  porcentaje de genes a cambiar,  $d$  umbral de incesto

**Output:**  $P(t)$  población renovada

Llenar  $P(t)$  con copias de  $s^*$

**for all** miembros  $x_i \in P(t)$  excepto uno **do**

    Cambiar  $r * L$  genes de manera aleatoria de  $x_i$

    Evaluar  $x_i$  con la función objetivo

$d = L/4$

**return**  $P(t)$

---

# Capítulo 2

## Marco metodológico

En este capítulo se detalla la representación utilizada para los cromosomas, la función objetivo, las adaptaciones particulares que se hizo a cada algoritmo evolutivo usado en el experimento, el proceso de validación cruzada, la técnica de estratificación, se presenta los conjuntos de datos usados para el experimento y se explica el método de entonación utilizado para ajustar los algoritmos evolutivos.

### 2.1. Representación del cromosoma

Sea  $T$  el conjunto de instancias a reducir de tamaño  $n$ , la representación usada para modelar el problema de selección de prototipos es el de un mapa de bits de tamaño  $n$ , donde cada bit representa una instancia  $t_i \in T$ ; si el valor del bit  $i$  es 1, entonces la instancia  $t_i \in S$ , donde  $S$  es el conjunto reducido; si el bit  $i$  es 0,  $t_i \notin S$ . En este sentido, el conjunto  $S$  representado por el mapa de bits  $M$  se define como en la ecuación (2.1). Un ejemplo puede verse en la figura 2.1. Cabe destacar que en los algoritmos evolutivos, los mapas de bits se conocen como cromosomas y cada bit como gen.

$$S = \{t_i \in T \mid i = 1 \dots n \wedge m_i = 1 \wedge m_i \in M\} \quad (2.1)$$



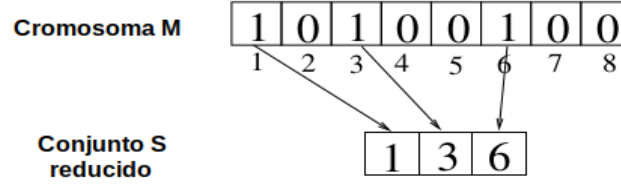


FIGURA 2.1: Representación de un cromosoma y su respectivo conjunto reducido

## 2.2. Función objetivo

Se necesita una función con la cual se pueda evaluar cuán buena es una solución, además la función debe permitir establecer una relación de orden entre las soluciones con el fin de decidir cuál solución es mejor. Como se explicó anteriormente, los algoritmos evolutivos buscan aproximarse al óptimo global, que en este caso es el conjunto reducido  $S$  con menor cardinalidad y mayor precisión en la clasificación de instancias nuevas. Es por eso que se adopta una función objetivo derivada del trabajo de *Cano, J.* en [dA04], la cual se presenta a continuación:

$$\mathcal{F}(S) = \alpha * error(S) + (1 - \alpha) * reduction(S) \quad (2.2)$$

Donde  $\mathcal{F} : S \rightarrow \mathbb{R}$  es la función objetivo,  $S$  es el conjunto reducido,  $\alpha$  es un parámetro que controla cuánta importancia se le da al error asociado a  $S$  con respecto a la tasa de reducción del segundo término de la ecuación (2.2),  $TR$  es el conjunto de entrenamiento original del cual se realizó la reducción,  $error(S)$  es el porcentaje de error al clasificar un conjunto de prueba  $TS$  al usar 1-NN con  $S$  como conjunto de entrenamiento y  $reduction(S)$  es el porcentaje de instancias restantes en  $S$  en relación al conjunto original  $TR$ . El  $\alpha$  usado es 0.5 como lo establecen en [dA04] para darle la misma importancia a la reducción de datos como a mantener bajo los porcentajes de error en la clasificación.

Dado esta función objetivo, la meta de todas las metaheurísticas implementadas se vuelve minimizar  $\mathcal{F}(S)$ , lo cual quiere decir que se busca tanto reducir la cardinalidad de  $S$ , como reducir  $error(S)$ . Un conjunto  $S_i$  es mejor que un conjunto  $S_j$  si  $\mathcal{F}(S_i) < \mathcal{F}(S_j)$ .

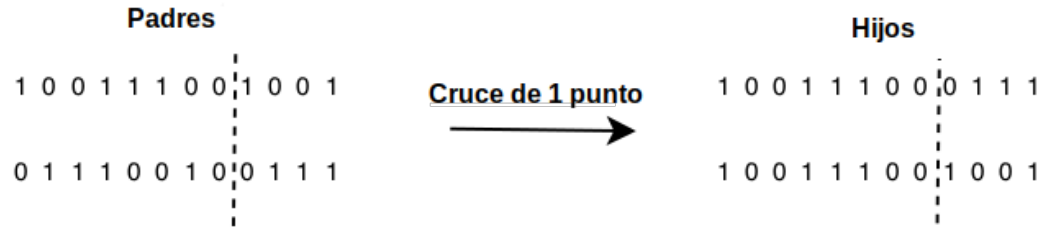


FIGURA 2.2: Cruce de un punto

### 2.3. Adaptaciones de los algoritmos evolutivos

Para aplicar los distintos algoritmos evolutivos implementados para este trabajo, es necesario determinar los operadores de cruce, mutación, el método de selección de los cromosomas que van a cruzarse, el criterio de selección de los cromosomas sobrevivientes y en caso del algoritmo memético el proceso de optimización interno (también conocido como meme) utilizado.

Para el caso del algoritmo genético estacionario y el algoritmo memético, se eligió como método de selección de cromosomas a cruzarse un *Proceso de Torneo* [Tal09], el cual consiste en seleccionar  $k$  cromosomas de manera aleatoria y elegir el mejor de los  $k$ . CHC por su parte elige dos cromosomas aleatorios y utiliza su mecanismo de prevención de incesto para elegir a los padres. El algoritmo genético generacional simplemente elige dos elementos aleatorios para realizar el cruce.

El operador de cruce utilizado en GGA, SSGA y MA es el cruce de un punto [Tal09], el cual consiste en definir un punto  $\mu$  en el cual se va dividir los dos cromosomas seleccionados como padres y luego se forman dos hijos a partir de la mezcla de las partes de los padres. CHC en cambio usa el operador HUX explicado anteriormente. En la figura 2.2 se muestra un ejemplo del cruce de un punto.

El operador de mutación para GGA, SSGA y MA consta de cambiar 5% de los genes del cromosoma de manera aleatoria. Se elige 5% basado en [Ale14] para que la mutación represente una variación en S, ya que si sólo se cambia un gen, el conjunto mutado sería para los efectos de la optimización casi idéntico al original. Sin embargo, la probabilidad de que un cromosoma dado mute es baja, basado principalmente en los

resultados de *Cano, J.* en [dA04] donde obtienen mejores resultados experimentales con bajas probabilidades de mutación (menor al 1 % por cromosoma), justificándose en que con mayores valores, la búsqueda podría degenerar en una búsqueda aleatoria. CHC por su parte no tiene mutación.

El criterio de reemplazo para GGA es generar una población nueva de hijos  $P_i$  que va a suplantarse la generación anterior  $P_{i-1}$  excepto el mejor cromosoma en  $P_{i-1}$ . Por su parte, el criterio de reemplazo de SSGA es que dado dos padres y los dos hijos producidos por el operador de cruce, se eligen los 2 mejores cromosomas para permanecer dentro de la población. MA, en cambio usa un criterio de reemplazo en el cual los 2 hijos suplantados a los 2 peores elementos de la población y CHC se queda con los  $n$  mejores cromosomas entre  $P_i$  y  $P_{i-1}$ , ambos casos son totalmente elitistas.

El algoritmo memético es el que más adaptaciones tiene para adecuarse a PS, se usa una adaptación realizada por *Cano, J. et al.* en [GCH08]. Se basa en el algoritmo memético estacionario presentado en la sección 1.3.2.1.3, con la peculiaridad de que para decidir si los hijos producidos en una iteración van a ser optimizados, se usa el parámetro  $P_{LS}$  que viene dado por la siguiente ecuación:

$$P_{LS} = \begin{cases} 1 & \text{si } \mathcal{F}(S_{nuevo}) < \mathcal{F}(S_{peor}) \\ 0.0625 & \text{en caso contrario} \end{cases} \quad (2.3)$$

Donde  $\mathcal{F}$  es la función objetivo,  $S_{nuevo}$  es el conjunto de uno de los cromosomas hijos y  $S_{peor}$  es el conjunto del peor cromosoma de la población. Es así como  $P_{LS}$  representa la probabilidad con la cual se va a decidir si se optimiza el cromosoma hijo;  $P_{LS}$  debe ser calculado para cada hijo creado en el cruce. La idea es que si el hijo es mejor que el peor cromosoma de la población, entonces vale la pena optimizarlo; en cambio, si es peor, se le da una probabilidad de optimización de 6,25 %.

El meme usado en MA es el que se presenta en el algoritmo 2.1. El procedimiento consiste en reducir progresivamente las instancias que se encuentran en el conjunto  $S$ , representado por el cromosoma  $M$ , sin que se pierda la precisión asociada a  $S$ . Para esto, se usa una lista  $U$  del primer vecino más cercano de cada gen en  $M$ , una lista  $R$  que contiene los genes que ya han sido puestos en 0 y que no generan una

ganancia mayor al umbral de aceptación  $\tau$ ,  $\text{clase}(i)$  es la clase asociada a la instancia representada por el gen  $i$  del cromosoma  $M$ , **ganancia** representa cuánto mejora (en caso de que sea positiva) o cuánto empeora (en caso de ser negativa) la solución dada por el cromosoma  $M$  luego de cambiar un gen,  $\text{fitness}_M$  es el valor de evaluar la función objetivo con el cromosoma  $M$  y  $\text{fitness}_{\text{ganancia}}$  se define como en la ecuación (2.4), donde  $L$  es el largo del cromosoma:

$$\text{fitness}_{\text{ganancia}} = \frac{\frac{\text{ganancia}}{L} * 100 + \frac{100}{L}}{2} \quad (2.4)$$

El meme intenta remover una instancia de  $S$  en cada iteración para ver si la precisión mejora, se mantiene igual o empeora. Si la ganancia mejora, es decir que sea positiva, y está por encima del umbral de aceptación entonces se preservan los cambios; en cambio, si la ganancia está por debajo del umbral, entonces se vuelve a incluir la instancia eliminada y se etiqueta su respectivo gen como revisado.

## 2.4. Criterios para comparar los algoritmos de selección de prototipos

Al momento de comparar los distintos algoritmos de PS, se usan los siguientes criterios para evaluar las fortalezas y debilidades relativas de cada algoritmo [GLH16]:

- **Reducción:** ésta se mide como la proporción existente entre la cardinalidad del conjunto reducido  $S$  entre la cardinalidad del conjunto de entrenamiento  $TR$ .
- **Precisión de la clasificación:** se espera que aún con el conjunto reducido, se mantenga las tasas de acierto del clasificador o inclusive, mejoren. Un algoritmo de PS debe poder mantener la precisión al momento de ser evaluado con el conjunto de prueba. La precisión se calcula al dividir el número de clasificaciones hechas correctamente entre el total de clasificaciones.
- **Tiempo de cómputo:** involucra cuánto tiempo le lleva al algoritmo realizar la reducción de los datos, un factor importante al momento de escalar los algoritmos

**Algoritmo 2.1** Meme**Input:** M cromosoma a optimizar,  $\tau$  umbral de aceptación**Output:** M cromosoma optimizado

---

```

1: Sea  $M = \{m_1, m_2, \dots, m_n\}$  el cromosoma a optimizar
2:  $R \leftarrow \emptyset$ 
3:  $U = \{u_1, u_2, \dots, u_n\}$  la lista de vecinos asociados, donde  $u_i$  es el vecino más cercano
   del gen  $i$ .
4: while  $(\exists m_i \in M \mid m_i = 1 \wedge i \notin R)$  do
5:   elegir  $j$  aleatoriamente de  $M$  tal que  $m_j = 1 \wedge j \notin R$ 
6:    $ganancia \leftarrow 0$ 
7:    $m_j \leftarrow 0$ 
8:   Copiar  $U$  a  $U'$ 
9:   for all  $u_i \in U \mid u_i = j$  do
10:     $u_i \leftarrow$  nuevo vecino más cercano con el nuevo  $M$ 
11:    if  $clase(i) = clase(u'_i) \wedge clase(i) \neq clase(u_i)$  then
12:       $ganancia \leftarrow ganancia - 1$ 
13:    else if  $clase(i) \neq clase(u'_i) \wedge clase(i) = clase(u_i)$  then
14:       $ganancia \leftarrow ganancia + 1$ 
15:    if  $ganancia \geq \tau$  then
16:       $fitness_M \leftarrow fitness_M + fitness_{ganancia}$ 
17:       $R \leftarrow \emptyset$ 
18:    else
19:      Recuperar  $U$  de  $U'$ 
20:       $m_j \leftarrow 1$ 
21:       $R \leftarrow R \cup j$ 
22: return  $M$ 

```

---

a conjuntos muy grandes. En este trabajo el tiempo de cómputo se mide en segundos.

- **Cohen's Kappa:** es una métrica que originalmente mide el nivel de acuerdo o desacuerdo entre dos clasificadores. Sin embargo se han hecho adaptaciones de esta métrica para ser usada por un sólo clasificador [GDCH12], ya que es más robusta que la precisión, puesto que toma en cuenta la posibilidad de que una clasificación sea hecha aleatoriamente. Esta métrica sirve para verificar si el clasificador etiqueta las instancias correctamente de manera consistente o con muchas decisiones aleatorias. *Cohen's kappa* se calcula a partir de la matriz de confusión como se muestra en la ecuación (2.5). Donde  $y_{ii}$  es el conteo de las celdas de la diagonal principal,  $N$  el número de instancias revisadas,  $\Omega$  el el

número de clases presentes,  $y_{i\cdot}$  es la suma de las celdas de la fila  $i$  y  $Y_{\cdot i}$  es la suma de las celdas de la columna  $i$ .

$$kappa = \frac{N * \sum_{i=1}^{\Omega} y_{ii} - \sum_{i=1}^{\Omega} y_{i\cdot} * y_{\cdot i}}{N^2 - \sum_{i=1}^{\Omega} y_{i\cdot} * y_{\cdot i}} \quad (2.5)$$

## 2.5. Conjunto de datos

Los conjuntos de datos utilizados para validar el experimento provienen de *UCI Machine Learning Repository* [DKT17] y *KEEL Data-Mining Software Tool* [AFFL<sup>+</sup>11]. Se hace una separación como la establecida en [dA04] donde se considera como conjunto de datos pequeños aquellos con menos de 2000 instancias, los conjuntos medianos los que poseen entre 2000 y 20000 instancias y los conjuntos grandes aquellos con más de 20000 instancias. En la tabla 2.1 se detallan los conjuntos pequeños, en 2.2 los medianos y en 2.3 los grandes. Solo se eligió conjunto de datos numéricos para poder utilizar la distancia euclídea con 1-NN sin tener problemas en la preservación de información al convertir datos categóricos a numéricos.

## 2.6. Validación cruzada y estratificación

Dado un conjunto de datos  $T$ , el proceso de validación cruzada [K<sup>+</sup>95] consta de dividir  $T$  en  $k$  subconjuntos disjuntos  $T_1, T_2, \dots, T_k$  de aproximadamente el mismo tamaño, donde cada subconjunto mantiene la distribución de las clases presente en  $T$ . Luego se procede a probar el clasificador  $M$ , que en este caso es 1-NN,  $k$  veces, donde en cada prueba  $t \in \{1, 2, \dots, k\}$  se utiliza como conjunto de entrenamiento  $TR = T \setminus T_t$ , se aplica el algoritmo de selección de prototipos a  $TR$  y el conjunto resultante  $S$  se valida al usar  $TS = T_t$  como conjunto de prueba. El porcentaje de aciertos del clasificador se calcula como el promedio de las  $k$  pruebas realizadas. En la figura 2.3 se muestra un esquema de cómo se aplica la validación cruzada para el problema de selección de prototipos dado que la partición  $k$  es seleccionada como conjunto de prueba.

CONJUNTO	INSTANCIAS	ATRIBUTOS	CLASES
Iris	150	4	3
Cleveland	297	13	5
Led7Digit	500	7	10
Pima	768	8	2
WDBC	569	30	2
Monk-2	432	6	2
Wisconsin	683	9	2
Wine	178	13	3
Glass	214	9	7
Banknote	1372	5	2
Appendicitis	106	7	2
Balance	625	4	3
Bands	539	19	2
Contraceptive	1473	9	3
Dermatology	366	34	6
Ecoli	336	7	8
Haberman	306	3	2
Hayes-roth	160	4	3
Heart	270	13	2
Hepatitis	155	19	2
Mammographic	961	5	2
Newthyroid	215	5	3
Tae	151	5	3
Vehicle	846	18	4
Vowel	990	13	11
Yeast	1484	8	10

TABLA 2.1: Conjuntos de datos pequeños

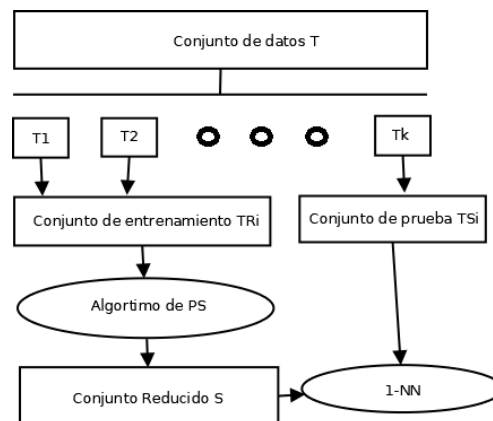


FIGURA 2.3: Validación cruzada

CONJUNTO	INSTANCIAS	ATRIBUTOS	CLASES
Banana	5300	2	2
Cardiotocography	2126	23	3
Eye-state	14980	15	2
Page-blocks	5473	10	5
Penbased	10992	16	10
Satimage	6435	36	7
Thyroid	7200	21	3
Segment	2310	19	7
Coil2000	9822	85	2
Magic	19020	10	2
Marketing	8993	13	9
Phoneme	5404	5	5
Ring	7400	20	2
Spambase	4597	57	2
Texture	5500	40	11
Titanic	2201	3	2
Twonorm	7400	20	2

TABLA 2.2: Conjuntos de datos medianos

CONJUNTO	INSTANCIAS	ATRIBUTOS	CLASES
Credit-card	30000	24	2
Shuttle	58000	9	7

TABLA 2.3: Conjuntos de datos grandes

Por otra parte está la estratificación, la cual es una técnica propuesta por *Cano, J. et al.* en [CHL05] para solventar el problema de aplicación de los algoritmos de PS a conjunto de datos muy grandes. Dicho problema viene dado porque la mayoría de los algoritmos de PS y metaheurísticas utilizadas son  $O(n^2)$ ,  $n$  es la cantidad de instancias del conjunto a procesar, y por lo tanto, para grandes volúmenes de datos estos algoritmos empiezan a tardar mucho en calcular una solución, que los vuelve poco útiles al momento de hacer preprocesamiento de datos. Es así que la estratificación se adopta como una técnica que lleva a tiempos aceptables el cómputo con conjuntos de muchas instancias.

Dado un conjunto de datos TR producto de la división hecha por un proceso de validación cruzada, la estratificación comienza con la división de TR en  $k$  subconjuntos disjuntos, llamados estratos,  $TR_1, TR_2, \dots, TR_k$  de aproximadamente el mismo



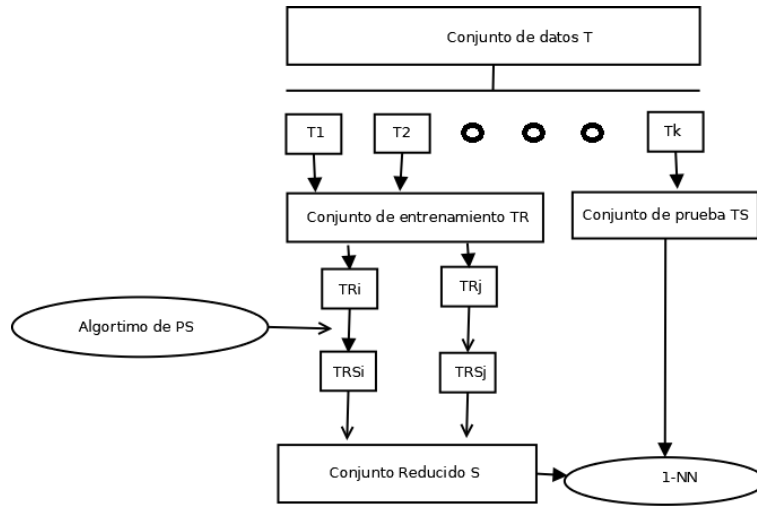


FIGURA 2.4: Estratificación

tamaño. Luego, se aplica el algoritmo de PS directamente a cada uno de los  $k$  subconjuntos seleccionados  $TR_i$  para el entrenamiento, que más adelante forma subconjuntos reducidos  $TRS_1, TRS_2, \dots, TRS_k$ ; acto seguido, se juntan todos los  $TRS_i$  para formar el conjunto reducido  $S$  que va a ser usado por 1-NN para clasificar  $TS$ . La estratificación prueba ser un método efectivo, como lo demuestran en [CHL05], ya que reduce la cantidad de instancias que debe tratar el algoritmo de PS a  $TR/k$ , por lo que la elección del número de estratos  $k$  se vuelve de especial importancia. En la figura 2.4 se muestra un esquema de cómo se aplica la estratificación, donde el estrato  $k$  es seleccionado como conjunto de prueba.

## 2.7. Entonación de las metaheurísticas

Para la entonación de las metaheurísticas se usó *irace* [LIDLC<sup>+</sup>16], el cual es un paquete de R que implementa el método de entonación automática conocido como *iterated F-race*. La esencia de *iterated F-race* es hacer varias carreras, las cuales son procesos internos del algoritmo que ponen a competir un conjunto de vectores de parámetros (también conocidos como configuraciones) con un repertorio de problemas, con el fin de recopilar datos referentes al desempeño de cada configuración, para poder hacer pruebas estadísticas que determinarán las configuraciones que van a ser elegidas como las mejores y además descartar las peores en una etapa temprana de la carrera.

*Iterated F-race* en específico trata de un método que consiste en tres pasos: (1) elegir varias configuraciones posibles de acuerdo a una distribución en particular y así formar una población, (2) elegir una población de configuraciones (3) actualizar la distribución de la población de tal manera que sea sesgado a favor de las mejores configuraciones. Estos tres pasos son repetidos hasta que pase un número de iteraciones dadas por el usuario. El algoritmo de *iterated F-race* se presenta en 2.2.

---

**Algoritmo 2.2** IRACE
 

---

**Input:** I conjunto de instancias del problema a entonar, X espacio de configuraciones, U función de utilidad, B número de iteraciones con el que se cuenta

**Output:**  $\theta^{elite}$  mejores configuraciones encontradas

- 1:  $\theta_1 \leftarrow$  una muestra uniforme de X
  - 2:  $\theta^{elite} \leftarrow$  resultado de una **carrera** al usar  $\theta_1$  como población y con número de iteraciones  $B_1$
  - 3:  $j \leftarrow 1$
  - 4: **while**  $B^{usado} \leq B$  **do**
  - 5:    $j \leftarrow j + 1$
  - 6:    $\theta^{nueva} \leftarrow$  muestra sesgada hacia  $\theta^{elite}$  de X
  - 7:    $\theta_j \leftarrow \theta^{nueva} \cup \theta^{elite}$
  - 8:    $\theta^{elite} \leftarrow$  resultado de una **carrera** al usar  $\theta_j$  como población y con presupuesto  $B_j$
  - 9: **return**  $\theta^{elite}$
- 

Cabe acotar que *irace* asume que el problema sobre el cual se va a entonar es un problema de minimización. Por lo tanto, siempre se busca menores valores de la función de utilidad U para cada configuración; además, luego de cada carrera asigna un rango  $r_z$  dependiendo de cómo se compare la configuración z con respecto al resto, a menor rango, mejor es la configuración; por lo tanto, el conjunto de elites  $\theta^{elite}$  está conformado por los  $k$  elementos con menor rango. El número  $k$  es calculado al principio de la corrida de *irace* y en este trabajo se deja su cálculo automático por defecto.

La prueba estadística utilizada por la carrera para reemplazar las peores configuraciones y preservar las elites es la prueba Friedman no paramétrica o la prueba *t-test*. Por recomendación de los autores se usa una prueba t-test con un valor significativo de 0.05 ya que, según sus criterios, es la más adecuada para la entonación de parámetros de valores continuos.

*Irace*, además, implementa un método de reinicialización cuando la población de configuraciones converge prematuramente. En este proceso se mantienen las configuraciones élites de la última carrera y empieza de nuevo según ciertas consideraciones. Aunado a esto, *irace* también implementa un sistema de carrera elitista, el cual evita que las mejores configuraciones encontradas hasta el momento se pierdan en una carrera producto de una serie desfavorable de evaluaciones en un momento dado. En este trabajo se usa ambas funciones como configuración por defecto que tiene *irace*. Para más información de todas las funciones y utilidades que presenta esta herramienta, se recomienda leer [LIDLC<sup>+</sup>16].

# Capítulo 3

## Evaluación experimental

### 3.1. Diseño experimental

En este capítulo se describen todas las decisiones tomadas con respecto a la experimentación; esto incluye los parámetros usados para la entonación, las particiones hechas en la validación cruzada y la estratificación, el diseño de los experimentos donde se combinan las heurísticas con las metaheurísticas y finalmente se presentan los resultados de cada prueba realizada.

Lo primero que se hace es entonar los algoritmos evolutivos para que devuelvan el mejor valor posible al probarse con los conjuntos de datos presentados en la sección 2.4. Para lograr la entonación, se usa *irace*, presentado en la sección 2.6, con los parámetros de la tabla 3.1. Se consigue una configuración de parámetros para los problemas pequeños, medianos y grandes respectivamente.

Parámetros	<i>irace</i>
Iteraciones	1000, 400 y 100
Número decimales significativos	4
Prueba estadística	t-test
Nivel de significancia para prueba estadística	0.05
Frecuencia de la prueba estadística	1 iteración
Número de configuraciones elites	automática
Reinicialización por convergencia prematura	Sí
Modo elitista	Sí

TABLA 3.1: Parámetros usados para *irace*

Parámetros	Tipo de dato	Rangos
Población	entero	[10,150]
Probabilidad de cruce	real	[0,1]
Probabilidad de mutación	real	[0,0.01]
Número del torneo	entero	[1,10]

TABLA 3.2: Rangos usados para los parámetros en la entonación

PARÁMETROS	ALGORITMOS			
	GGA	SGA	MA	CHC
Iteraciones	1000	1000	1000	1000
Población	70	90	21	33
Prob. de Cruce	0.4837	0.9848	0.9496	-
Prob. de Mutación	0.0001	0.0057	0.0071	-
Número del torneo	-	3	1	-

TABLA 3.3: Parámetros usados para los conjuntos pequeños

PARÁMETROS	ALGORITMOS			
	GGA	SGA	MA	CHC
Iteraciones	1000	1000	1000	1000
Población	88	132	32	27
Prob. de Cruce	0.5779	0.9859	0.9549	-
Prob. de Mutación	0.0001	0.0001	0.0004	-
Número del torneo	-	1	3	-

TABLA 3.4: Parámetros usados para los conjuntos medianos

PARÁMETROS	ALGORITMOS			
	GGA	SGA	MA	CHC
Iteraciones	1000	1000	1000	1000
Población	102	122	35	37
Prob. de Cruce	0.5158	0.9554	0.9698	-
Prob. de Mutación	0.0001	0.0078	0.0049	-
Número del torneo	-	7	3	-

TABLA 3.5: Parámetros usados para los conjuntos grandes

Los parámetros a entonar son: número de iteraciones, cardinalidad de la población, probabilidad de cruce, probabilidad de mutación y tamaño del torneo. Los rangos válidos para cada parámetro se presentan en la tabla 3.2. La elección de los rangos se hace en base a los trabajos [dA04, dA04, GDCH12, GCH08, Tal09]. Los resultados de la entonación se presentan en las tablas 3.3, 3.4 y 3.5.

Para la validación cruzada se usa  $k = 10$  y se repite cada prueba 3 veces basándose

en el trabajo de *Cano, J.* en [dA04]. Este esquema de validación cruzada se aplica a los conjuntos de tamaño pequeño como lo hacen en [dA04]. Para la estratificación se adopta  $k = 10$  para los conjuntos medianos y  $k = 50$  para los conjuntos grandes, tal y como se determinan en [CHL05], cuya idea es hacer que el algoritmo de PS no trabaje con más de 2000 instancias por estrato para reducir la cantidad a un conjunto de tamaño pequeño según la clasificación anteriormente expuesta. Además, al igual que en la validación cruzada, las metaheurísticas utilizadas son estocásticas y por lo tanto, cada una de las  $k$  pruebas realizadas se repite 3 veces, con lo que se regresa el promedio de todas las pruebas realizadas como resultado.

Una vez obtenido los distintos parámetros para cada metaheurística, se procede con el experimento principal, el cual consiste en mejorar la población inicial de las metaheurísticas GGA, SSGA, MA y CHC por medio de las heurísticas CNN, ENN y RSS quienes seleccionan soluciones prometedoras del espacio de soluciones factibles.

La selección de CNN, ENN, y RSS se debe a que son de las heurísticas que emplean menores tiempos en su selección según el trabajo de *Salvador, G. et al.* en [GDCH12] y por el tipo de instancias que eligen: la primera heurística elige las instancias bordes mientras que descarta las instancias internas bajo la idea de que las instancias bordes son las que realmente establecen los límites de decisión entre clases; ENN por su parte, elige las instancias internas y se deshace de las instancias bordes con la premisa de que las instancias bordes sólo agregan ruido al conjunto y por lo tanto hay que eliminarlas; por último RSS es un híbrido que preserva algunas instancias bordes y algunas instancias internas, con lo que mantiene una distancia uniforme entre las mismas. En la figura 3.6 se puede apreciar la selección de instancias realizadas por cada heurística sobre el conjunto banana, la cual refleja lo explicado anteriormente.

Para presentar los resultados, se usan tablas que contienen los promedios en *accuracy*, *kappa*, reducción y tiempo de cómputo medido en segundos para cada heurística. *Accuracy* y *kappa* se miden sobre los conjuntos de entrenamiento y prueba, la reducción mide el porcentaje de instancias eliminadas del conjunto original; a mayor *accuracy*, *kappa* y reducción mejor es la heurística. Las pruebas fueron realizadas para los conjuntos pequeños, medianos y grandes por separado. Además, para determinar cuál si una metaheurística es mejor que otra se utiliza una prueba de *Wilcoxon* de rango con signo con un nivel de significancia de 1 %, donde la hipótesis nula implica que las

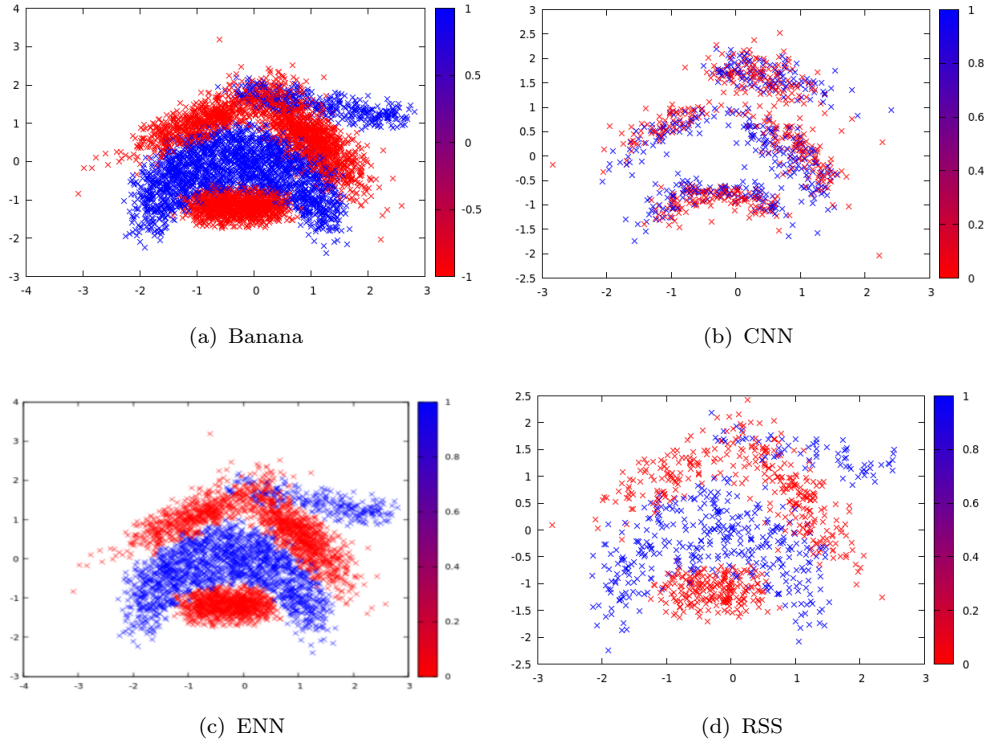


FIGURA 3.1: Selección de instancias de las heurísticas

medidas son estadísticamente iguales y la hipótesis alternativa indica que existe una diferencia real entre las medidas.

Los experimentos fueron hechos con un procesador Intel(R) Core(TM) i5-3470 CPU @ 3.20GHz, 4 procesadores y 4GB de memoria RAM. Se utilizó C++ como lenguaje de programación y se compiló con GCC v.7.3.0.

## 3.2. Resultados

### 3.2.1. Heurísticas

En esta sección se busca estudiar el comportamiento de CNN, ENN y RSS al ser usados para resolver el problema de selección de prototipos sobre conjuntos de datos de tamaño pequeño, mediano y grande. De los resultados obtenidos, se espera determinar

cuál heurística presenta los mejores niveles de *accuracy*, *kappa* y reducción; además se busca evaluar el tiempo de cómputo de cada heurística.

ALGORITMO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
Pequeños						
CNN	0.9093	0.7447	0.8396	0.5404	0.7380	0.1351
ENN	0.8563	0.7924	0.7319	0.6120	0.2591	0.1815
RSS	0.8363	0.7499	0.6997	0.5426	0.7308	0.1231
Medianos						
CNN	0.8944	0.7823	0.7611	0.5613	0.7437	0.7108
ENN	0.8402	0.7999	0.6842	0.5863	0.2861	1.2668
RSS	0.8619	0.7922	0.6822	0.5524	0.6477	0.9201
Grandes						
CNN	0.8818	0.8158	0.7396	0.5587	0.8183	3.2853
ENN	0.9355	0.8895	0.7938	0.6463	0.1495	6.1658
RSS	0.9176	0.8731	0.7411	0.6007	0.7236	10.7264

TABLA 3.6: Promedios de heurísticas

Al estudiar los resultados presentes en la tabla 3.6, se puede destacar:

- ENN es la heurística que presenta los mejores niveles de *accuracy* y *kappa* en la validación (*test*) para los conjuntos de los tres tamaños. Esto se debe a que ENN es la heurística que menos instancias elimina y por lo tanto el conjunto  $S$  resultante se asemeja bastante al conjunto original, lo cual le permite mantener buenos niveles de representación.
- CNN es la heurística que tiene los mayores niveles de reducción. Además, se puede observar que CNN presenta sobre-entrenamiento (*overfitting*) tanto en *accuracy* como en *kappa*; lo cual se hace evidente por la marcada diferencia entre los valores obtenidos en los conjuntos de entrenamiento (*training*) y los valores obtenidos en los conjuntos de validación (*test*), donde 29.92 % es la diferencia más grande presente en el *kappa* para los conjuntos pequeños. Tanto los buenos niveles de reducción como el sobre-entrenamiento suceden porque CNN elige sólo las instancias limítrofes entre clases para construir el conjunto  $S$ , donde elimina la mayoría de las instancias, que se concentran en la parte interna del espacio y por lo tanto, pierde parte del nivel de representación del conjunto original.



- RSS presenta niveles similares de *accuracy* y *kappa* a los vistos para CNN en los conjuntos pequeños y medianos, y niveles superiores en los conjuntos grandes. Por otra parte, presenta niveles superiores de reducción a los vistos para ENN. RSS representa un balance entre *accuracy*, *kappa* y reducción producto de una selección mixta de instancias internas y limítrofes.

En conclusión, si se busca mantener los mejores niveles de *accuracy* y *kappa* sin importar los niveles de reducción, ENN es la opción indicada porque mantiene casi todo el conjunto original intacto. En cambio, si se busca la máxima reducción posible, al dejar en segundo plano el *accuracy* y *kappa*, CNN es la opción sugerida. Sin embargo, para mantener un equilibrio entre las tres mediciones, RSS es la mejor opción.

Al evaluar los tiempos de cómputo presentes en la tabla 3.6 se pueden observar los siguientes detalles:

- CNN es la heurística más rápida y es la que mejor escala a conjuntos de tamaño grande. Su rapidez sucede porque el algoritmo empieza con un conjunto vacío y agrega instancias conforme a los errores de clasificación que encuentra en cada iteración, deteniéndose cuando logra pasar una iteración sin errores. Este esquema le permite a CNN terminar rápidamente en la mayoría de los casos, independientemente del tamaño del conjunto a reducir, porque el conjunto de referencia con el que se hacen las clasificaciones siempre se mantiene pequeño. Se debe acotar que CNN, siendo un algoritmo con componentes estocásticos, puede tardar más del tiempo esperado en dar una solución porque, dependiendo del orden de presentación de las instancias, CNN puede llegar a necesitar varias iteraciones sobre el conjunto original para terminar; para casos patológicos, CNN puede llegar a tener una complejidad de  $O(n^2 * \log(n))$ , cuando el tiempo esperado normalmente es de  $O(n * \log(n))$ .
- ENN presenta los segundos mejores tiempos entre las tres heurísticas. El tiempo adicional que le toma a ENN devolver una solución en comparación a CNN se debe a que ENN empieza con el conjunto original en su totalidad y en cada iteración elimina una instancia que no concuerda con la clase de su vecino más cercano. Sin embargo, como ENN sólo tiene que revisar cada instancia una sola

vez, puede terminar en un buen tiempo inclusive con los conjuntos grandes. ENN tiene una complejidad de  $O(n * \log(n))$

- RSS es la heurística que presenta el crecimiento en tiempo de cómputo más pronunciado, ya que se requiere para terminar con un conjunto grande 10 veces más el tiempo requerido por un conjunto mediano. Este detalle de escalabilidad se debe a que RSS primero debe ordenar todas las instancias según la distancia a sus enemigos más cercanos, lo cual domina el tiempo del algoritmo y asintóticamente lo vuelve  $O(n * \log(n))$ . Sin embargo, hay que tomar en cuenta que los tiempos son buenos para los conjuntos grandes, ya que regresa un resultado en aproximadamente 10 segundos; tiempo que es significativamente menor a lo requerido por los algoritmos evolutivos, como se verá en las secciones siguientes.

Una vez considerado los tiempos, se concluye que las tres heurísticas son una opción viable para reducir los datos dependiendo de las prioridades del usuario como se explicó anteriormente. Inclusive, los problemas de escalamiento presentes en RSS son mitigados con el uso de la estratificación, por lo que es la mejor opción si el usuario busca un balance entre *accuracy*, *kappa* y reducción.

### 3.2.2. Metaheurísticas

En esta sección se estudia el comportamiento de GGA, SSGA, MA y CHC, con población inicial aleatoria, al resolver el problema de selección de instancias sobre conjuntos pequeños, medianos y grandes. El objetivo es determinar cuál algoritmo presenta los mejores niveles de *accuracy*, *kappa* y reducción para los conjuntos de los distintos tamaños. Además, se estudia el tiempo que requiere cada algoritmo en dar una solución, con lo que se busca evaluar si hay una buena relación entre tiempo y calidad de los resultados.

Al estudiar los resultados obtenidos en la tabla 3.7, se puede destacar los siguientes puntos sobre *accuracy* y *kappa*:

- CHC y MA presentan los mejores niveles de *accuracy* y *kappa* para los conjuntos de validación pequeños y grandes. Esto se atribuye a los mecanismos internos que tiene cada algoritmo para hacer la mejor selección de instancias posible.

ALGORITMO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
Pequeños						
GGA	0.8312	0.7525	0.7017	0.5557	0.5532	12.8250
SSGA	0.8654	0.7716	0.7635	0.5917	0.8432	0.6655
MA	0.8570	0.7918	0.7440	0.6216	0.9561	4.1047
CHC	0.8446	0.7843	0.7172	0.6084	0.9466	0.5266
Medianos						
GGA	0.8702	0.7982	0.7375	0.5812	0.5641	110.0812
SSGA	0.8431	0.8029	0.6676	0.5871	0.8392	3.5589
MA	0.8057	0.7908	0.5825	0.5564	0.9624	73.3461
CHC	0.8313	0.8115	0.6347	0.5986	0.9455	2.8843
Grandes						
GGA	0.9316	0.8644	0.7994	0.6014	0.5050	672.0273
SSGA	0.8911	0.8743	0.6953	0.6201	0.8056	27.6637
MA	0.8904	0.8999	0.6499	0.6510	0.9973	256.1432
CHC	0.8961	0.8934	0.6614	0.6506	0.9615	16.8665

TABLA 3.7: Promedios de las metaheurísticas

MA tiene su función de optimización que elimina todas las instancias posibles sin perjudicar el *accuracy*, lo que permite mejorar al máximo cada cromosoma de la población; mientras que CHC tiene su mecanismo de prevención de incesto para crear cromosomas lo más distinto posible de los padres, además de tener la capacidad de reiniciar su población, tomando como base el mejor cromosoma encontrado, para evitar la convergencia prematura de la misma.

- SSGA presenta niveles similares de *accuracy* y *kappa* que GGA para los conjuntos de validación de pequeños y grandes. Ambos algoritmos presentan niveles inferiores que CHC y MA producto de una selección de instancias menos informada que estos últimos. La única manera estable que tienen GGA y SSGA para obtener mejores resultados es a través de la operación de cruce, mientras que MA y CHC cuentan con las herramientas antes mencionadas.
- Para los conjuntos medianos, las cuatro metaheurísticas obtuvieron un nivel de *accuracy* similar. Mientras que MA obtuvo un nivel de *kappa* inferior a los otros tres métodos. Este comportamiento de las metaheurísticas frente a los conjuntos medianos se atribuye directamente a la topología (cómo se encuentran organizadas las soluciones en el espacio) de los conjuntos de datos utilizados para

realizar las pruebas; lo que deja en evidencia la influencia que tiene el conjunto de datos sobre el comportamiento de los algoritmos.

En relación a la reducción se puede observar:

- MA es la metaheurística que presenta los mayores niveles de reducción. Este hecho se vuelve a atribuir a el proceso de optimización interna, ya que es un proceso de intensificación en el cual se refina un cromosoma a uno con la mínima cardinalidad posible sin perder *accuracy*.
- CHC alcanza buenos niveles de reducción, gracias a la selección totalmente elitista de los cromosomas que siempre realiza en cada iteración (sólo se preservan los mejores cromosomas y es a partir del mejor que se reinicia la población). Como uno de los componentes que conforma la función objetivo es la tasa de reducción, CHC naturalmente favorece aquellas soluciones con pocas instancias que puedan mantener buenos valores de *accuracy* y *kappa*.
- GGA presenta los niveles más bajos de reducción, esto ocurre porque no posee mecanismos de preservación elitistas como en el caso de CHC. GGA se caracteriza por perder toda la información acumulada en una generación de cromosomas (excepto el mejor), eliminando cromosomas que podrían generar mejores soluciones si se les diera más oportunidades de ser cruzados. Además, GGA carece de procesos de intensificación como los tiene MA, lo cual vuelve más difícil la eliminación de instancias.
- SSGA presenta mejores niveles de reducción a los obtenidos por GGA porque usa un método simple de elitismo, en el cual en cada iteración sólo se generan dos cromosomas nuevos (a diferencia de una población entera) y éstos sólo suplantán a sus padres si son mejores. Este mecanismo permite que la cantidad de instancias disminuya paulatinamente hasta llegar a la convergencia de la población.

En relación a los tiempos de cómputo se puede destacar:

- CHC es la metaheurística que necesita menos tiempo en dar una solución. Esto se debe a su operador de cruce, el cual tarda tiempo lineal ( $O(n)$ ) y permite hacer una búsqueda diversificada del espacio de soluciones de manera inteligente, ya

que, a partir de unos cromosomas seleccionados de manera elitista, genera nuevos cromosomas que son lo más distinto posible, mientras mantiene cualidades (las cuales se esperan que sean buenas) de sus padres. Estos detalles hacen posible la obtención de buenos resultados rápidamente.

- SSGA es otra metaheurística que no necesita mucho tiempo en dar una solución. La razón de esto es parecida a la de CHC, ya que el operador de cruce toma tiempo lineal y en cada iteración sólo se generan 2 cromosomas, lo cual lleva al algoritmo a terminar rápidamente.
- MA tarda significativamente más en regresar una solución en comparación a CHC y SSGA. Para los conjuntos pequeños, MA tarda 7 veces más que CHC; para los conjuntos medianos, MA tarda 25 veces más que CHC y para los conjuntos grandes, MA tarda 15 veces más. Esta diferencia en tiempo se debe al proceso de optimización interna que usa MA en cada iteración, el cual es  $O(n^2)$ .
- GGA es la metaheurística que más tarda en dar una solución. Esto se debe a que en cada iteración, GGA debe generar una población de cromosomas nuevo, a diferencia de SSGA que sólo genera dos cromosomas.
- CHC y SSGA son las metaheurísticas que mejor escalan a los conjuntos grandes, ya que mantienen los tiempos de ejecución por debajo de 30 segundos, teniendo valores no muy alejados de los tiempos obtenidos por las heurísticas. Por otra parte, GGA y MA sobrepasan los 200 segundos en tiempo de cómputo, lo cual es 20 veces más lo que tardan CNN, ENN y RSS. Sin embargo, hay que tomar en cuenta que la estratificación ayuda a reducir significativamente los tiempos de cómputo de las cuatro metaheurísticas, al punto de que es factible aplicar los cuatro algoritmos a los conjuntos grandes; ya que en trabajos como los realizados por *Cano, J. et al.* en [GCH08] y [GDCH12] no se pudo probar estos algoritmos sin el uso de estratificación por la gran cantidad de tiempo que tomarían en devolver una respuesta.

Las figuras 3.2 y 3.3 muestran que cuando se toma en cuenta la combinación lineal de *accuracy* + reducción y *kappa* + reducción, MA y CHC presentan los niveles más elevados. Cabe destacar que las tablas A.1 y A.2 del Apéndice A muestran que los

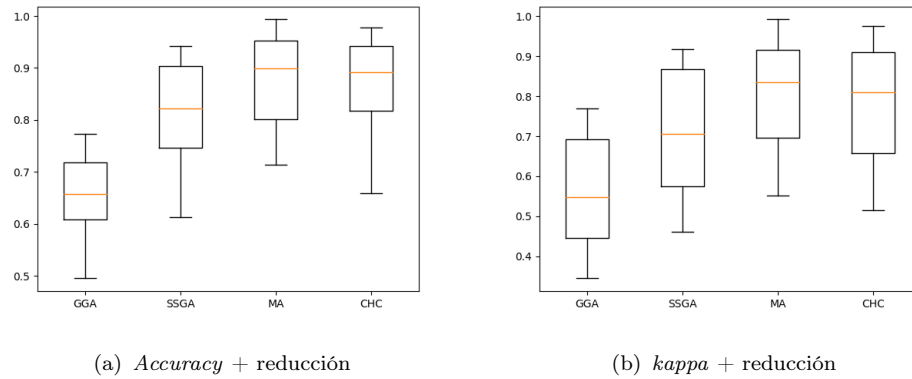


FIGURA 3.2: Boxplots de las metaheurísticas para los conjuntos pequeños

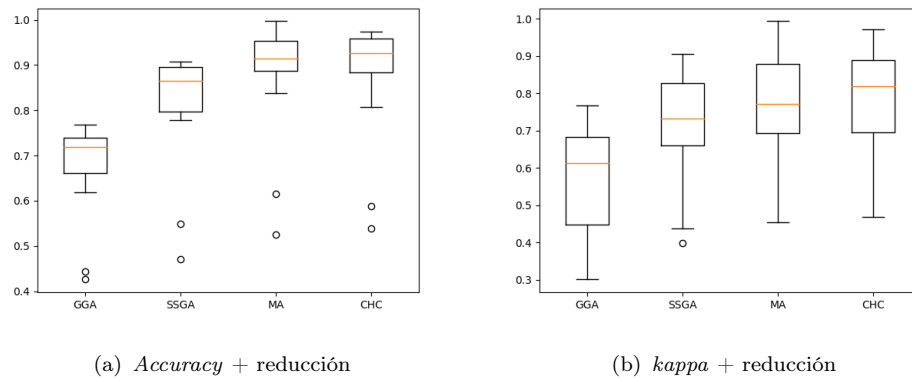


FIGURA 3.3: Boxplots de las metaheurísticas para los conjuntos medianos

p-valores de la comparación entre MA y CHC para los conjuntos pequeños son  $6.934e-02$  para *accuracy* + reducción y  $7.80e-02$  para *kappa* + reducción. Por su parte, para los conjuntos medianos se tiene  $6.009e-01$  y  $7.172e-01$  respectivamente; lo cual implica que MA y CHC son estadísticamente similares.

De acuerdo a la información presentada anteriormente, se puede concluir que CHC es la mejor metaheurística para resolver el problema de selección de prototipos para los conjuntos pequeños, medianos y grandes. Ya que, junto a MA presenta los valores más elevados de *accuracy*, *kappa* y reducción, con la peculiaridad de que es la metaheurística que menos tiempo tarda en regresar un resultado. Lo cual lo hace el candidato ideal al momento de aumentar el tamaño de los conjuntos de datos.

### 3.2.3. Variaciones de las metaheurísticas

Después del proceso anterior, el paso inmediato a seguir es la combinación de las heurísticas con las metaheurísticas. La idea es evaluar las variaciones de cada metaheurística por separado, de tal manera de que se se identifique cuál heurística beneficia más a la metaheurística. La notación en la columna de “ALGORITMO” indica primero qué heurística se usó para inicializar la población y le sigue la metaheurística usada; un ejemplo es CNN-GGA, que indica que CNN es la heurística usada para inicializar la población de la metaheurística GGA. Para el caso de usar una población inicial aleatoria, se coloca simplemente el nombre de la metaheurística. La mejor variación de cada metaheurística se encuentra sombreada.

#### 3.2.3.1. Conjuntos pequeños

En esta sección se estudia el comportamiento de las variaciones de GGA, SSGA, MA y CHC al resolver el problema de selección de instancias sobre conjuntos pequeños. El objetivo es determinar cuál algoritmo presenta los mejores niveles de *accuracy*, *kappa* y reducción. Además, se estudia el tiempo que requiere cada algoritmo en dar una solución, con lo que se busca evaluar si hay una buena relación entre tiempo y calidad de los resultados.

Al estudiar los resultados obtenidos en la tabla 3.8, se pueden destacar los siguientes aspectos observados de las variaciones de GGA:

- GGA, ENN-GGA y ENN-RSS-GGA presentan los mejores niveles de *accuracy* y *kappa*. Esto se debe a que son las variantes que preservan la mayor cantidad de instancias y por lo tanto el resultado mantiene un buen nivel de representación del conjunto original.
- CNN-GGA presenta los niveles más bajos de *accuracy*. Esto sucede porque la población inicial es bastante reducida y concentrada en las fronteras, debido a CNN, y GGA no posee los mecanismos para diversificar la población en búsqueda de mejores soluciones.

ALGORITMO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
<b>GGA</b>	<b>0.8312</b>	<b>0.7525</b>	<b>0.7017</b>	<b>0.5557</b>	<b>0.5532</b>	<b>12.8250</b>
CNN-GGA	0.5736	0.4911	0.3525	0.2151	0.7491	33.4671
ENN-GGA	0.8533	0.7891	0.7327	0.6093	0.2611	14.6024
RSS-GGA	0.6626	0.6177	0.4044	0.3263	0.7717	21.5376
CNN-RSS-GGA	0.7883	0.6809	0.6353	0.4472	0.6221	43.1002
ENN-RSS-GGA	0.8973	0.7872	0.8182	0.6063	0.1994	36.5439
SSGA	0.8654	0.7716	0.7635	0.5917	0.8432	0.6655
CNN-SSGA	0.8791	0.7695	0.7840	0.5815	0.8425	1.2187
ENN-SSGA	0.8733	0.7919	0.7683	0.6112	0.7823	0.8601
<b>RSS-SSGA</b>	<b>0.8581</b>	<b>0.7726</b>	<b>0.7460</b>	<b>0.5905</b>	<b>0.8958</b>	<b>1.0116</b>
CNN-RSS-SSGA	0.8808	0.7742	0.7884	0.5974	0.8373	1.9109
EEN-RSS-SSGA	0.8843	0.7890	0.7904	0.6134	0.7586	1.6563
<b>MA</b>	<b>0.8570</b>	<b>0.7918</b>	<b>0.7440</b>	<b>0.6216</b>	<b>0.9561</b>	<b>4.1047</b>
CNN-MA	0.8653	0.7987	0.7519	0.6307	0.9486	5.9638
ENN-MA	0.8666	0.7930	0.7576	0.6215	0.9534	4.2491
RSS-MA	0.8446	0.7795	0.7137	0.5903	0.9630	4.6391
CNN-RSS-MA	0.8639	0.7848	0.7538	0.6090	0.9507	8.9884
ENN-RSS-MA	0.8736	0.7942	0.7716	0.6268	0.9474	8.3942
<b>CHC</b>	<b>0.8446</b>	<b>0.7843</b>	<b>0.7172</b>	<b>0.6084</b>	<b>0.9466</b>	<b>0.5266</b>
CNN-CHC	0.8495	0.7812	0.7269	0.6027	0.9385	0.7891
ENN-CHC	0.8429	0.7863	0.7179	0.6132	0.9424	0.7445
RSS-CHC	0.8383	0.7779	0.6963	0.5836	0.9546	0.7137
CNN-RSS-CHC	0.8442	0.7794	0.7099	0.5864	0.9437	1.1144
ENN-RSS-CHC	0.8484	0.7846	0.7224	0.6030	0.9333	1.0723

TABLA 3.8: Promedios de las distintas variaciones de cada metaheurística para los conjuntos pequeños

- CNN-GGA y RSS-GGA presentan los niveles más bajos de *kappa*, lo cual significa que los dos algoritmos generan conjuntos que incluyen principalmente elementos de la clase mayoritaria, dejando pocos representantes de las clases minoritarias que no ayudan a la correcta clasificación de las mismas. Estos valores por debajo del 35 % implican que entre los conjuntos pequeños hay conjuntos que están sesgados hacia una o más clases y los conjuntos construidos por CNN-GGA y RSS-GGA no logran representar correctamente las clases minoritarias.
- RSS-GGA presenta los mejores niveles de reducción. Esto ocurre porque la selección mixta de instancias que hace RSS le permite a GGA tener una búsqueda diversificada por el espacio de soluciones, lo que facilita la obtención de resultados con menos instancias.



- CNN-GGA también presenta buenos niveles de reducción porque CNN realiza casi toda la selección de instancias desde el principio.
- ENN-GGA y ENN-RSS-GGA presentan las tasas más bajas de reducción. Esto ocurre porque ENN naturalmente deja la mayor cantidad de instancias y GGA carece de los medios para realizar una reducción significativa de un conjunto densamente poblado.
- ENN-GGA y RSS-GGA son las variaciones, excluyendo a GGA, que menos tiempo toman en dar un resultado porque tanto ENN como RSS tienen una complejidad de  $O(n * \log(n))$  los cuales les permite devolver una respuesta rápidamente.
- CNN-GGA tarda más que ENN-GGA y que RSS-GGA por una combinación de factores que incluyen: los componentes estocásticos de CNN, que pueden ocasionar una elevada cantidad de iteraciones hasta converger a un conjunto; y la probabilidad de cruce elegida para GGA, la cual es de 48.37 %, lo trae como consecuencia que pasen muchas iteraciones intentando cruzar cromosomas para formar todos los elementos de cada generación. Cabe destacar que el promedio de tiempo de cómputo de CNN-GGA se ve afectado por dos casos atípicos: *Banknote* y *Winsconsin* para los cuales se reportan 280.39 segundos y 272.64 segundos (véase tabla B.13 en el apéndice B) para que el algoritmo culmine.

De las observaciones anteriores se puede concluir que GGA con población inicial aleatoria es la mejor variación de GGA; esto se debe a que presenta el mejor balance entre *accuracy*, *kappa* y reducción, además de que es la variante más rápida. El uso de heurísticas en este caso, no representa una mejoría significativa por el cual se justifique el costo adicional en tiempo que conlleva el uso de las heurísticas; las mismas introducen desequilibrios al enfocarse únicamente en *accuracy* y *kappa* (como el caso de ENN-GGA) o en reducción (como el caso de CNN).

Al pasar a los resultados obtenidos para las variaciones de SSGA, se puede observar:

- ENN-SSGA y ENN-RSS-SSGA presentan los mejores valores para *accuracy* y *kappa* producto de usar un conjunto inicial con la mayoría de las instancias del conjunto original.

- RSS-SSGA presenta la tasa de reducción más alta, gracias a la selección de instancias realizada por RSS, la cual introduce variedad en la búsqueda de SSGA.
- La diferencia entre la tasa más alta y la más baja de reducción es de 13.72 %, siendo la tasa más baja la de ENN-RSS-SSGA con 75.86 %. Este resultado muestra que SSGA puede conseguir buenas tasas de reducción inclusive con un conjunto inicial muy parecido al conjunto original en cardinalidad.
- Los mejores tiempos entre las variantes que usan heurísticas son los obtenidos por ENN-SSGA y RSS-SSGA, las razones son las mismas que las dadas para las variaciones de GGA.

De las consideraciones anteriores, se puede concluir que RSS-SSGA es la mejor variación de SSGA, ya que presenta la mayor tasa de reducción, estando 5.26 % por encima de SSGA con población inicial aleatoria, y mantiene buenos niveles de *accuracy* y *kappa*, razones que justifican el tiempo adicional de cómputo, que cabe destacar está por debajo de los dos segundos, lo que lo posiciona entre las metaheurísticas más rápidas.

Al evaluar los resultados obtenidos por las variaciones de MA, se observa:

- Todas las variaciones presentan valores similares de *accuracy* y *kappa*. El mayor *accuracy*, obtenido por ENN-RSS-MA, sólo está 0.24 % por encima del *accuracy* obtenido por MA con población inicial aleatoria. A su vez, el *kappa* obtenido por ENN-RSS-MA sólo está 0.52 % por encima del obtenido por MA.
- Todas las variaciones presentan tasas de reducción similares. RSS-MA, la variación que presenta la tasa de reducción más alta, está sólo 6.9e-03 % por encima de MA.

Al revisar los resultados obtenidos por las variaciones de CHC, se observa:

- Todas las variaciones presentan valores similares de *accuracy* y *kappa*. El mayor *accuracy*, obtenido por ENN-CHC, sólo está 0.2 % por encima de CHC con población inicial aleatoria. Por su parte, el *kappa* obtenido por ENN-CHC es sólo 0.48 % mayor que el obtenido por CHC.

- Todas las variaciones obtuvieron tasas de reducción similares. RSS-CHC, la variación que presenta la tasa de reducción más alta, está sólo 0.8 % por encima de CHC.

De las observaciones anteriores se concluye que MA y CHC son metaheurísticas capaces de obtener resultados consistentes independientemente de la población inicial que utilicen. Por lo tanto el uso de heurísticas no conlleva a un beneficio real y sólo aumenta el tiempo de cómputo, razón por la cual MA y CHC con población inicial aleatoria son las mejores variantes de sus respectivas metaheurísticas.

Las figuras 3.4 y 3.5 muestran *boxplots* de todas las variaciones de metaheurísticas para los conjuntos pequeños, de izquierda a derecha los *boxplots* representan las siguientes variaciones: '1':GGA, '2':CNN-GGA, '3':ENN-GGA, '4':RSS-GGA, '5':CNN-RSS-GGA, '6':ENN-RSS-GGA, '7':SSGA, '8':CNN-SSGA, '9':ENN-SSGA, '10':RSS-SSGA, '11':CNN-RSS-SSGA, '12':ENN-RSS-SSGA, '13':MA, '14':CNN-MA, '15':ENN-MA, '16':RSS-MA, '17':CNN-RSS-MA, '18':ENN-RSS-MA, '19':CHC, '20':CNN-CHC, '21':ENN-CHC, '22':RSS-CHC, '23':CNN-RSS-CHC y '24':ENN-RSS-CHC.

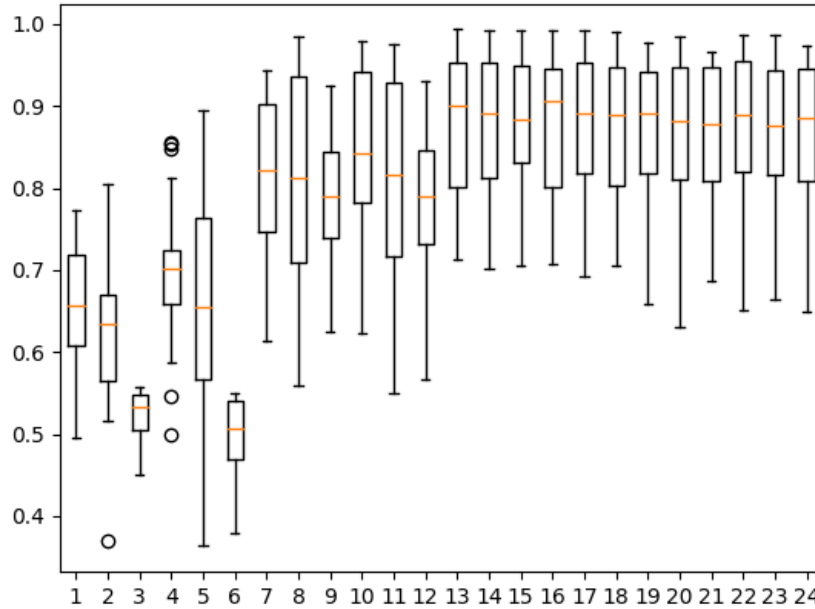


FIGURA 3.4: *Accuracy* + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos pequeños

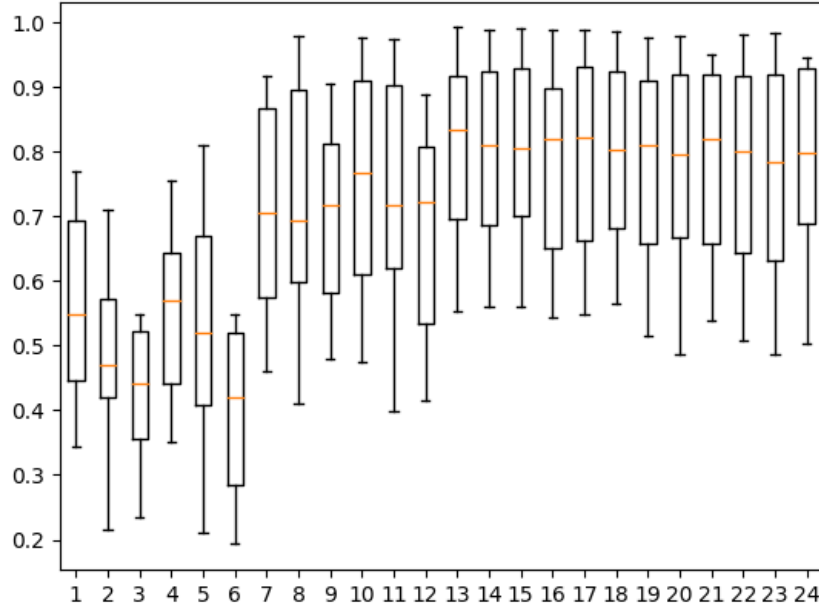


FIGURA 3.5: *Kappa* + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos pequeños

Los *boxplots* que van desde el número 13 hasta el 18 confirman que todas las variantes de MA presentan valores similares. Esto también sucede con CHC al ver los *boxplots* que van desde el 19 hasta el 24. Los p-valores de las tablas A.5 y A.6 en el anexo A muestran que todas las variantes son estadísticamente similares en *accuracy* + reducción y *kappa* + reducción.

De las figuras 3.4 y 3.5 también se puede apreciar que las variantes de MA y las de CHC presentan valores similares. Los resultados de la prueba *Wilcoxon* (ver tabla A.7 en el anexo A) para MA y CHC muestran p-valores iguales a  $6.934e-02$  para *accuracy* + reducción y  $7.800e-02$  para *kappa* + reducción, lo que implica que ambos algoritmos son estadísticamente similares.

Como la diferencia entre MA y CHC es el tiempo de cómputo, se tiene que CHC con población inicial aleatoria presenta los tiempos más cortos y por lo tanto es la mejor metaheurística para resolver el problema de selección de prototipos sobre conjuntos pequeños.

### 3.2.3.2. Conjuntos medianos

En esta sección se estudia el comportamiento de las variaciones de GGA, SSGA, MA y CHC al resolver el problema de selección de instancias sobre conjuntos medianos. El objetivo es determinar cuál algoritmo presenta los mejores niveles de *accuracy*, *kappa* y reducción. Además, se estudia el tiempo que requiere cada algoritmo en dar una solución, con lo que se busca evaluar si hay una buena relación entre tiempo y calidad de los resultados.

ALGORITMO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
<b>GGA</b>	<b>0.8702</b>	<b>0.7982</b>	<b>0.7375</b>	<b>0.5812</b>	<b>0.5641</b>	<b>110.0812</b>
CNN-GGA	0.7990	0.7051	0.5952	0.4426	0.7745	232.8342
ENN-GGA	0.8475	0.8071	0.6949	0.5965	0.2862	125.8465
RSS-GGA	0.8027	0.7520	0.5575	0.4547	0.6733	137.0381
CNN-RSS-GGA	0.8932	0.7890	0.7571	0.5516	0.5514	309.4603
ENN-RSS-GGA	0.9141	0.8155	0.8246	0.6168	0.1981	314.2968
SSGA	0.8431	0.8029	0.6676	0.5871	0.8392	3.5589
CNN-SSGA	0.8540	0.8007	0.6965	0.5923	0.8547	6.4410
ENN-SSGA	0.8200	0.8009	0.6324	0.5793	0.7459	5.6722
<b>RSS-SSGA</b>	<b>0.8302</b>	<b>0.8045</b>	<b>0.6389</b>	<b>0.5854</b>	<b>0.8690</b>	<b>5.9946</b>
CNN-RSS-SSGA	0.8586	0.8047	0.7043	0.5977	0.8121	10.5868
ENN-RSS-SSGA	0.8550	0.8078	0.7042	0.6004	0.7049	10.4293
MA	0.8057	0.7908	0.5825	0.5564	0.9624	73.3461
<b>CNN-MA</b>	<b>0.8116</b>	<b>0.8021</b>	<b>0.6000</b>	<b>0.5765</b>	<b>0.9572</b>	<b>57.3939</b>
ENN-MA	0.7938	0.7925	0.5747	0.5608	0.9707	67.5310
RSS-MA	0.7924	0.7893	0.5611	0.5449	0.9671	69.5927
CNN-RSS-MA	0.8051	0.8015	0.5962	0.5808	0.9654	121.2220
ENN-RSS-MA	0.8070	0.7971	0.5886	0.5653	0.9633	112.0309
<b>CHC</b>	<b>0.8313</b>	<b>0.8115</b>	<b>0.6347</b>	<b>0.5986</b>	<b>0.9455</b>	<b>2.8843</b>
CNN-CHC	0.8303	0.8081	0.6337	0.5925	0.9352	4.6572
ENN-CHC	0.8107	0.8032	0.6084	0.5834	0.9356	5.0976
RSS-CHC	0.8151	0.8058	0.6074	0.5851	0.9535	4.7450
CNN-RSS-CHC	0.8276	0.8073	0.6280	0.5871	0.9319	6.7859
ENN-RSS-CHC	0.8255	0.8074	0.6355	0.5944	0.9154	7.0284

TABLA 3.9: Promedios de las distintas variaciones de cada metaheurística para los conjuntos medianos

Al estudiar los resultados obtenidos en la tabla 3.9, se pueden destacar los siguientes aspectos observados de las variaciones de GGA:

- GGA, ENN-GGA y ENN-RSS-GGA presentan los mejores niveles de *accuracy* y *kappa*.
- CNN-GGA presenta los niveles más bajos de *accuracy*.
- CNN-GGA y RSS-GGA presentan los niveles más bajos de *kappa*. Al considerar que las otras variaciones obtienen un *kappa* superior al 55 %, mientras que CNN-GGA y RSS-GGA obtienen valores por debajo del 46 %, se puede concluir que estas últimas tienen problemas para distinguir las clases minoritarias.
- CNN-GGA presenta la tasa de reducción más alta con 77.45 %.
- ENN-GGA y ENN-RSS-GGA presentan las tasas más bajas de reducción.
- ENN-GGA y RSS-GGA son las variaciones, excluyendo a GGA, que menos tiempo toman en dar un resultado.

De las observaciones anteriores se puede concluir que GGA con población inicial aleatoria es la mejor variación de GGA; esto se debe a que presenta el mejor balance entre *accuracy*, *kappa* y reducción, además de que es la variante más rápida. Cabe destacar CNN-GA porque presenta un *accuracy* superior al 70 % a la vez que tiene la tasa de reducción más alta (21.04 % por encima de GGA); sin embargo, compromete los valores de *kappa* (13.86 % por debajo de GGA) y tarda aproximadamente el doble de tiempo que GGA para dar una respuesta, razones que desfavorecen a CNN-GGA al momento de elegir una variante para resolver el problema de selección de prototipos.

Al pasar a los resultados obtenidos para las variaciones de SSGA, se puede observar:

- Todas las variaciones presentan niveles similares de *accuracy*.
- ENN-RSS-SSGA presenta el porcentaje más alto de *kappa*, 1.33 % por encima de SSGA.
- RSS-SSGA presenta la tasa de reducción más alta, 2.98 % por encima de SSGA.
- Los mejores tiempos entre las variantes que usan heurísticas son los obtenidos por ENN-SSGA y RSS-SSGA. Ambas medidas se encuentran por debajo de los 7 segundos.

Como los resultados entre las variaciones son muy similares, se necesita evaluar los p-valores de la prueba *Wilcoxon*. En la tabla A.9 del apéndice A se puede apreciar que el p-valor de comparar RSS-SSGA con SSGA en *accuracy* + reducción es de 7.013e-03, lo que implica que existe una diferencia estadística entre los dos algoritmos. Por lo tanto RSS-SSGA, que presenta la mayor tasa de reducción a la vez que mantiene buenos niveles de *accuracy* y *kappa*, se puede considerar la mejor variación de SSGA.

Al evaluar los resultados obtenidos por las variaciones de MA, se observa:

- Todas las variaciones presentan valores similares de *accuracy* y *kappa*.
- Todas las variaciones presentan tasas de reducción similares.
- CNN-MA es la variación que menos tarda en devolver un resultado entre todas, incluso tardando menos que CNN con población inicial aleatoria. Esto se debe a que con la población proporcionada por CNN se disminuyó el número de veces que MA utilizó el proceso de optimización interna.

Al revisar los resultados obtenidos por las variaciones de CHC, se observa:

- Todas las variaciones presentan valores similares de *accuracy* y *kappa*.
- CHC, CNN-CHC, ENN-CHC, RSS-CHC y CNN-RSS-CHC obtuvieron tasas de reducción similares. ENN-RSS-CHC, por su parte, obtuvo las tasas más bajas de reducción, estando 3.01 % por debajo de CHC. Esta diferencia es estadísticamente significativa al observar los resultados de los p-valores para reducción en la tabla A.11 del anexo A.

De las observaciones anteriores se concluye que MA y CHC son metaheurísticas capaces de obtener resultados consistentes independientemente de la población inicial que utilicen. La decisión de cuales son las mejores variaciones depende del tiempo de cómputo: en el caso de MA, la mejor variación es CNN-MA; en el caso de CHC, CHC con población inicial aleatoria es la mejor.

Las figuras 3.6 y 3.7 muestran *boxplots* de todas las variaciones de metaheurísticas para los conjuntos medianos, de izquierda a derecha los *boxplots* representan las siguientes variaciones: '1':GGA, '2':CNN-GGA, '3':ENN-GGA, '4':RSS-GGA, '5':CNN-RSS-GGA, '6':ENN-RSS-GGA, '7':SSGA, '8':CNN-SSGA, '9':ENN-SSGA,

'10':RSS-SSGA, '11':CNN-RSS-SSGA, '12':ENN-RSS-SSGA, '13':MA, '14':CNN-MA, '15':ENN-MA, '16':RSS-MA, '17':CNN-RSS-MA, '18':ENN-RSS-MA, '19':CHC, '20':CNN-CHC, '21':ENN-CHC, '22':RSS-CHC, '23':CNN-RSS-CHC y '24':ENN-RSS-CHC.

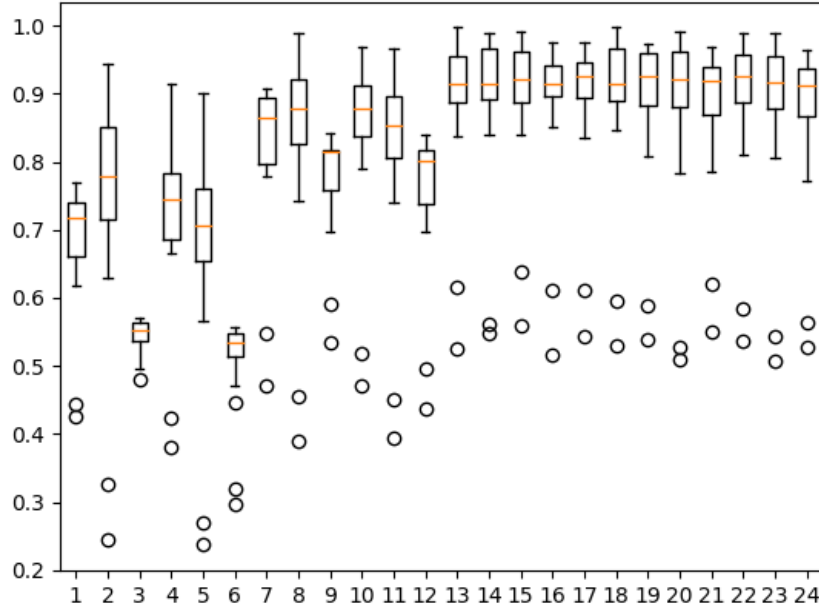


FIGURA 3.6: *Accuracy* + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos medianos

Los *boxplots* que van desde el número 13 hasta el 18 confirman que todas las variantes de MA presentan valores similares. Los p-valores de la tabla A.10 en el anexo A muestran que todas las variantes de MA son estadísticamente similares en *accuracy* + reducción y *kappa* + reducción

Los *boxplots* que van desde el 19 hasta el 24 muestran similitud entre las variantes de CHC. Al evaluar los p-valores de la tabla A.11 del anexo A se tiene que CHC, CNN-CHC, ENN-CHC y RSS-CHC son estadísticamente similares, mientras que CNN-RSS-CHC y ENN-RSS-CHC son distintos al resto; esto es porque presentan niveles más bajo de reducción.

De las figuras 3.4 y 3.5 también se puede apreciar que las variantes de MA y las de CHC presentan valores similares. Los resultados de la prueba *Wilcoxon* (ver tabla



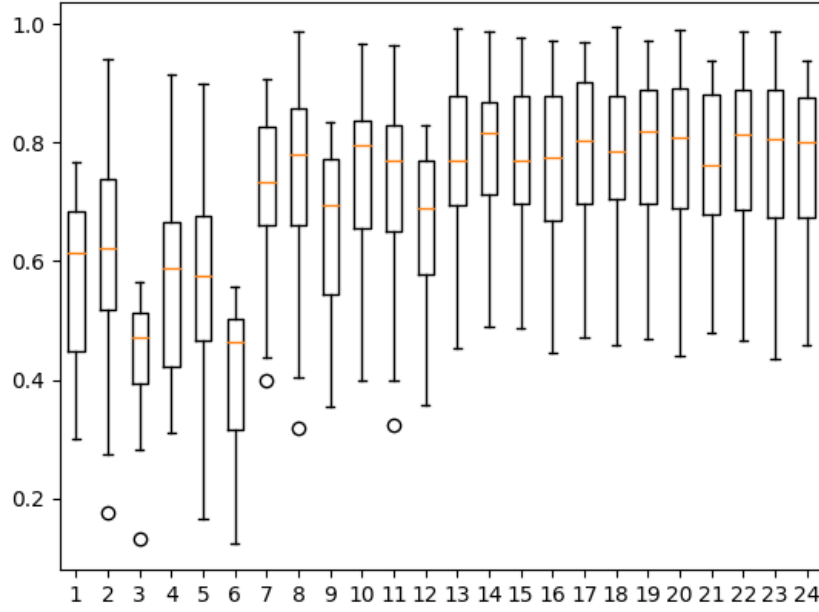


FIGURA 3.7: *Kappa* + reducción de las variaciones de las metaheurísticas para los conjuntos medianos

A.12 en el anexo A) para CNN-MA y CHC muestran p-valores iguales a  $6.292e-01$  para *accuracy* + reducción y  $5.197e-01$  para *kappa* + reducción, lo que implica que ambos algoritmos son estadísticamente similares.

Como la diferencia entre CNN-MA y CHC es el tiempo de cómputo, se tiene que CHC con población inicial aleatoria presenta los tiempos más cortos y por lo tanto es la mejor metaheurística para resolver el problema de selección de prototipos sobre conjuntos medianos.

### 3.2.3.3. Conjuntos Grandes

En esta sección se estudia el comportamiento de las variaciones de GGA, SSGA, MA y CHC al resolver el problema de selección de instancias sobre conjuntos grandes. El objetivo es determinar cuál algoritmo presenta los mejores niveles de *accuracy*, *kappa* y reducción. Además, se estudia el tiempo que requiere cada algoritmo en dar

una solución, con lo que se busca evaluar si hay una buena relación entre tiempo y calidad de los resultados.

ALGORITMO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
GGA	0.9316	0.8644	0.7994	0.6014	0.5050	672.0273
CNN-GGA	0.7106	0.6431	0.4478	0.3094	0.8409	1568.8913
ENN-GGA	0.9357	0.8890	0.7944	0.6453	0.1502	718.0400
<b>RSS-GGA</b>	<b>0.9150</b>	<b>0.8719</b>	<b>0.7227</b>	<b>0.5821</b>	<b>0.7083</b>	<b>1197.0505</b>
CNN-RSS-GGA	0.9455	0.8588	0.8410	0.5885	0.6089	2646.6438
ENN-RSS-GGA	0.9574	0.8798	0.8669	0.6238	0.1025	1703.4263
SSGA	0.8911	0.8743	0.6953	0.6201	0.8056	27.6637
CNN-SSGA	0.8897	0.8512	0.7002	0.5939	0.8807	90.1004
ENN-SSGA	0.9097	0.8892	0.7113	0.6441	0.6823	34.9024
<b>RSS-SSGA</b>	<b>0.8968</b>	<b>0.8826</b>	<b>0.6743</b>	<b>0.6271</b>	<b>0.8927</b>	<b>57.7995</b>
CNN-RSS-SSGA	0.9002	0.8634	0.7140	0.6069	0.8434	99.1629
ENN-RSS-SSGA	0.9112	0.8805	0.7245	0.6272	0.6668	78.5967
<b>MA</b>	<b>0.8904</b>	<b>0.8999</b>	<b>0.6499</b>	<b>0.6510</b>	<b>0.9973</b>	<b>256.1432</b>
CNN-MA	0.8925	0.8926	0.6360	0.6341	0.9884	612.7902
ENN-MA	0.8807	0.8902	0.6072	0.6145	0.9976	288.6525
RSS-MA	0.9000	0.9002	0.6347	0.6343	0.9746	527.9115
CNN-RSS-MA	0.8857	0.8951	0.6176	0.6160	0.9707	960.3951
ENN-RSS-MA	0.8746	0.8912	0.6292	0.6386	0.9969	443.0003
<b>CHC</b>	<b>0.8961</b>	<b>0.8934</b>	<b>0.6614</b>	<b>0.6506</b>	<b>0.9615</b>	<b>16.8665</b>
CNN-CHC	0.8903	0.8871	0.6554	0.6437	0.9771	38.3314
ENN-CHC	0.8993	0.8964	0.6746	0.6631	0.9233	27.3520
RSS-CHC	0.8972	0.8962	0.6591	0.6526	0.9819	41.1142
CNN-RSS-CHC	0.8945	0.8910	0.8945	0.6435	0.9719	50.5800
ENN-RSS-CHC	0.8975	0.8922	0.6721	0.6532	0.9099	47.4006

TABLA 3.10: Promedios de las distintas variaciones de cada metaheurística para los conjuntos grandes

Al estudiar los resultados obtenidos en la tabla 3.10, se pueden destacar los siguientes aspectos observados de las variaciones de GGA:

- RSS-GGA, ENN-GGA y ENN-RSS-GGA presentan los mejores niveles de *accuracy*.
- ENN-GGA y ENN-RSS-GGA presentan los mejores niveles de *kappa*.
- CNN-GGA presenta los peores porcentajes de *accuracy* y *kappa*.
- CNN-GGA y RSS-GGA presentan las mejores tasas de reducción.

- ENN-GGA y ENN-RSS-GGA presentan las peores tasas de reducción.
- ENN-GGA y RSS-GGA son las variaciones, excluyendo a GGA, que menos tiempo toman en dar un resultado.

De las observaciones anteriores se puede concluir que RSS-GGA es la mejor variación de GGA; esto se debe a que presenta el mejor balance entre *accuracy*, *kappa* y reducción. Cabe destacar que RSS-GGA obtiene una tasa de reducción 20.33 % mayor que GGA sin comprometer sus niveles de *accuracy* y *kappa*, lo cual justifica el costo adicional de tiempo que conlleva utilizar RSS.

Al pasar a los resultados obtenidos para las variaciones de SSGA, se puede observar:

- RSS-SSGA, ENN-SSGA y ENN-RSS-SSGA presentan los mejores valores para *accuracy* y *kappa*.
- RSS-SSGA y CNN-SSGA presentan las tasas de reducción más alta.
- Los mejores tiempos entre las variantes que usan heurísticas son los obtenidos por ENN-SSGA y RSS-SSGA. Ambas variaciones presentan tiempos por debajo del minuto.

De las consideraciones anteriores, se puede concluir que RSS-SSGA es la mejor variación de SSGA, ya que presenta la mayor tasa de reducción: 8.71 % por encima de SSGA con población inicial aleatoria, a la vez que mantiene buenos niveles de *accuracy* y *kappa*, razones que justifican el tiempo adicional de cómputo.

Al evaluar los resultados obtenidos por las variaciones de MA y CHC, se observa:

- Todas las variaciones presentan valores similares de *accuracy* y *kappa*.
- Todas las variaciones presentan tasas de reducción similares.

De las observaciones anteriores se concluye que MA y CHC son metaheurísticas capaces de obtener resultados consistentes independientemente de la población inicial que utilicen. Por lo tanto el uso de heurísticas no conlleva a un beneficio real y sólo aumenta el tiempo de cómputo, razón por la cual MA y CHC con población inicial aleatoria son las mejores variantes de sus respectivas metaheurísticas.

Al comparar todas las metaheurísticas, se tiene que las variantes de MA y CHC presentan los mejores valores en *accuracy*, *kappa* y reducción. Al contrastar MA con CHC se tiene que presentan valores de *accuracy* y *kappa* muy similares, la diferencia está en la tasa de reducción, donde MA supera en 3.58 % a CHC. Sin embargo, si se toma en cuenta que MA tarda 15 veces más en regresar un resultado y que CHC es la metaheurística más rápida; se puede concluir que CHC es la mejor metaheurística para resolver el problema de selección de prototipos sobre conjuntos grandes.

# Conclusiones y Recomendaciones

El presente trabajo de investigación implementó tres heurísticas y cuatro metaheurísticas con el fin de evaluar si la utilización de las heurísticas como métodos de inicialización de la población de las metaheurísticas mejora el *accuracy*, *kappa* y la tasa de reducción de las mismas en comparación con una inicialización aleatoria de la población. Además, se buscó determinar cuales son las mejores combinaciones de heurísticas y metaheurísticas al evaluarse bajo las métricas antes mencionadas.

Para lograr este cometido, se probaron todas las combinaciones posibles sobre conjuntos de datos pequeños, medianos y grandes. Es por ello que se usó el proceso de estratificación propuesto por *Cano, J. et al.* en [CHL05] para reducir los tiempos de cómputo de los conjuntos medianos y grandes. Por otra parte, se usó una herramienta de entonación conocida como *Irace* para conseguir los mejores parámetros para las distintas metaheurísticas.

De los resultados obtenidos se observa que la utilización de heurísticas no conllevan en una mejoría significativa. En el caso de GGA, el uso de heurísticas desbalancea la relación entre *accuracy*, *kappa* y reducción, esto se aprecia cuando cada algoritmo favorece una métrica sobre la otra. En el caso de MA y CHC se observan resultados similares entre todas las variaciones, lo que reafirma el hecho de que ambas metaheurísticas consiguen soluciones parecidas de manera consistente, independientemente de la población inicial. Sólo SSGA se benefició del uso de heurísticas, ya que obtuvo mejores tasas de reducción con RSS, aumentando en promedio 5.65 % sobre lo obtenido por SSGA con población inicial aleatoria.

Cuando se comparan todas las metaheurísticas, se tiene que las variantes de CHC y MA presentan los mejores valores de *accuracy*, *kappa* y reducción para los conjuntos de los tres tamaños, además, estas metaheurísticas son estadísticamente similares; por lo

tanto, se elige CHC con población inicial aleatoria como la mejor opción para resolver el problema de selección de prototipos para los conjuntos de los tres tamaños, porque es la metaheurística más rápida en devolver un resultado.

Las recomendaciones que se desprenden de esta investigación incluyen:

- Probar otras heurísticas y metaheurísticas a las utilizadas en este trabajo.
- Utilizar otras funciones de distancia distintas a la euclídea con el fin de incorporar conjuntos de datos categóricos.
- Plantear el problema de selección de prototipos como un problema de optimización multiobjetivo en relación al *accuracy*, *kappa*, reducción y tiempo para estudiar el comportamiento de los distintos algoritmos frente a la curva pareto obtenida.
- Probar herramientas de entonación distintas a *Irace* para evaluar el impacto de los parámetros sobre la obtención de resultados.

# Bibliografía

- [AD91] Hussein Almuallim and Thomas G Dietterich. Learning with many irrelevant features. In *AAAI*, volume 91, pages 547–552, 1991.
- [AFFL<sup>+</sup>11] Jesús Alcalá-Fdez, Alberto Fernández, Julián Luengo, Joaquín Derrac, Salvador García, Luciano Sánchez, and Francisco Herrera. Keel data-mining software tool: data set repository, integration of algorithms and experimental analysis framework. *Journal of Multiple-Valued Logic & Soft Computing*, 17, 2011.
- [AL03] Emile HL Aarts and Jan Karel Lenstra. *Local search in combinatorial optimization*. Princeton University Press, 2003.
- [Ale14] Flores Alejandro. *Metaheurísticas Bio-Inspiradas para Selección de Instancias*. PhD thesis, Undergraduate thesis, Departamento de Ciencias de la Computación, Universidad Simón Bolívar, Venezuela, 2014.
- [AP11] S Sakinah S Ahmad and Witold Pedrycz. Feature and instance selection via cooperative pso. In *Systems, Man, and Cybernetics (SMC), 2011 IEEE International Conference on*, pages 2127–2132. IEEE, 2011.
- [ASA15a] Ismail M Anwar, Khalid M Salama, and Ashraf M Abdelbar. Adr-miner: An ant-based data reduction algorithm for classification. In *Evolutionary Computation (CEC), 2015 IEEE Congress on*, pages 515–521. IEEE, 2015.
- [ASA15b] Ismail M Anwar, Khalid M Salama, and Ashraf M Abdelbar. Instance selection with ant colony optimization. *Procedia Computer Science*, 53:248–256, 2015.

- [Bat94] Roberto Battiti. Using mutual information for selecting features in supervised neural net learning. *IEEE Transactions on neural networks*, 5(4):537–550, 1994.
- [BF99] Carla E Brodley and Mark A Friedl. Identifying mislabeled training data. *Journal of artificial intelligence research*, 11:131–167, 1999.
- [BLN86] Carlo Batini, Maurizio Lenzerini, and Shamkant B. Navathe. A comparative analysis of methodologies for database schema integration. *ACM computing surveys (CSUR)*, 18(4):323–364, 1986.
- [CAB11] Cagatay Catal, Oral Alan, and Kerime Balkan. Class noise detection based on software metrics and roc curves. *Information Sciences*, 181(21):4867–4877, 2011.
- [CF01] Vicente Cerveron and Francesc J Ferri. Another move toward the minimum consistent subset: a tabu search approach to the condensed nearest neighbor rule. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B (Cybernetics)*, 31(3):408–413, 2001.
- [CHL05] José Ramón Cano, Francisco Herrera, and Manuel Lozano. Stratification for scaling up evolutionary prototype selection. *Pattern Recognition Letters*, 26(7):953–963, 2005.
- [CJ11] Ireneusz Czarnowski and Piotr Jędrzejowicz. Application of agent-based simulated annealing and tabu search procedures to solving the data reduction problem. *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science*, 21(1):57–68, 2011.
- [CKLS01] Munir Cochinwala, Verghese Kurien, Gail Lalk, and Dennis Shasha. Efficient data reconciliation. *Information Sciences*, 137(1-4):1–15, 2001.
- [CPSK07] Krzysztof J Cios, Witold Pedrycz, Roman W Swiniarski, and Lukasz Andrzej Kurgan. *Data mining: a knowledge discovery approach*. Springer Science & Business Media, 2007.
- [dA04] José Ramón Cano de Amo. *Reducción de datos basada en Selección Evolutiva de Instancias para Minería de Datos*. PhD thesis, PhD thesis,



- Departamento de Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial, Universidad de Granada, Spain, 2004.
- [DKT17] Dua Dheeru and Efi Karra Taniskidou. UCI machine learning repository, 2017.
- [DL97] Manoranjan Dash and Huan Liu. Feature selection for classification. *Intelligent data analysis*, 1(3):131–156, 1997.
- [Dor92] Marco Dorigo. Optimization, learning and natural algorithms. *PhD Thesis, Politecnico di Milano*, 1992.
- [Esh91] Larry J Eshelman. The chc adaptive search algorithm: How to have safe search when engaging in nontraditional genetic recombination. In *Foundations of genetic algorithms*, volume 1, pages 265–283. Elsevier, 1991.
- [ESK01] Russell C Eberhart, Yuhui Shi, and James Kennedy. *Swarm intelligence*. Elsevier, 2001.
- [FKP07] Alireza Farhangfar, Lukasz A Kurgan, and Witold Pedrycz. A novel framework for imputation of missing values in databases. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics-Part A: Systems and Humans*, 37(5):692–709, 2007.
- [FM17] Alejandro Flores and David M Mount. Nearest neighbor condensation with guarantees. 2017.
- [FR95] Thomas A Feo and Mauricio GC Resende. Greedy randomized adaptive search procedures. *Journal of global optimization*, 6(2):109–133, 1995.
- [FS69] Ivan P Fellegi and Alan B Sunter. A theory for record linkage. *Journal of the American Statistical Association*, 64(328):1183–1210, 1969.
- [FSS96] Usama M Fayyd, Gregory P Shapiro, and Padhraic Smyth. From data mining to knowledge discovery: An overview. 1996.

- [GCH08] Salvador García, José Ramón Cano, and Francisco Herrera. A memetic algorithm for evolutionary prototype selection: A scaling up approach. *Pattern Recognition*, 41(8):2693–2709, 2008.
- [GDCH12] Salvador Garcia, Joaquin Derrac, Jose Cano, and Francisco Herrera. Prototype selection for nearest neighbor classification: Taxonomy and empirical study. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 34(3):417–435, 2012.
- [GLH16] Salvador García, Julián Luengo, and Francisco Herrera. *Data preprocessing in data mining*. Springer, 2016.
- [Glo77] Fred Glover. Heuristics for integer programming using surrogate constraints. *Decision sciences*, 8(1):156–166, 1977.
- [Glo89] Fred Glover. Tabu search—part i. *ORSA Journal on computing*, 1(3):190–206, 1989.
- [GLS<sup>+</sup>13] Salvador Garcia, Julian Luengo, José Antonio Sáez, Victoria Lopez, and Francisco Herrera. A survey of discretization techniques: Taxonomy and empirical analysis in supervised learning. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 25(4):734–750, 2013.
- [Har68] Peter Hart. The condensed nearest neighbor rule (corresp.). *IEEE transactions on information theory*, 14(3):515–516, 1968.
- [Hol75] John H Holland. Adaptation in natural and artificial systems. an introductory analysis with application to biology, control, and artificial intelligence. *Ann Arbor, MI: University of Michigan Press*, pages 439–444, 1975.
- [HPK11] Jiawei Han, Jian Pei, and Micheline Kamber. *Data mining: concepts and techniques*. Elsevier, 2011.
- [K<sup>+</sup>95] Ron Kohavi et al. A study of cross-validation and bootstrap for accuracy estimation and model selection. In *Ijcai*, volume 14, pages 1137–1145. Montreal, Canada, 1995.

- [KCH<sup>+</sup>03] Won Kim, Byoung-Ju Choi, Eui-Kyeong Hong, Soo-Kyung Kim, and Doheon Lee. A taxonomy of dirty data. *Data mining and knowledge discovery*, 7(1):81–99, 2003.
- [KGV83] Scott Kirkpatrick, C Daniel Gelatt, and Mario P Vecchi. Optimization by simulated annealing. *science*, 220(4598):671–680, 1983.
- [KS96] Daphne Koller and Mehran Sahami. Toward optimal feature selection. Technical report, Stanford InfoLab, 1996.
- [LIDLC<sup>+</sup>16] Manuel López-Ibáñez, Jérémie Dubois-Lacoste, Leslie Pérez Cáceres, Mauro Birattari, and Thomas Stützle. The irace package: Iterated racing for automatic algorithm configuration. *Operations Research Perspectives*, 3:43–58, 2016.
- [LLIB06] Jose A Lozano, Pedro Larrañaga, Iñaki Inza, and Endika Bengoetxea. *Towards a new evolutionary computation: advances on estimation of distribution algorithms*, volume 192. Springer, 2006.
- [LM12] Huan Liu and Hiroshi Motoda. *Feature selection for knowledge discovery and data mining*, volume 454. Springer Science & Business Media, 2012.
- [LMD98] Huan Liul, Hiroshi Motoda, and Manoranjan Dash. A monotonic measure for optimal feature selection. In *European conference on machine learning*, pages 101–106. Springer, 1998.
- [LMS03] Helena R Lourenço, Olivier C Martin, and Thomas Stützle. Iterated local search. In *Handbook of metaheuristics*, pages 320–353. Springer, 2003.
- [LS<sup>+</sup>96] Huan Liu, Rudy Setiono, et al. A probabilistic approach to feature selection-a filter solution. In *ICML*, volume 96, pages 319–327. Cite-seer, 1996.
- [MH97] Nenad Mladenović and Pierre Hansen. Variable neighborhood search. *Computers & operations research*, 24(11):1097–1100, 1997.

- [NC12] Ferrante Neri and Carlos Cotta. Memetic algorithms and memetic computing optimization: A literature review. *Swarm and Evolutionary Computation*, 2:1–14, 2012.
- [Pea84] Judea Pearl. Heuristics: intelligent search strategies for computer problem solving. 1984.
- [PSL06] Kenneth Price, Rainer M Storn, and Jouni A Lampinen. *Differential evolution: a practical approach to global optimization*. Springer Science & Business Media, 2006.
- [SLI<sup>+</sup>01] Basilio Sierra, Elena Lazkano, Iñaki Inza, Marisa Merino, Pedro Larrañaga, and Jorge Quiroga. Prototype selection and feature subset selection by estimation of distribution algorithms. a case study in the survival of cirrhotic patients treated with tips. In *Conference on Artificial Intelligence in Medicine in Europe*, pages 20–29. Springer, 2001.
- [Tal09] El-Ghazali Talbi. *Metaheuristics: from design to implementation*, volume 74. John Wiley & Sons, 2009.
- [Ten99] Choh-Man Teng. Correcting noisy data. In *ICML*, pages 239–248. Cite-seer, 1999.
- [Vou98] Christos Voudouris. Guided local search—an illustrative example in function optimisation. *BT Technology Journal*, 16(3):46–50, 1998.
- [Wil72] Dennis L Wilson. Asymptotic properties of nearest neighbor rules using edited data. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, (3):408–421, 1972.
- [WXGZ16] Jiaheng Wang, Bing Xue, Xiaoying Gao, and Mengjie Zhang. A differential evolution approach to feature selection and instance selection. In *Pacific Rim International Conference on Artificial Intelligence*, pages 588–602. Springer, 2016.
- [XYC88] Lei Xu, Pingfan Yan, and Tong Chang. Best first strategy for feature selection. In *Pattern Recognition, 1988., 9th International Conference on*, pages 706–708. IEEE, 1988.

- 
- [YW09] Ying Yang and Geoffrey I Webb. Discretization for naive-bayes learning: managing discretization bias and variance. *Machine learning*, 74(1):39–74, 2009.
- [Zuk10] AV Zuhba. Np-completeness of the problem of prototype selection in the nearest neighbor method. *Pattern Recognition and Image Analysis*, 20(4):484–494, 2010.

# Apéndice A

## Pruebas por pares *Wilcoxon*

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
GGA					
vsSSGA	1.855e-02	2.142e-02	1.228e-05	1.229e-05	1.229e-05
vsMA	7.421e-03	2.643e-02	1.229e-05	1.229e-05	1.229e-05
vsCHC	3.822e-03	3.822e-03	1.228e-05	1.229e-05	1.229e-05
SSGA					
vsMA	1.373e-01	1.615e-01	1.229e-05	1.229e-05	2.543e-05
vsCHC	1.779e-01	3.395e-01	1.228e-05	1.229e-05	2.001e-05
MA					
vsCHC	1.873e-01	1.425e-01	8.401e-01	6.934e-02	7.800e-02

TABLA A.1:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para las distintas metaheurísticas sobre conjuntos pequeños

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
GGA					
vsSSGA	9.359e-01	4.688e-01	1.318e-04	1.318e-04	1.318e-04
vsMA	8.405e-01	3.547e-01	1.318e-04	1.318e-04	1.318e-04
vsCHC	5.197e-01	7.172e-01	1.318e-04	1.318e-04	1.318e-04
SSGA					
vsMA	1.842e-01	1.365e-01	1.318e-04	1.318e-04	1.318e-04
vsCHC	2.122e-01	4.939e-01	1.316e-04	1.318e-04	1.316e-04
MA					
vsCHC	1.57e-02	5.338e-02	9.100e-02	6.009e-01	7.172e-01

TABLA A.2:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para las distintas metaheurísticas sobre conjuntos medianos

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
RSS-GGA					
vsGGA	7.224e-05	6.451e-05	1.773e-05	6.446e-05	9.036e-01
vsCNN-RSS-GGA	8.481e-04	1.405e-04	2.257e-05	3.216e-03	4.758e-01
GGA					
vsCNN-RSS-GGA	4.927e-03	7.423e-03	9.263e-02	8.086e-01	3.130e-01

TABLA A.3:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para GGA sobre conjuntos pequeños

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
RSS-SSGA					
vsSSGA	6.865e-01	9.250e-01	1.772e-05	1.941e-04	4.162e-03
vsCNN-SSGA	5.774e-01	5.998e-01	2.692e-05	1.186e-03	1.430e-03
vsCNN-RSS-SSGA	6.476e-01	4.073e-01	1.229e-05	8.085e-05	2.699e-03
SSGA					
vsCNN-SSGA	7.366e-01	5.449e-01	9.317e-01	9.893e-01	8.191e-01
vsCNN-RSS-SSGA	7.570e-01	6.281e-01	6.964e-01	9.250e-01	7.366e-01
CNN-SSGA					
vsCNN-RSS-SSGA	2.418e-01	4.797e-02	5.933e-02	9.464e-01	1.658e-01

TABLA A.4:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para SSGA sobre conjuntos pequeños

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
MA					
vsCNN-MA	6.682e-01	6.892e-01	1.430e-03	6.668e-01	9.678e-01
vsENN-MA	9.678e-01	9.036e-01	1.617e-01	5.629e-01	9.036e-01
vsRSS-MA	1.035e-01	1.094e-01	2.469e-03	4.432e-01	2.418e-01
vsCNN-RSS-MA	1.353e-01	6.934e-02	6.932e-02	4.215e-02	3.704e-02
vsENN-RSS-MA	6.034e-01	3.967e-01	3.404e-03	3.002e-01	6.766e-01
CNN-MA					
vsENN-MA	1.918e-01	4.118e-01	1.261e-01	7.751e-01	9.893e-01
vsRSS-MA	2.227e-02	1.516e-02	4.073e-05	5.449e-01	1.155e-01
vsCNN-RSS-MA	8.571e-03	2.299e-02	2.879e-01	3.243e-02	2.831e-02
vsENN-RSS-MA	3.819e-01	5.629e-01	3.129e-01	3.194e-01	3.819e-01
ENN-MA					
vsRSS-MA	2.209e-01	1.919e-01	2.956e-04	9.036e-01	5.449e-01
vsCNN-RSS-MA	1.742e-01	3.129e-01	6.265e-01	1.855e-02	1.155e-01
vsENN-RSS-MA	9.464e-01	6.964e-01	1.479e-03	2.641e-01	8.401e-01
RSS-MA					
vsCNN-RSS-MA	4.576e-01	2.478e-01	1.822e-05	3.458e-01	8.415e-01
vsENN-RSS-MA	6.746e-02	3.955e-02	3.220e-05	7.982e-01	3.674e-01
CNN-RSS-MA					
vsENN-RSS-MA	3.002e-01	1.829e-01	1.793e-01	9.250e-01	3.674e-01

TABLA A.5:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para MA sobre conjuntos pequeños

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
CHC					
vsCNN-CHC	3.967e-01	4.432e-01	1.188e-02	1.658e-01	1.742e-01
vsENN-CHC	8.823e-01	8.506e-01	4.245e-02	3.674e-01	4.593e-01
vsRSS-CHC	5.629e-01	3.533e-01	6.642e-03	7.982e-01	6.571e-01
vsCNN-RSS-CHC	3.674e-01	1.284e-01	2.699e-01	4.593e-01	2.528e-01
vsENN-RSS-CHC	8.639e-01	9.464e-01	6.739e-04	9.797e-02	2.109e-01
CNN-CHC					
vsENN-CHC	2.418e-01	3.395e-01	8.823e-01	6.571e-01	5.812e-01
vsRSS-CHC	9.515e-01	4.118e-01	9.067e-05	1.658e-01	9.893e-01
vsCNN-RSS-CHC	9.886e-01	3.606e-01	2.418e-01	7.164e-01	8.191e-01
vsENN-RSS-CHC	3.615e-01	5.633e-01	2.528e-01	9.036e-01	7.982e-01
ENN-CHC					
vsRSS-CHC	4.432e-01	3.260e-01	1.498e-03	4.273e-01	9.464e-01
vsCNN-RSS-CHC	5.098e-01	3.002e-01	6.766e-01	9.893e-01	5.449e-01
vsENN-RSS-CHC	6.682e-01	3.819e-01	2.380e-02	2.109e-01	1.285e-01
RSS-CHC					
vsCNN-RSS-CHC	7.672e-01	6.186e-01	1.756e-03	6.092e-01	9.464e-01
vsENN-RSS-CHC	4.405e-01	3.819e-01	1.127e-04	2.418e-01	7.366e-01
CNN-RSS-CHC					
vsENN-RSS-CHC	7.317e-01	6.071e-01	1.913e-02	6.186e-01	6.766e-01

TABLA A.6:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para CHC sobre conjuntos pequeños

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
RSS-GGA					
vsRSS-SSGA	4.574e-05	6.451e-05	4.574e-05	1.229e-05	1.229e-05
vsMA	2.001e-05	3.624e-05	1.390e-05	1.229e-05	1.229e-05
vs CHC	2.257e-05	2.001e-05	2.541e-05	1.229e-05	1.229e-05
RSS-SSGA					
vsMA	3.243e-02	5.437e-02	1.822e-05	1.405e-04	6.022e-04
vsCHC	8.648e-02	1.353e-01	1.571e-05	1.941e-04	1.720e-03
MA					
vsCHC	1.873e-01	1.425e-01	8.401e-01	6.934e-02	7.800e-02

TABLA A.7:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para las mejores variantes de las metaheurísticas sobre conjuntos pequeños



ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
CNN-GGA					
vsGGA	6.249e-04	1.116e-03	3.307e-03	1.260e-02	7.662e-02
vsRSS-GGA	1.001e-02	1.712e-01	1.758e-02	4.209e-01	1.842e-01
vsCNN-RSS-GGA	2.137e-04	2.137e-04	1.318e-04	9.673e-04	1.124e-02
RSS-GGA					
vsGGA	1.001e-02	6.210e-03	2.543e-03	8.903e-03	8.092e-01
vsCNN-RSS-GGA	5.491e-03	7.231e-04	1.318e-04	2.137e-04	1.842e-01
GGA					
vsCNN-RSS-GGA	6.210e-03	1.576e-02	7.475e-01	1.000e+00	4.209e-01

TABLA A.8:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para GGA sobre conjuntos medianos

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
RSS-SSGA					
vsSSGA	4.326e-01	9.100e-02	4.274e-03	7.013e-03	5.857e-02
vsCNN-SSGA	4.093e-01	5.732e-01	3.760e-01	2.772e-01	6.874e-01
vsCNN-RSS-SSGA	9.039e-01	1.474e-01	1.318e-04	1.318e-04	6.249e-04
SSGA					
vsCNN-SSGA	4.421e-02	2.196e-01	4.862e-02	1.712e-01	1.712e-01
vsCNN-RSS-SSGA	3.341e-01	7.782e-01	1.909e-01	1.978e-01	2.598e-01
CNN-SSGA					
vsCNN-RSS-SSGA	2.263e-03	3.858e-02	2.137e-04	4.634e-04	1.696e-03

TABLA A.9:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para SSGA sobre conjuntos medianos

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
MA					
vsCNN-MA	3.760e-01	6.292e-01	4.688e-01	1.000e+00	7.782e-01
vsENN-MA	5.066e-01	3.981e-01	3.958e-01	3.869e-01	3.271e-01
vsRSS-MA	5.094e-02	4.862e-02	3.241e-01	4.688e-01	2.273e-01
vsCNN-RSS-MA	6.009e-01	4.209e-01	8.721e-01	6.874e-01	6.874e-01
vsENN-RSS-MA	8.446e-01	8.789e-01	9.679e-01	7.172e-01	9.359e-01
CNN-MA					
vsENN-MA	8.789e-01	9.826e-01	2.954e-01	4.445e-01	4.445e-01
vsRSS-MA	5.341e-02	1.075e-01	4.445e-01	4.939e-01	3.144e-01
vsCNN-RSS-MA	9.679e-01	7.172e-01	7.782e-01	6.009e-01	5.732e-01
vsENN-RSS-MA	2.122e-01	4.445e-01	1.989e-01	9.039e-01	9.358e-01
ENN-MA					
vsRSS-MA	1.075e-01	1.712e-01	6.475e-01	2.954e-01	1.531e-01
vsCNN-RSS-MA	3.547e-01	3.981e-01	3.981e-01	4.209e-01	6.580e-01
vsENN-RSS-MA	9.519e-01	8.092e-01	8.721e-01	8.721e-01	5.732e-01
RSS-MA					
vsCNN-RSS-MA	7.908e-03	1.758e-02	1.842e-01	2.432e-01	7.662e-02
vsENN-RSS-MA	7.662e-02	5.341e-02	4.939e-01	8.721e-01	5.461e-01
CNN-RSS-MA					
vsENN-RSS-MA	1.365e-01	2.122e-01	5.732e-01	1.842e-01	3.760e-01

TABLA A.10:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para MA sobre conjuntos medianos

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor	p-valor
CHC					
vsCNN-CHC	5.817e-02	5.094e-02	8.248e-01	3.652e-01	1.262e-01
vsENN-CHC	6.009e-01	8.092e-01	4.862e-02	2.977e-02	8.356e-02
vsRSS-CHC	2.179e-02	1.124e-02	2.977e-02	9.679e-01	2.772e-01
vsCNN-RSS-CHC	2.977e-02	2.977e-02	2.422e-02	7.901e-03	1.000e-02
vsENN-RSS-CHC	2.351e-01	1.000e+00	2.134e-04	1.819e-04	8.375e-04
CNN-CHC					
vsENN-CHC	7.226e-01	4.074e-01	1.119e-01	1.590e-01	5.197e-01
vsRSS-CHC	6.579e-01	5.197e-01	1.227e-02	2.273e-01	2.432e-01
vsCNN-RSS-CHC	7.172e-01	5.066e-01	9.896e-02	6.707e-02	2.122e-01
vsENN-RSS-CHC	6.292e-01	1.712e-01	2.977e-02	3.820e-02	4.860e-02
ENN-CHC					
vsRSS-CHC	8.353e-02	2.688e-02	5.857e-02	3.292e-02	3.547e-01
vsCNN-RSS-CHC	2.860e-01	5.857e-02	4.445e-01	4.209e-01	6.009e-01
vsENN-RSS-CHC	9.306e-01	9.133e-01	1.476e-03	1.576e-02	1.590e-01
RSS-CHC					
vsCNN-RSS-CHC	7.475e-01	8.405e-01	3.411e-04	4.634e-04	2.688e-02
vsENN-RSS-CHC	4.565e-01	1.075e-01	1.316e-04	3.416e-04	1.758e-02
CNN-RSS-CHC					
vsENN-RSS-CHC	1.841e-01	6.415e-02	1.981e-02	5.857e-02	3.981e-01

TABLA A.11:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para CHC sobre conjuntos medianos

ALGORITMO	ACCURACY	KAPPA	REDUCCIÓN	ACCURACY + REDUCCIÓN	KAPPA + REDUCCIÓN
CNN-GGA					
vsRSS-SSGA	2.502e-04	6.249e-04	1.410e-02	2.137e-04	2.137e-04
vsCNN-MA	2.502e-04	8.375e-04	1.822e-04	1.318e-04	1.318e-04
vsCHC	2.137e-04	3.416e-04	2.137e-04	1.318e-04	1.318e-04
RSS-SSGA					
vsCNN-MA	8.092e-01	7.475e-01	1.316e-04	1.318e-04	2.134e-04
vsCHC	1.576e-02	8.903e-03	1.551e-04	1.318e-04	1.318e-04
CNN-MA					
vsCHC	3.820e-02	1.260e-02	1.365e-01	6.292e-01	5.197e-01

TABLA A.12:  $p$ -valor de pruebas de rangos con signo de *Wilcoxon* para las mejores variantes de las metaheurísticas sobre conjuntos medianos

# Apéndice B

## Resultados de todos los conjuntos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9593	0.8800	0.9389	0.8200	0.8887	0.0134
cleveland	0.9181	0.5487	0.8722	0.3055	0.5478	0.0462
led7digit	0.5864	0.5200	0.5390	0.4640	0.6088	0.0939
pima	0.8898	0.6570	0.7604	0.2590	0.6728	0.1904
wdbc	0.9629	0.9081	0.9212	0.8053	0.9044	0.1447
monk2	0.9277	0.8079	0.8550	0.6140	0.7792	0.0684
wisconsin	0.9642	0.9185	0.9190	0.8137	0.9293	0.1470
wine	0.9662	0.9075	0.9483	0.8563	0.8944	0.0103
glass	0.9497	0.7705	0.9275	0.6626	0.6972	0.0209
banknote	0.9978	0.9913	0.9956	0.9824	0.9808	0.3733
appendicitis	0.9224	0.7850	0.7345	0.2999	0.8066	0.0050
balance	0.9181	0.7347	0.8584	0.5484	0.7547	0.1245
bands	0.8962	0.6652	0.7811	0.3061	0.6425	0.0734
contraceptive	0.8363	0.4231	0.7477	0.1159	0.4833	0.6498
dermatology	0.9758	0.9262	0.9692	0.9063	0.8866	0.0671
ecoli	0.9332	0.7769	0.9035	0.6778	0.7292	0.0449
haberman	0.8882	0.6439	0.7110	0.1313	0.6703	0.0353
hayes-roth	0.8139	0.6938	0.7066	0.5119	0.6250	0.0151
heart	0.8996	0.7037	0.7961	0.3968	0.7241	0.0275
hepatitis	0.9333	0.7375	0.7451	0.0611	0.7725	0.0011
mammographic	0.8470	0.7133	0.6938	0.4256	0.7204	0.2016
newthyroid	0.9788	0.9256	0.9515	0.8312	0.9102	0.0108
tae	0.8749	0.6029	0.8123	0.3993	0.5589	0.0074
vehicle	0.9118	0.6670	0.8822	0.5553	0.6681	0.2286
vowel	0.9881	0.9444	0.9869	0.9389	0.8066	0.2923
yeast	0.9012	0.5087	0.8718	0.3619	0.5252	0.6199

TABLA B.1: Resultados de CNN para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9048	0.8374	0.8185	0.6723	0.8146	0.1792
cardiotocography	0.9283	0.8802	0.8275	0.6843	0.8098	0.0438
eye-state	0.8835	0.7799	0.7753	0.5563	0.6718	2.1157
page-blocks	0.9556	0.9377	0.8149	0.6798	0.9109	0.1955
penbased	0.9815	0.9858	0.9806	0.9842	0.9108	0.9328
satimage	0.9276	0.8696	0.9133	0.8399	0.8043	0.4847
thyroid	0.9212	0.8849	0.6208	0.3725	0.8603	0.4934
segment	0.8419	0.1567	0.8172	0.0162	0.2219	0.0927
coil2000	0.8586	0.8008	0.3599	0.0613	0.8172	1.8300
magic	0.8573	0.7566	0.7066	0.4752	0.7365	3.0852
marketing	0.7892	0.2641	0.7616	0.1632	0.3017	0.6029
phoneme	0.9071	0.8449	0.7927	0.6278	0.7695	0.2589
ring	0.9078	0.8369	0.8255	0.6731	0.7802	0.5239
spambase	0.8933	0.8360	0.7885	0.6588	0.7774	0.3424
texture	0.9807	0.9791	0.9797	0.9770	0.8454	0.3805
titanic	0.7511	0.7587	0.3155	0.3187	0.7301	0.0284
twonorm	0.9156	0.8905	0.8411	0.7811	0.8803	0.4941

TABLA B.2: Resultados de CNN para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7843	0.6334	0.4839	0.1226	0.6591	1.9767
shuttle	0.9793	0.9982	0.9954	0.9948	0.9775	4.5940

TABLA B.3: Resultados de CNN para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9541	0.9533	0.9311	0.9300	0.1420	0.0150
cleveland	0.6712	0.5784	0.4599	0.2935	0.4542	0.0532
led7digit	0.7427	0.6820	0.7129	0.6448	0.3712	0.1037
pima	0.8080	0.7324	0.5599	0.3828	0.3195	0.2318
wdbc	0.9678	0.9576	0.9297	0.9069	0.1366	0.2143
monk2	0.8403	0.7193	0.6776	0.4348	0.2690	0.0998
wisconsin	0.9766	0.9636	0.9481	0.9185	0.1327	0.2239
wine	0.9538	0.9588	0.9301	0.9381	0.1416	0.0226
glass	0.8230	0.7236	0.7475	0.6014	0.2715	0.0365
banknote	0.9979	0.9978	0.9957	0.9956	0.1019	0.7042
appendicitis	0.9507	0.9538	0.7422	0.7140	0.1764	0.0062
balance	0.9141	0.8738	0.8395	0.7642	0.2370	0.1610
bands	0.7787	0.6975	0.5033	0.3168	0.3247	0.0989
contraceptive	0.6286	0.4679	0.4260	0.1802	0.5192	0.6643
dermatology	0.9631	0.9434	0.9530	0.9281	0.1374	0.1330
ecoli	0.8823	0.8270	0.8298	0.7476	0.2464	0.0721
haberman	0.8046	0.7050	0.4219	0.0917	0.3203	0.0411
hayes-roth	0.8076	0.6500	0.6932	0.4333	0.3188	0.0137
heart	0.8617	0.8074	0.7197	0.6093	0.2681	0.0499
hepatitis	0.9111	0.9125	0.4840	0.3857	0.2188	0.0035
mammographic	0.8470	0.7783	0.6941	0.5564	0.2835	0.2779
newthyroid	0.9633	0.9456	0.9109	0.8603	0.1330	0.0302
tae	0.7572	0.5304	0.6328	0.2794	0.3331	0.0094
vehicle	0.7851	0.6927	0.7135	0.5902	0.3241	0.3354
vowel	0.9892	0.9758	0.9881	0.9733	0.1097	0.4254
yeast	0.6849	0.5736	0.5837	0.4364	0.4463	0.6923

TABLA B.4: Resultados de ENN para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9326	0.8872	0.8743	0.7725	0.1990	0.2991
cardiotocography	0.9370	0.9001	0.8389	0.7138	0.2230	0.0746
eye-state	0.9090	0.8286	0.8273	0.6555	0.2969	3.2362
page-blocks	0.9689	0.9660	0.8697	0.8064	0.1403	0.4002
penbased	0.9844	0.9924	0.9837	0.9915	0.1165	1.9932
satimage	0.9240	0.8957	0.9084	0.8712	0.2155	0.9814
thyroid	0.9438	0.9454	0.5127	0.4180	0.1494	0.9467
segment	0.2884	0.1424	0.1715	-0.0005	0.8134	0.0565
coil2000	0.9375	0.9314	0.2698	0.0648	0.1964	4.5221
magic	0.8916	0.8304	0.7672	0.6109	0.2749	4.9207
marketing	0.4367	0.3002	0.3540	0.1954	0.7031	0.4916
phoneme	0.9303	0.8860	0.8470	0.7267	0.2434	0.3277
ring	0.6748	0.6045	0.3553	0.2022	0.4272	0.7776
spambase	0.9377	0.9067	0.8800	0.8025	0.2294	0.6905
texture	0.9771	0.9825	0.9758	0.9808	0.1461	0.8034
titanic	0.6370	0.6461	0.2409	0.2508	0.3445	0.0323
twonorm	0.9723	0.9526	0.9545	0.9051	0.1454	0.9818

TABLA B.5: Resultados de ENN para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8725	0.7804	0.5911	0.2965	0.2756	2.8839
shuttle	0.9985	0.9986	0.9964	0.9961	0.0234	9.4477

TABLA B.6: Resultados de ENN para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9496	0.9400	0.9244	0.9100	0.8127	0.0074
cleveland	0.7550	0.5943	0.6066	0.3414	0.5936	0.0332
led7digit	0.6871	0.6500	0.6511	0.6093	0.7522	0.0586
pima	0.8291	0.6808	0.6142	0.2740	0.6229	0.1369
wdbc	0.9260	0.9234	0.8363	0.8297	0.8798	0.1131
monk2	0.8153	0.7848	0.6301	0.5693	0.7972	0.0507
wisconsin	0.9545	0.9343	0.8970	0.8506	0.8772	0.2640
wine	0.9457	0.9174	0.9176	0.8758	0.8298	0.0130
glass	0.8053	0.7021	0.7126	0.5569	0.6636	0.0158
banknote	0.9871	0.9825	0.9739	0.9645	0.9160	0.5805
appendicitis	0.9299	0.9175	0.6883	0.5848	0.7660	0.0032
balance	0.7562	0.7359	0.5849	0.5519	0.9219	0.0962
bands	0.8137	0.6446	0.6086	0.2608	0.5814	0.0485
contraceptive	0.7128	0.4589	0.5543	0.1619	0.5452	0.4976
dermatology	0.9476	0.9294	0.9327	0.9095	0.8377	0.0566
ecoli	0.8409	0.7627	0.7669	0.6495	0.7074	0.0361
haberman	0.7985	0.7144	0.4423	0.1849	0.6742	0.0281
hayes-roth	0.7201	0.5375	0.5582	0.2597	0.6538	0.0071
heart	0.8342	0.7704	0.6618	0.5321	0.6889	0.0322
hepatitis	0.8528	0.7625	0.4282	0.1196	0.7725	0.0016
mammographic	0.8086	0.7289	0.6161	0.4567	0.7412	0.1620
newthyroid	0.8927	0.8703	0.6855	0.6091	0.8716	0.0266
tae	0.7476	0.5438	0.6206	0.3105	0.5669	0.0050
vehicle	0.8030	0.6763	0.7372	0.5679	0.6489	0.2051
vowel	0.8783	0.8242	0.8662	0.8067	0.7148	0.2364
yeast	0.7523	0.5103	0.6762	0.3603	0.5646	0.4852

TABLA B.7: Resultados de RSS para conjuntos pequeños



CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8832	0.8677	0.7700	0.7277	0.6826	0.2696
cardiotocography	0.8837	0.8804	0.6574	0.6236	0.7527	0.0583
eye-state	0.8573	0.7865	0.7162	0.5585	0.5803	2.3796
page-blocks	0.9458	0.9487	0.7605	0.7310	0.8753	0.5875
penbased	0.9808	0.9870	0.9798	0.9855	0.5199	1.6799
satimage	0.8946	0.8699	0.8727	0.8402	0.5017	0.7375
thyroid	0.9102	0.8786	0.5998	0.3867	0.7890	0.6370
segment	0.6277	0.1558	0.5674	0.0152	0.4549	0.0819
coil2000	0.9150	0.8985	0.2946	0.0651	0.7542	2.1691
magic	0.8403	0.7997	0.6373	0.5237	0.6706	3.4522
marketing	0.6410	0.2679	0.5927	0.1662	0.4565	0.5593
phoneme	0.8302	0.8139	0.5365	0.4669	0.6358	0.3402
ring	0.9631	0.8603	0.9362	0.7199	0.5577	0.9070
spambase	0.9137	0.8860	0.8266	0.7550	0.6110	0.3883
texture	0.9641	0.9645	0.9615	0.9610	0.5837	0.5338
titanic	0.6761	0.6820	0.0249	0.0230	0.8892	0.1321
twonorm	0.9263	0.9207	0.8625	0.8413	0.6952	0.7287

TABLA B.8: Resultados de RSS para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8367	0.7475	0.4858	0.2049	0.5967	2.1960
shuttle	0.9985	0.9987	0.9964	0.9964	0.8505	19.2569

TABLA B.9: Resultados de RSS para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9578	0.9333	0.9367	0.9000	0.4860	1.6052
cleveland	0.7383	0.5825	0.5962	0.3419	0.5485	6.5904
led7digit	0.6893	0.6480	0.6540	0.6072	0.5488	9.0854
pima	0.8317	0.6768	0.6240	0.2754	0.5402	17.3229
wdbc	0.9733	0.9492	0.9420	0.8889	0.5409	23.3391
monk2	0.8673	0.7822	0.7336	0.5629	0.5329	8.2115
wisconsin	0.9730	0.9504	0.9394	0.8886	0.5313	15.1765
wine	0.9632	0.9353	0.9445	0.9030	0.5129	2.5872
glass	0.7006	0.6131	0.5633	0.4205	0.6154	3.4891
banknote	0.9984	0.9957	0.9967	0.9912	0.5497	29.7193
appendicitis	0.8901	0.8738	0.6201	0.5506	0.5321	1.0743
balance	0.8964	0.8034	0.8158	0.6503	0.5368	12.4007
bands	0.7987	0.6696	0.5676	0.3031	0.5471	10.1985
contraceptive	0.6950	0.4366	0.5287	0.1354	0.5538	38.9566
dermatology	0.9709	0.9496	0.9631	0.9364	0.5212	15.6820
ecoli	0.8591	0.8110	0.7956	0.7203	0.5548	6.6674
haberman	0.8072	0.6772	0.4823	0.1404	0.5516	4.6479
hayes-roth	0.5444	0.5125	0.2700	0.2143	0.6838	1.8741
heart	0.8407	0.7593	0.6745	0.5086	0.5300	5.5938
hepatitis	0.8611	0.8250	0.4622	0.2541	0.5100	1.0918
mammographic	0.8450	0.7373	0.6895	0.4739	0.5405	17.2283
newthyroid	0.9618	0.9504	0.9073	0.8607	0.5135	2.7401
tae	0.4696	0.4042	0.2095	0.0909	0.7205	1.8484
vehicle	0.8158	0.6925	0.7541	0.5897	0.5595	26.8813
vowel	0.9247	0.8697	0.9172	0.8567	0.5658	28.9557
yeast	0.7370	0.5263	0.6575	0.3821	0.5566	40.4827

TABLA B.10: Resultados de GGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9336	0.8670	0.8660	0.7317	0.5339	50.4962
cardiotocography	0.9359	0.8954	0.8168	0.6954	0.5731	19.7200
eye-state	0.9002	0.8108	0.7984	0.6177	0.5512	209.4679
page-blocks	0.9760	0.9573	0.8652	0.7563	0.5420	60.4759
penbased	0.9950	0.9913	0.9944	0.9904	0.5456	155.4689
satimage	0.9440	0.8931	0.9310	0.8684	0.5439	114.2495
thyroid	0.9697	0.9384	0.7598	0.4854	0.5408	99.9336
segment	0.4049	0.1468	0.3057	0.0045	0.7051	23.9123
coil2000	0.9448	0.9002	0.4752	0.0612	0.5412	320.5003
magic	0.9008	0.8061	0.7793	0.5617	0.5466	257.4847
marketing	0.5472	0.2673	0.4840	0.1647	0.6214	93.4540
phoneme	0.9310	0.8701	0.8307	0.6803	0.5455	53.9916
ring	0.7438	0.6525	0.4848	0.2999	0.6361	98.3467
spambase	0.9463	0.8900	0.8873	0.7689	0.5521	98.5384
texture	0.9880	0.9781	0.9868	0.9759	0.5505	104.2189
titanic	0.7621	0.7624	0.3333	0.3332	0.5249	10.2480
twonorm	0.9698	0.9426	0.9395	0.8852	0.5358	100.8737

TABLA B.11: Resultados de GGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8641	0.7299	0.6008	0.2059	0.5073	505.3758
shuttle	0.9990	0.9990	0.9979	0.9969	0.5026	838.6788

TABLA B.12: Resultados de GGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.3030	0.3200	-0.0456	-0.0200	0.9240	6.3656
cleveland	0.5293	0.3679	0.3537	0.1336	0.6963	5.9664
led7digit	0.6047	0.5360	0.5591	0.4826	0.4976	7.5702
pima	0.7962	0.6137	0.5746	0.1733	0.6272	15.2452
wdbc	0.6694	0.6784	0.3348	0.3413	0.9313	43.9950
monk2	0.7477	0.7167	0.4912	0.4271	0.7556	8.0582
wisconsin	0.3132	0.3147	-0.1204	-0.1146	0.9529	272.6415
wine	0.3945	0.3988	0.0050	0.0191	0.9202	7.4435
glass	0.4090	0.3240	0.1886	0.0510	0.8065	4.2692
banknote	0.5184	0.5102	0.0812	0.0678	0.9848	280.3950
appendicitis	0.1747	0.1563	-0.0476	-0.0932	0.9358	3.0004
balance	0.9204	0.7651	0.8647	0.5975	0.6248	14.6300
bands	0.7986	0.6423	0.5860	0.2476	0.5633	7.3417
contraceptive	0.9028	0.4222	0.8500	0.1121	0.3169	28.9513
dermatology	0.4545	0.4624	0.3400	0.3427	0.9212	23.5747
ecoli	0.5530	0.5303	0.4009	0.3704	0.8086	8.2870
haberman	0.6193	0.5517	0.2413	0.0795	0.7000	4.7037
hayes-roth	0.5792	0.5875	0.3234	0.3317	0.6288	1.3488
heart	0.6284	0.5444	0.2698	0.1018	0.7552	5.2345
hepatitis	0.2208	0.1750	0.0044	-0.0382	0.8950	2.3698
mammographic	0.7618	0.6639	0.5233	0.3270	0.6719	18.7637
newthyroid	0.3228	0.3650	0.1216	0.1462	0.9470	17.0849
tae	0.4702	0.3988	0.2035	0.1067	0.6715	1.2970
vehicle	0.7324	0.6024	0.6424	0.4689	0.6746	22.3047
vowel	0.5860	0.6020	0.5446	0.5622	0.8578	29.2790
yeast	0.9031	0.5188	0.8737	0.3691	0.4065	30.0230

TABLA B.13: Resultados de CNN-GGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8370	0.7930	0.6838	0.5855	0.8698	143.1180
cardiotocography	0.7095	0.6793	0.4598	0.3887	0.8567	60.1878
eye-state	0.8868	0.7900	0.7828	0.5787	0.6282	231.2230
page-blocks	0.7852	0.7752	0.3919	0.3442	0.9472	694.1560
penbased	0.9485	0.9540	0.9438	0.9488	0.9346	515.6620
satimage	0.8691	0.8292	0.8420	0.7911	0.8576	238.5030
thyroid	0.8393	0.8158	0.4006	0.2771	0.8964	280.0980
segment	0.7321	0.1606	0.6891	0.0207	0.3306	21.6793
coil2000	0.7481	0.7008	0.2124	0.0491	0.8571	339.5150
magic	0.8244	0.7278	0.6557	0.4453	0.7179	426.6730
marketing	0.7031	0.2532	0.6639	0.1514	0.3992	87.8192
phoneme	0.7686	0.7270	0.5190	0.4164	0.8306	243.0430
ring	0.8275	0.7330	0.6640	0.4633	0.7424	197.2490
spambase	0.8256	0.7844	0.6574	0.5640	0.8252	93.0783
texture	0.8071	0.8042	0.7888	0.7846	0.8905	151.4730
titanic	0.5624	0.5702	-0.0657	-0.0621	0.7318	31.2225
twonorm	0.9095	0.8884	0.8291	0.7768	0.8511	203.4820

TABLA B.14: Resultados de CNN-GGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7000	0.5640	0.3824	0.1055	0.6966	563.6650
shuttle	0.7212	0.7222	0.5131	0.5134	0.9852	2574.1175

TABLA B.15: Resultados de CNN-GGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9541	0.9533	0.9311	0.9300	0.1413	1.4803
cleveland	0.6738	0.5659	0.4545	0.2666	0.4650	7.4858
led7digit	0.7144	0.6660	0.6819	0.6276	0.3834	10.2158
pima	0.8063	0.7271	0.5610	0.3728	0.3194	17.8755
wdbc	0.9670	0.9576	0.9275	0.9062	0.1381	38.7962
monk2	0.8400	0.7310	0.6777	0.4589	0.2706	8.2817
wisconsin	0.9761	0.9651	0.9469	0.9223	0.1329	17.8421
wine	0.9494	0.9471	0.9237	0.9203	0.1455	4.4621
glass	0.8043	0.7164	0.7185	0.5900	0.2916	3.5409
banknote	0.9979	0.9978	0.9957	0.9956	0.1019	26.7934
appendicitis	0.9581	0.9438	0.7735	0.6611	0.1613	1.1819
balance	0.9092	0.8688	0.8337	0.7590	0.2474	11.3776
bands	0.7811	0.6753	0.5171	0.2805	0.3200	13.0032
contraceptive	0.6226	0.4706	0.4174	0.1848	0.5267	41.4551
dermatology	0.9640	0.9462	0.9541	0.9313	0.1369	25.6686
ecoli	0.8810	0.8522	0.8270	0.7833	0.2595	6.8828
haberman	0.8010	0.7122	0.4381	0.1458	0.3216	3.8786
hayes-roth	0.8153	0.6250	0.7060	0.3870	0.2931	1.6927
heart	0.8617	0.8000	0.7196	0.5942	0.2667	7.2303
hepatitis	0.8931	0.8875	0.5329	0.4000	0.2188	1.6808
mammographic	0.8454	0.7711	0.6909	0.5418	0.2852	17.0408
newthyroid	0.9623	0.9456	0.9118	0.8662	0.1340	2.6122
tae	0.7579	0.5571	0.6337	0.3278	0.3450	1.6246
vehicle	0.7817	0.6847	0.7089	0.5792	0.3258	30.7541
vowel	0.9892	0.9758	0.9881	0.9733	0.1097	35.4269
yeast	0.6795	0.5729	0.5786	0.4377	0.4485	41.3776

TABLA B.16: Resultados de ENN-GGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9326	0.8866	0.8743	0.7714	0.2005	40.9813
cardiotocography	0.9373	0.9015	0.8397	0.7162	0.2209	20.6367
eye-state	0.9088	0.8282	0.8270	0.6547	0.3007	207.7310
page-blocks	0.9690	0.9656	0.8694	0.8018	0.1413	57.1816
penbased	0.9844	0.9924	0.9837	0.9915	0.1169	169.9620
satimage	0.9241	0.8960	0.9086	0.8715	0.2172	144.5530
thyroid	0.9431	0.9451	0.5049	0.4152	0.1509	114.0900
segment	0.2854	0.1437	0.1679	0.0010	0.8145	25.7382
coil2000	0.9377	0.9314	0.2758	0.0670	0.1968	465.3530
magic	0.8914	0.8303	0.7665	0.6106	0.2775	250.8440
marketing	0.4381	0.2958	0.3566	0.1914	0.6979	102.7230
phoneme	0.9308	0.8858	0.8481	0.7263	0.2446	45.7861
ring	0.6693	0.6020	0.3447	0.1980	0.4323	95.1795
spambase	0.9383	0.9067	0.8814	0.8027	0.2322	134.9760
texture	0.9771	0.9827	0.9758	0.9810	0.1475	140.3440
titanic	0.7680	0.7746	0.4346	0.4355	0.3282	9.3024
twonorm	0.9723	0.9526	0.9545	0.9051	0.1461	114.0080

TABLA B.17: Resultados de ENN-GGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8728	0.7793	0.5922	0.2944	0.2770	541.2280
shuttle	0.9985	0.9987	0.9965	0.9962	0.0233	894.8520

TABLA B.18: Resultados de ENN-GGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.5400	0.5467	0.3100	0.3200	0.8833	5.5023
cleveland	0.6995	0.5729	0.5127	0.2824	0.6000	6.3971
led7digit	0.5527	0.5160	0.5020	0.4613	0.8240	11.9904
pima	0.8002	0.6972	0.5542	0.3114	0.6133	18.1228
wdbc	0.8521	0.8519	0.6553	0.6578	0.8538	23.9792
monk2	0.6772	0.6479	0.3484	0.2897	0.8639	12.4095
wisconsin	0.7849	0.7956	0.4227	0.4501	0.9149	39.3925
wine	0.5652	0.5539	0.3467	0.3296	0.8933	8.3321
glass	0.5492	0.5655	0.3256	0.3274	0.7813	4.4381
banknote	0.7390	0.7355	0.4367	0.4300	0.9587	157.4090
appendicitis	0.6647	0.6575	0.0856	0.0546	0.7925	1.7964
balance	0.4461	0.4325	0.1961	0.1813	0.9686	48.2580
bands	0.7586	0.6377	0.4917	0.2357	0.5882	9.8358
contraceptive	0.6986	0.4528	0.5339	0.1546	0.5468	37.5165
dermatology	0.6459	0.6480	0.5522	0.5552	0.9059	16.5175
ecoli	0.7478	0.7249	0.6330	0.5976	0.7229	6.8582
haberman	0.7321	0.6872	0.3222	0.1714	0.6794	5.1684
hayes-roth	0.4563	0.4500	0.1113	0.1064	0.7663	2.1052
heart	0.7185	0.7148	0.4190	0.4175	0.7233	5.4765
hepatitis	0.5903	0.5875	0.1514	0.1471	0.7925	1.3769
mammographic	0.7645	0.6952	0.5278	0.3888	0.7325	21.4182
newthyroid	0.7107	0.7255	0.0031	0.0395	0.8977	6.3003
tae	0.4747	0.3958	0.2144	0.0949	0.6967	1.7932
vehicle	0.7788	0.6904	0.7048	0.5867	0.6264	25.0300
vowel	0.5505	0.5333	0.5056	0.4867	0.8702	42.3341
yeast	0.7308	0.5445	0.6486	0.4052	0.5676	40.2190

TABLA B.19: Resultados de RSS-GGA para conjuntos pequeños



CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8050	0.8013	0.6016	0.5828	0.7280	84.1568
cardiotocography	0.8283	0.8282	0.4189	0.3822	0.7138	22.3631
eye-state	0.7666	0.7295	0.5189	0.4281	0.6508	233.4130
page-blocks	0.9259	0.9258	0.5842	0.5230	0.8192	108.7890
penbased	0.9352	0.9390	0.9291	0.9323	0.5503	199.4800
satimage	0.8348	0.8182	0.8007	0.7783	0.5464	189.0800
thyroid	0.8317	0.8125	0.4056	0.2997	0.8765	168.3580
segment	0.4871	0.1623	0.4032	0.0227	0.5987	21.4625
coil2000	0.9171	0.8938	0.3499	0.0775	0.6987	266.3050
magic	0.8032	0.7798	0.5325	0.4562	0.6845	319.2850
marketing	0.5438	0.2746	0.4821	0.1740	0.5708	94.6385
phoneme	0.7567	0.7530	0.2580	0.2201	0.6511	58.1494
ring	0.9608	0.8303	0.9315	0.6595	0.5230	150.5110
spambase	0.8336	0.8186	0.6403	0.5936	0.6711	90.7451
texture	0.8847	0.8831	0.8742	0.8714	0.6330	117.4850
titanic	0.6750	0.6820	0.0236	0.0245	0.7902	20.4498
twonorm	0.8566	0.8520	0.7232	0.7039	0.7399	184.9760

TABLA B.20: Resultados de RSS-GGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8316	0.7452	0.4495	0.1684	0.5853	490.8110
shuttle	0.9983	0.9985	0.9959	0.9958	0.8312	1903.2900

TABLA B.21: Resultados de RSS-GGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.6281	0.6667	0.4422	0.5000	0.8380	9.1441
cleveland	0.8638	0.5521	0.7875	0.3042	0.3933	17.9343
led7digit	0.6580	0.6000	0.6187	0.5526	0.5338	24.3794
pima	0.9100	0.6925	0.8002	0.3161	0.4408	43.5050
wdbc	0.9307	0.9275	0.8474	0.8418	0.7239	51.2243
monk2	0.8403	0.7683	0.6786	0.5332	0.6391	22.0426
wisconsin	0.9308	0.9190	0.8324	0.8039	0.7564	50.4188
wine	0.6436	0.7031	0.4442	0.5351	0.8416	14.6128
glass	0.6767	0.5648	0.5309	0.3691	0.6570	9.2663
banknote	0.8327	0.8440	0.6475	0.6723	0.9466	290.2950
appendicitis	0.4336	0.4575	-0.0203	-0.0329	0.8519	4.3040
balance	0.7175	0.6850	0.5520	0.4907	0.8419	60.3778
bands	0.8965	0.6867	0.7794	0.3293	0.4145	29.2568
contraceptive	0.8889	0.4386	0.8283	0.1333	0.2884	96.0340
dermatology	0.7799	0.7905	0.7184	0.7307	0.8101	33.7780
ecoli	0.9068	0.7804	0.8654	0.6772	0.5366	15.6847
haberman	0.8447	0.7222	0.6102	0.2778	0.4918	10.5201
hayes-roth	0.7438	0.6500	0.5903	0.4316	0.4844	4.1884
heart	0.8687	0.7222	0.7330	0.4367	0.5144	13.2776
hepatitis	0.6750	0.6500	0.2622	0.1001	0.7163	3.6349
mammographic	0.8582	0.7289	0.7161	0.4570	0.5357	44.3800
newthyroid	0.7647	0.7434	0.2932	0.2836	0.8488	13.8422
tae	0.6836	0.5096	0.5249	0.2564	0.4914	3.9989
vehicle	0.9108	0.6951	0.8810	0.5931	0.4475	69.7710
vowel	0.6726	0.6646	0.6399	0.6311	0.7999	88.2295
yeast	0.9344	0.5412	0.9148	0.4037	0.3317	96.5058

TABLA B.22: Resultados de CNN-RSS-GGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8739	0.8308	0.7500	0.6505	0.6487	192.4880
cardiotocography	0.9095	0.8802	0.7463	0.6270	0.6335	50.4685
eye-state	0.8796	0.7870	0.7624	0.5597	0.5011	535.3850
page-blocks	0.9520	0.9430	0.7694	0.6651	0.7332	205.2115
penbased	0.9808	0.9852	0.9797	0.9835	0.5059	459.5600
satimage	0.9151	0.8732	0.8981	0.8443	0.4645	418.5175
thyroid	0.9475	0.9071	0.7441	0.4328	0.7163	318.7000
segment	0.7420	0.1506	0.7007	0.0091	0.3236	54.1318
coil2000	0.9282	0.8717	0.5406	0.0891	0.6014	721.2475
magic	0.9017	0.8006	0.7898	0.5419	0.5272	668.4100
marketing	0.7786	0.2765	0.7492	0.1750	0.2644	216.0485
phoneme	0.8723	0.8347	0.6715	0.5446	0.5467	133.0128
ring	0.9709	0.8181	0.9518	0.6350	0.4729	320.8075
spambase	0.9388	0.8771	0.8811	0.7381	0.5176	258.4575
texture	0.9712	0.9698	0.9694	0.9668	0.5565	297.4400
titanic	0.6843	0.6910	0.0796	0.0818	0.7211	75.1360
twonorm	0.9382	0.9164	0.8864	0.8327	0.6395	335.8025

TABLA B.23: Resultados de CNN-RSS-GGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8922	0.7187	0.6845	0.1801	0.4155	1268.6125
shuttle	0.9988	0.9989	0.9974	0.9968	0.8023	4024.6750

TABLA B.24: Resultados de CNN-RSS-GGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9630	0.9467	0.9444	0.9200	0.1340	3.7309
cleveland	0.8096	0.5459	0.6995	0.2790	0.2906	20.1712
led7digit	0.7038	0.6360	0.6693	0.5930	0.3022	25.5188
pima	0.8747	0.7025	0.7175	0.3308	0.2320	45.1518
wdbc	0.9701	0.9576	0.9348	0.9068	0.1351	97.8315
monk2	0.8843	0.7333	0.7665	0.4622	0.2285	21.2641
wisconsin	0.9774	0.9593	0.9500	0.9095	0.1291	44.2328
wine	0.9619	0.9471	0.9422	0.9205	0.1348	11.6699
glass	0.8577	0.7657	0.7982	0.6660	0.2369	10.0634
banknote	0.9980	0.9978	0.9959	0.9956	0.1018	67.1385
appendicitis	0.9602	0.9238	0.8214	0.6144	0.1481	3.0538
balance	0.9193	0.8466	0.8508	0.7211	0.2227	28.2728
bands	0.8959	0.7068	0.7714	0.3534	0.2093	35.9293
contraceptive	0.7880	0.4583	0.6708	0.1612	0.3020	96.3725
dermatology	0.9637	0.9548	0.9538	0.9423	0.1355	64.8818
ecoli	0.9111	0.8205	0.8712	0.7389	0.2012	17.4796
haberman	0.8627	0.7128	0.6145	0.1416	0.2448	10.0612
hayes-roth	0.8472	0.6500	0.7582	0.4311	0.2231	3.9015
heart	0.9058	0.8074	0.8091	0.6068	0.2044	18.4351
hepatitis	0.9431	0.8750	0.7678	0.3314	0.1613	4.8569
mammographic	0.8665	0.7554	0.7329	0.5107	0.2234	41.0910
newthyroid	0.9737	0.9504	0.9379	0.8781	0.1242	6.2042
tae	0.8021	0.5567	0.6999	0.3246	0.2417	4.1103
vehicle	0.8735	0.7045	0.8313	0.6058	0.2326	82.0315
vowel	0.9921	0.9798	0.9914	0.9778	0.1078	88.4353
yeast	0.8246	0.5715	0.7714	0.4405	0.2779	98.2530

TABLA B.25: Resultados de ENN-RSS-GGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9534	0.8830	0.9159	0.7632	0.1627	98.5610
cardiotocography	0.9491	0.9085	0.8736	0.7388	0.1989	52.2130
eye-state	0.9507	0.8331	0.9105	0.6622	0.2012	512.1025
page-blocks	0.9725	0.9655	0.8916	0.8053	0.1363	142.6913
penbased	0.9883	0.9941	0.9881	0.9934	0.1079	423.7225
satimage	0.9493	0.8982	0.9397	0.8744	0.1695	370.8175
thyroid	0.9850	0.9457	0.9524	0.5330	0.1088	290.8975
segment	0.6367	0.1515	0.5778	0.0101	0.4432	51.3460
coil2000	0.9461	0.9223	0.4612	0.0722	0.1737	1166.3825
magic	0.9156	0.8274	0.8216	0.6036	0.2259	597.8900
marketing	0.7100	0.2909	0.6706	0.1907	0.3459	216.2983
phoneme	0.9505	0.8967	0.8929	0.7445	0.1946	111.3275
ring	0.9572	0.7403	0.9243	0.4778	0.1505	281.3275
spambase	0.9611	0.9086	0.9291	0.8071	0.1779	356.0225
texture	0.9843	0.9867	0.9837	0.9854	0.1262	358.0500
titanic	0.7520	0.7596	0.3175	0.3208	0.3143 23.3339	
twonorm	0.9785	0.9514	0.9670	0.9027	0.1296	290.0625

TABLA B.26: Resultados de ENN-RSS-GGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.9158	0.7605	0.7359	0.2502	0.1812	1409.3950
shuttle	0.9990	0.9991	0.9978	0.9974	0.0239	1997.4575

TABLA B.27: Resultados de ENN-RSS-GGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9719	0.9467	0.9578	0.9200	0.9167	0.1425
cleveland	0.7433	0.5907	0.5781	0.3256	0.8357	0.2904
led7digit	0.7111	0.6220	0.6783	0.5789	0.8304	0.3914
pima	0.8255	0.7143	0.6052	0.3413	0.8090	0.9706
wdbc	0.9744	0.9472	0.9445	0.8847	0.8499	0.8070
monk2	0.9069	0.7849	0.8135	0.5688	0.8164	0.4609
wisconsin	0.9777	0.9593	0.9508	0.9099	0.8466	0.8056
wine	0.9862	0.9471	0.9788	0.9187	0.9112	0.1887
glass	0.8510	0.7061	0.7855	0.5725	0.8374	0.2000
banknote	0.9995	0.9978	0.9990	0.9956	0.8233	1.9947
appendicitis	0.9707	0.9338	0.8649	0.6594	0.9519	0.1038
balance	0.8780	0.8420	0.7765	0.7118	0.8299	0.6654
bands	0.8143	0.6714	0.5932	0.2956	0.8222	0.3919
contraceptive	0.6222	0.4354	0.4154	0.1299	0.7909	2.3099
dermatology	0.9737	0.9427	0.9667	0.9272	0.8665	0.4319
ecoli	0.8783	0.7956	0.8234	0.7013	0.8503	0.3654
haberman	0.8297	0.7556	0.4794	0.2531	0.8471	0.2898
hayes-roth	0.7875	0.5813	0.6665	0.3331	0.8156	0.1207
heart	0.8914	0.8111	0.7794	0.6165	0.8556	0.2568
hepatitis	0.9153	0.7625	0.6882	0.2213	0.9300	0.0680
mammographic	0.8491	0.7855	0.6979	0.5704	0.8157	1.0376
newthyroid	0.9721	0.9628	0.9328	0.9065	0.8981	0.1924
tae	0.7520	0.5046	0.6276	0.2569	0.8278	0.1282
vehicle	0.7992	0.6505	0.7322	0.5338	0.7987	1.1757
vowel	0.9398	0.8838	0.9338	0.8722	0.7589	1.2075
yeast	0.6798	0.5276	0.5812	0.3804	0.7868	2.3061

TABLA B.28: Resultados de SSGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9009	0.8797	0.7996	0.7566	0.8460	2.0155
cardiotocography	0.9010	0.8794	0.7177	0.6550	0.8952	0.8157
eye-state	0.8318	0.7782	0.6597	0.5512	0.7998	8.1422
page-blocks	0.9607	0.9511	0.7809	0.7240	0.8591	2.3354
penbased	0.9910	0.9868	0.9900	0.9853	0.8266	4.9590
satimage	0.9130	0.8916	0.8924	0.8659	0.8399	2.9289
thyroid	0.9471	0.9370	0.5434	0.4430	0.8547	3.4614
segment	0.3352	0.1377	0.2244	-0.0061	0.8025	0.8695
coil2000	0.9291	0.9155	0.2023	0.0364	0.8408	7.0551
magic	0.8479	0.8044	0.6583	0.5567	0.8081	11.0371
marketing	0.4385	0.2958	0.3576	0.1942	0.8008	3.1245
phoneme	0.8770	0.8431	0.7047	0.6212	0.8438	2.1808
ring	0.8423	0.7698	0.6837	0.5376	0.8069	3.3822
spambase	0.9028	0.8821	0.7962	0.7531	0.8468	2.1174
texture	0.9719	0.9648	0.9691	0.9613	0.8382	2.3282
titanic	0.7844	0.7838	0.4532	0.4497	0.9170	0.4438
twonorm	0.9581	0.9480	0.9162	0.8960	0.8395	3.3044

TABLA B.29: Resultados de SSGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7834	0.7498	0.3935	0.2439	0.8070	17.8910
shuttle	0.9988	0.9987	0.9971	0.9963	0.8041	37.4363

TABLA B.30: Resultados de SSGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9741	0.9400	0.9611	0.9100	0.9407	0.1854
cleveland	0.8058	0.5818	0.6817	0.3238	0.7593	0.3769
led7digit	0.6373	0.5680	0.5959	0.5179	0.7878	0.5826
pima	0.8325	0.6664	0.6258	0.2451	0.7874	1.1970
wdbc	0.9691	0.9362	0.9333	0.8622	0.9364	1.5751
monk2	0.9059	0.8447	0.8116	0.6898	0.8435	0.5582
wisconsin	0.9764	0.9579	0.9481	0.9075	0.9621	5.2854
wine	0.9813	0.9548	0.9716	0.9310	0.9438	0.2875
glass	0.9081	0.7267	0.8674	0.6058	0.7790	0.2505
banknote	0.9973	0.9905	0.9946	0.9808	0.9780	6.2513
appendicitis	0.9759	0.9600	0.8770	0.6889	0.9585	0.1973
balance	0.8669	0.7695	0.7620	0.5936	0.8496	1.1170
bands	0.8499	0.6426	0.6746	0.2241	0.7751	0.5191
contraceptive	0.6974	0.4489	0.5335	0.1527	0.6686	2.8633
dermatology	0.9659	0.9278	0.9571	0.9089	0.9254	0.8536
ecoli	0.9025	0.8114	0.8576	0.7221	0.8435	0.4702
haberman	0.8453	0.6850	0.5383	0.0956	0.8183	0.3448
hayes-roth	0.7889	0.6313	0.6684	0.4175	0.7813	0.1321
heart	0.8934	0.7667	0.7839	0.5287	0.8581	0.3429
hepatitis	0.9167	0.8500	0.5894	0.3057	0.9550	0.0871
mammographic	0.8481	0.7422	0.6960	0.4842	0.8157	1.4781
newthyroid	0.9840	0.9361	0.9624	0.8492	0.9442	0.4025
tae	0.7991	0.5700	0.6965	0.3420	0.7722	0.1270
vehicle	0.8318	0.6569	0.7755	0.5421	0.7615	1.6007
vowel	0.9608	0.9202	0.9569	0.9122	0.7652	1.6396
yeast	0.7415	0.5222	0.6636	0.3770	0.6951	2.9597

TABLA B.31: Resultados de CNN-SSGA para conjuntos pequeños



CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8885	0.8645	0.7846	0.7259	0.8845	3.2397
cardiotocography	0.8965	0.8788	0.7236	0.6507	0.9112	1.2179
eye-state	0.8339	0.7759	0.6746	0.5472	0.7736	11.8877
page-blocks	0.9549	0.9532	0.7970	0.7406	0.9531	10.7988
penbased	0.9773	0.9826	0.9759	0.9807	0.9243	10.0667
satimage	0.9108	0.8825	0.8922	0.8551	0.8776	5.3487
thyroid	0.9257	0.9158	0.5344	0.4023	0.9175	6.8629
segment	0.4875	0.1455	0.4037	0.0030	0.6338	0.8590
coil2000	0.8935	0.8766	0.2694	0.0713	0.8878	11.5184
magic	0.8408	0.7857	0.6621	0.5253	0.8168	19.2789
marketing	0.5485	0.2730	0.4871	0.1712	0.6361	3.6459
phoneme	0.8794	0.8488	0.7219	0.6320	0.8583	4.4701
ring	0.9086	0.8707	0.8270	0.7409	0.8571	7.7641
spambase	0.9001	0.8819	0.8018	0.7521	0.8753	2.7725
texture	0.9668	0.9667	0.9645	0.9634	0.8820	3.4171
titanic	0.7687	0.7755	0.4367	0.4387	0.9235	0.6296
twonorm	0.9368	0.9339	0.8836	0.8678	0.9175	5.7192

TABLA B.32: Resultados de CNN-SSGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7810	0.7039	0.4041	0.1919	0.7816	21.0698
shuttle	0.9984	0.9986	0.9963	0.9960	0.9797	159.1310

TABLA B.33: Resultados de CNN-SSGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9674	0.9600	0.9511	0.9400	0.8693	0.1472
cleveland	0.7258	0.6011	0.5452	0.3391	0.8253	0.4247
led7digit	0.7618	0.6880	0.7346	0.6516	0.7902	0.6063
pima	0.8420	0.7403	0.6424	0.4055	0.7372	1.1757
wdbc	0.9799	0.9597	0.9564	0.9119	0.7274	0.9593
monk2	0.8987	0.7587	0.7964	0.5142	0.7498	0.5481
wisconsin	0.9793	0.9593	0.9543	0.9087	0.7158	0.9413
wine	0.9776	0.9588	0.9658	0.9375	0.8472	0.2131
glass	0.8588	0.6863	0.7976	0.5411	0.7921	0.2460
banknote	0.9997	0.9986	0.9993	0.9971	0.6555	2.5586
appendicitis	0.9476	0.9238	0.7417	0.5986	0.9245	0.0900
balance	0.8924	0.8675	0.8001	0.7526	0.7298	0.7682
bands	0.8313	0.6850	0.6312	0.3014	0.7701	0.4592
contraceptive	0.6334	0.4609	0.4340	0.1708	0.7903	3.2616
dermatology	0.9702	0.9387	0.9624	0.9226	0.7684	0.5990
ecoli	0.8939	0.8422	0.8460	0.7688	0.7890	0.4199
haberman	0.8279	0.7311	0.4790	0.1877	0.8108	0.3237
hayes-roth	0.8167	0.7063	0.7128	0.5367	0.7875	0.1310
heart	0.9008	0.8185	0.7980	0.6307	0.8019	0.3099
hepatitis	0.9236	0.8375	0.6029	0.1971	0.9425	0.0762
mammographic	0.8625	0.7855	0.7249	0.5703	0.7265	1.2844
newthyroid	0.9783	0.9399	0.9487	0.8453	0.8260	0.2164
tae	0.7550	0.5438	0.6298	0.3072	0.8278	0.1260
vehicle	0.8144	0.6929	0.7526	0.5905	0.7273	1.4909
vowel	0.9787	0.9343	0.9765	0.9278	0.6441	1.7673
yeast	0.6890	0.5701	0.5911	0.4355	0.7624	3.2192

TABLA B.34: Resultados de ENN-SSGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8991	0.8864	0.8065	0.7708	0.7288	2.1969
cardiotocography	0.8910	0.8766	0.7018	0.6409	0.8060	0.8030
eye-state	0.8455	0.8005	0.6997	0.5990	0.7017	13.5620
page-blocks	0.9597	0.9620	0.8156	0.7792	0.7061	2.5222
penbased	0.9824	0.9908	0.9816	0.9898	0.6497	8.3334
satimage	0.9037	0.8884	0.8833	0.8620	0.7211	4.5211
thyroid	0.9397	0.9456	0.4656	0.4177	0.6880	4.4753
segment	0.2051	0.1325	0.0742	-0.0121	0.9342	1.2889
coil2000	0.9307	0.9321	0.1334	0.0155	0.6953	16.2075
magic	0.8506	0.8219	0.6713	0.5890	0.6946	19.2229
marketing	0.3668	0.2908	0.2718	0.1827	0.8889	4.5905
phoneme	0.8783	0.8540	0.7228	0.6493	0.7404	2.3454
ring	0.6895	0.6382	0.3855	0.2716	0.7558	4.1515
spambase	0.8997	0.8862	0.7988	0.7587	0.7447	3.3582
texture	0.9684	0.9733	0.9662	0.9706	0.6984	3.7807
titanic	0.7742	0.7819	0.4504	0.4549	0.8467	0.5041
twonorm	0.9562	0.9545	0.9225	0.9089	0.6800	4.5633

TABLA B.35: Resultados de ENN-SSGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8205	0.7796	0.4251	0.2915	0.7354	21.8477
shuttle	0.9989	0.9988	0.9975	0.9966	0.6292	47.9571

TABLA B.36: Resultados de ENN-SSGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9763	0.9667	0.9644	0.9500	0.9527	0.2457
cleveland	0.7247	0.5631	0.5525	0.3053	0.8508	0.3319
led7digit	0.7180	0.6620	0.6859	0.6230	0.9114	0.6265
pima	0.8157	0.7164	0.5872	0.3737	0.8465	1.2026
wdbc	0.9643	0.9413	0.9217	0.8718	0.9545	1.3163
monk2	0.8809	0.8167	0.7623	0.6332	0.9153	0.6187
wisconsin	0.9745	0.9651	0.9436	0.9237	0.9630	1.9268
wine	0.9862	0.9725	0.9792	0.9582	0.9573	0.2952
glass	0.8308	0.7267	0.7611	0.6090	0.8710	0.2159
banknote	0.9960	0.9956	0.9920	0.9911	0.9622	4.4683
appendicitis	0.9623	0.9138	0.8455	0.6281	0.9623	0.1313
balance	0.8597	0.8335	0.7399	0.6901	0.9483	1.3446
bands	0.8149	0.6245	0.5968	0.1818	0.8323	0.4596
contraceptive	0.6243	0.4583	0.4174	0.1633	0.7886	2.9997
dermatology	0.9659	0.9364	0.9566	0.9194	0.9453	0.6027
ecoli	0.8641	0.7814	0.8034	0.6854	0.8979	0.4327
haberman	0.8094	0.7189	0.3919	0.0827	0.9007	0.3774
hayes-roth	0.7903	0.5938	0.6735	0.3597	0.8531	0.1580
heart	0.8774	0.7963	0.7516	0.5891	0.9052	0.3431
hepatitis	0.9222	0.8875	0.6251	0.4514	0.9638	0.0922
mammographic	0.8380	0.7916	0.6758	0.5825	0.8937	1.4353
newthyroid	0.9716	0.9485	0.9274	0.8601	0.9600	0.3301
tae	0.7586	0.4708	0.6371	0.1988	0.8238	0.1111
vehicle	0.7849	0.6482	0.7130	0.5304	0.8395	1.4432
vowel	0.9210	0.8384	0.9131	0.8222	0.7868	1.6671
yeast	0.6775	0.5197	0.5787	0.3699	0.8041	3.1249

TABLA B.37: Resultados de RSS-SSGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8901	0.8908	0.7860	0.7769	0.8852	2.8499
cardiotocography	0.8781	0.8771	0.6600	0.6389	0.9514	1.1030
eye-state	0.8008	0.7667	0.6007	0.5196	0.8122	13.0538
page-blocks	0.9450	0.9512	0.7343	0.7219	0.9671	5.5642
penbased	0.9805	0.9885	0.9795	0.9873	0.8067	8.6334
satimage	0.8792	0.8716	0.8536	0.8420	0.8119	5.1614
thyroid	0.9050	0.8997	0.4760	0.3767	0.9155	5.7662
segment	0.3390	0.1498	0.2305	0.0081	0.7916	0.9479
coil2000	0.9204	0.9246	0.1088	0.0262	0.9177	12.1242
magic	0.8165	0.8027	0.5834	0.5351	0.8615	19.2977
marketing	0.4480	0.2737	0.3721	0.1717	0.7637	3.9325
phoneme	0.8366	0.8301	0.5915	0.5566	0.8713	2.8382
ring	0.9224	0.8915	0.8547	0.7827	0.8250	7.4582
spambase	0.8903	0.8849	0.7799	0.7573	0.8722	2.9937
texture	0.9568	0.9602	0.9534	0.9562	0.8459	3.3894
titanic	0.7629	0.7696	0.4047	0.4065	0.9804	1.2767
twonorm	0.9410	0.9441	0.8920	0.8881	0.8932	5.5177

TABLA B.38: Resultados de RSS-SSGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7956	0.7669	0.3534	0.2589	0.8467	22.9713
shuttle	0.9980	0.9983	0.9951	0.9953	0.9387	92.6277

TABLA B.39: Resultados de RSS-SSGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9719	0.9067	0.9578	0.8600	0.9440	0.3540
cleveland	0.7897	0.5900	0.6680	0.3612	0.7660	0.7094
led7digit	0.6960	0.6360	0.6611	0.5938	0.7896	1.0877
pima	0.8491	0.6987	0.6628	0.3313	0.7544	2.3401
wdbc	0.9690	0.9436	0.9326	0.8779	0.9295	2.5540
monk2	0.9051	0.8259	0.8102	0.6525	0.8477	1.1195
wisconsin	0.9749	0.9678	0.9448	0.9287	0.9416	3.2933
wine	0.9813	0.9529	0.9716	0.9287	0.9388	0.5113
glass	0.8988	0.7577	0.8527	0.6446	0.7921	0.4308
banknote	0.9988	0.9956	0.9975	0.9911	0.9557	8.4500
appendicitis	0.9769	0.9538	0.8837	0.6995	0.9528	0.3099
balance	0.8661	0.8038	0.7580	0.6512	0.8680	2.2282
bands	0.8429	0.6627	0.6643	0.2748	0.7595	0.9569
contraceptive	0.6965	0.4299	0.5307	0.1265	0.6687	5.8234
dermatology	0.9733	0.9398	0.9658	0.9223	0.9176	1.3022
ecoli	0.8972	0.8068	0.8509	0.7170	0.8262	0.8184
haberman	0.8490	0.6972	0.5479	0.1525	0.8183	0.6672
hayes-roth	0.8132	0.6625	0.7068	0.4650	0.7725	0.2630
heart	0.8951	0.7889	0.7874	0.5744	0.8378	0.6360
hepatitis	0.9208	0.8125	0.6281	0.3032	0.9475	0.1503
mammographic	0.8518	0.7675	0.7032	0.5344	0.8037	2.5998
newthyroid	0.9850	0.9571	0.9637	0.8975	0.9447	0.6348
tae	0.7918	0.5304	0.6832	0.2761	0.7755	0.2657
vehicle	0.8264	0.6728	0.7684	0.5635	0.7580	2.9250
vowel	0.9357	0.8566	0.9293	0.8422	0.7768	3.3522
yeast	0.7448	0.5117	0.6676	0.3623	0.6821	5.8997

TABLA B.40: Resultados de CNN-RSS-SSGA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9000	0.8734	0.8081	0.7442	0.8382	5.0634
cardiotocography	0.8969	0.8868	0.7267	0.6805	0.9040	1.8768
eye-state	0.8451	0.7846	0.6955	0.5618	0.7367	23.3502
page-blocks	0.9573	0.9565	0.8093	0.7561	0.9377	9.8009
penbased	0.9825	0.9902	0.9817	0.9891	0.7955	15.1759
satimage	0.9093	0.8825	0.8905	0.8551	0.7698	8.7042
thyroid	0.9283	0.9178	0.5506	0.4085	0.8944	10.3729
segment	0.4875	0.1494	0.4038	0.0076	0.6400	1.6935
coil2000	0.9012	0.8839	0.2681	0.0486	0.8554	21.8598
magic	0.8494	0.7970	0.6760	0.5430	0.7777	34.0916
marketing	0.5589	0.2727	0.4990	0.1714	0.6266	7.1618
phoneme	0.8828	0.8472	0.7270	0.6239	0.8041	4.8972
ring	0.9165	0.8703	0.8428	0.7400	0.7973	12.8932
spambase	0.9046	0.8869	0.8102	0.7617	0.8179	5.3826
texture	0.9709	0.9716	0.9689	0.9688	0.8216	6.3915
titanic	0.7669	0.7760	0.4271	0.4354	0.9272	1.5767
twonorm	0.9387	0.9326	0.8875	0.8651	0.8609	9.6835

TABLA B.41: Resultados de CNN-RSS-SSGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8019	0.7282	0.4316	0.2178	0.7528	40.7734
shuttle	0.9985	0.9986	0.9964	0.9959	0.9341	157.5524

TABLA B.42: Resultados de CNN-RSS-SSGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9719	0.9400	0.9578	0.9100	0.8660	0.2756
cleveland	0.7714	0.5521	0.6285	0.2937	0.7741	0.7355
led7digit	0.7518	0.7080	0.7235	0.6742	0.7688	1.1967
pima	0.8511	0.7071	0.6623	0.3430	0.7053	2.1534
wdbc	0.9814	0.9650	0.9600	0.9244	0.7286	1.8697
monk2	0.9108	0.8679	0.8213	0.7356	0.7308	0.9656
wisconsin	0.9834	0.9593	0.9632	0.9099	0.7044	2.2695
wine	0.9812	0.9332	0.9714	0.8985	0.8534	0.4101
glass	0.8858	0.7394	0.8314	0.6143	0.7715	0.4329
banknote	0.9998	0.9978	0.9995	0.9956	0.6522	5.3130
appendicitis	0.9581	0.9338	0.7988	0.6732	0.9255	0.1857
balance	0.8928	0.8572	0.8017	0.7367	0.7210	1.5537
bands	0.8444	0.6999	0.6599	0.3276	0.7326	0.9935
contraceptive	0.6781	0.4434	0.5010	0.1394	0.6894	5.8073
dermatology	0.9811	0.9553	0.9758	0.9429	0.7623	1.1132
ecoli	0.9018	0.7977	0.8564	0.7027	0.7619	0.7794
haberman	0.8464	0.7283	0.5532	0.2168	0.7784	0.5724
hayes-roth	0.8229	0.6938	0.7211	0.5151	0.7706	0.2846
heart	0.8979	0.7963	0.7930	0.5848	0.7889	0.6413
hepatitis	0.9097	0.8000	0.6258	0.1505	0.9188	0.1395
mammographic	0.8581	0.7904	0.7159	0.5801	0.7120	2.3182
newthyroid	0.9788	0.9533	0.9491	0.8851	0.8228	0.4134
tae	0.7741	0.5163	0.6589	0.2699	0.7742	0.2531
vehicle	0.8415	0.6824	0.7886	0.5763	0.6903	2.9208
vowel	0.9786	0.9384	0.9764	0.9322	0.6408	3.4563
yeast	0.7376	0.5568	0.6558	0.4158	0.6778	6.0095

TABLA B.43: Resultados de ENN-RSS-SSGA para conjuntos pequeños



CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.9097	0.8842	0.8273	0.7651	0.7089	4.1720
cardiotocography	0.9044	0.8889	0.7396	0.6723	0.7899	1.5734
eye-state	0.8605	0.8037	0.7280	0.6027	0.6566	24.8708
page-blocks	0.9618	0.9644	0.8329	0.7988	0.7063	5.4408
penbased	0.9840	0.9904	0.9833	0.9893	0.6511	16.0600
satimage	0.9152	0.8953	0.8976	0.8707	0.6979	8.5619
thyroid	0.9529	0.9424	0.6829	0.4985	0.6739	8.4669
segment	0.3945	0.1390	0.2952	-0.0045	0.7362	1.7743
coil2000	0.9282	0.9192	0.2377	0.0296	0.6844	27.9752
magic	0.8613	0.8201	0.6963	0.5853	0.6673	34.5252
marketing	0.4879	0.2724	0.4171	0.1692	0.7186	7.3495
phoneme	0.8945	0.8664	0.7535	0.6678	0.7110	4.5721
ring	0.8581	0.7457	0.7256	0.4890	0.6467	8.9013
spambase	0.9139	0.8884	0.8297	0.7645	0.7159	6.1743
texture	0.9740	0.9758	0.9724	0.9734	0.6861	7.0997
titanic	0.7798	0.7883	0.4323	0.4388	0.8499	1.1059
twonorm	0.9547	0.9481	0.9194	0.8962	0.6822	8.6751

TABLA B.44: Resultados de ENN-RSS-SSGA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8234	0.7621	0.4512	0.2574	0.7019	40.8990
shuttle	0.9990	0.9989	0.9979	0.9969	0.6318	116.2944

TABLA B.45: Resultados de ENN-RSS-SSGA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9770	0.9067	0.9656	0.8600	0.9740	0.2593
cleveland	0.7171	0.5838	0.5237	0.3102	0.9306	0.9515
led7digit	0.7644	0.7420	0.7376	0.7122	0.9696	1.2289
pima	0.8131	0.7659	0.5680	0.4569	0.9674	6.3130
wdbc	0.9734	0.9505	0.9423	0.8921	0.9830	3.5505
monk2	0.9532	0.9328	0.9062	0.8653	0.9757	2.4957
wisconsin	0.9766	0.9578	0.9486	0.9073	0.9927	7.3022
wine	0.9831	0.9292	0.9744	0.8933	0.9680	0.3459
glass	0.7996	0.6545	0.7033	0.4836	0.9145	0.5640
banknote	0.9982	0.9978	0.9964	0.9956	0.9892	12.6341
appendicitis	0.9644	0.9600	0.8391	0.7352	0.9745	0.3151
balance	0.8843	0.8627	0.7835	0.7431	0.9738	3.8908
bands	0.7885	0.6582	0.5250	0.2308	0.9449	1.2039
contraceptive	0.6194	0.4819	0.4061	0.1940	0.9452	18.6463
dermatology	0.9746	0.9559	0.9677	0.9438	0.9645	1.2560
ecoli	0.8608	0.8012	0.7961	0.7062	0.9625	1.3572
haberman	0.8018	0.7089	0.3817	0.1279	0.9768	1.6556
hayes-roth	0.7688	0.6688	0.6381	0.4826	0.9088	0.2636
heart	0.8811	0.8296	0.7572	0.6524	0.9696	0.8221
hepatitis	0.9222	0.8750	0.6535	0.3771	0.9638	0.1015
mammographic	0.8459	0.8265	0.6914	0.6529	0.9854	9.7776
newthyroid	0.9747	0.9313	0.9417	0.8320	0.9735	0.7552
tae	0.6799	0.5567	0.5189	0.3293	0.9106	0.2531
vehicle	0.7965	0.6621	0.7286	0.5490	0.9221	5.1786
vowel	0.8875	0.8253	0.8763	0.8078	0.8701	5.6765
yeast	0.6766	0.5623	0.5732	0.4211	0.9472	19.9237

TABLA B.46: Resultados de MA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8886	0.8846	0.7740	0.7658	0.9484	27.6695
cardiotocography	0.8783	0.8682	0.6553	0.6240	0.9869	3.1308
eye-state	0.7385	0.7190	0.4705	0.4308	0.9717	143.5858
page-blocks	0.9423	0.9394	0.6565	0.6373	0.9959	16.9769
penbased	0.9826	0.9809	0.9807	0.9788	0.9032	448.9862
satimage	0.8715	0.8628	0.8410	0.8303	0.9672	35.6554
thyroid	0.9447	0.9437	0.4543	0.4416	0.9954	25.3644
segment	0.2546	0.1546	0.1304	0.0136	0.8941	3.3403
coil2000	0.9358	0.9340	0.0739	0.0454	0.9975	81.9335
magic	0.8206	0.8078	0.6008	0.5718	0.9699	237.1728
marketing	0.3404	0.2877	0.2414	0.1808	0.9419	25.6661
phoneme	0.8127	0.8007	0.5439	0.5128	0.9817	16.7353
ring	0.7169	0.7041	0.4306	0.4047	0.9704	32.5529
spambase	0.8696	0.8617	0.7279	0.7113	0.9854	9.3396
texture	0.9623	0.9586	0.9586	0.9545	0.8660	110.9760
titanic	0.7839	0.7828	0.4563	0.4506	0.9902	3.0523
twonorm	0.9534	0.9523	0.9067	0.9046	0.9954	24.7465

TABLA B.47: Resultados de MA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8043	0.8035	0.3163	0.3128	0.9970	97.4400
shuttle	0.9764	0.9962	0.9835	0.9892	0.9976	414.8464

TABLA B.48: Resultados de MA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9593	0.9533	0.9389	0.9300	0.9713	0.2560
cleveland	0.7340	0.5976	0.5674	0.3410	0.9178	1.1617
led7digit	0.7636	0.7640	0.7369	0.7370	0.9688	1.7061
pima	0.8181	0.7408	0.5853	0.4129	0.9616	6.3759
wdbc	0.9692	0.9517	0.9332	0.8968	0.9835	4.3126
monk2	0.9601	0.9513	0.9201	0.9022	0.9722	2.2859
wisconsin	0.9749	0.9666	0.9449	0.9272	0.9918	10.8397
wine	0.9670	0.9235	0.9497	0.8824	0.9674	0.4105
glass	0.8380	0.7259	0.7628	0.5999	0.9005	0.5582
banknote	0.9960	0.9949	0.9918	0.9897	0.9897	19.3378
appendicitis	0.9622	0.9338	0.8197	0.6226	0.9726	0.3812
balance	0.8704	0.8306	0.7579	0.6843	0.9618	4.4479
bands	0.7952	0.6745	0.5346	0.2540	0.9318	1.4442
contraceptive	0.6397	0.4874	0.4369	0.1983	0.9238	34.5453
dermatology	0.9711	0.9359	0.9635	0.9185	0.9620	1.6582
ecoli	0.8770	0.8189	0.8208	0.7371	0.9438	1.6602
haberman	0.7988	0.7850	0.3414	0.3042	0.9830	1.6235
hayes-roth	0.7951	0.6625	0.6817	0.4761	0.9063	0.3040
heart	0.8695	0.8074	0.7336	0.6065	0.9748	0.9108
hepatitis	0.9250	0.8750	0.6103	0.3771	0.9625	0.1547
mammographic	0.8473	0.8205	0.6945	0.6408	0.9807	10.7792
newthyroid	0.9731	0.9408	0.9343	0.8521	0.9767	0.9724
tae	0.7277	0.5238	0.5888	0.2769	0.8795	0.2448
vehicle	0.8039	0.6320	0.7386	0.5085	0.9063	6.7557
vowel	0.9759	0.9141	0.9735	0.9056	0.8363	10.6054
yeast	0.6867	0.5546	0.5887	0.4161	0.9371	31.3284

TABLA B.49: Resultados de CNN-MA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8740	0.8594	0.7565	0.7170	0.9243	23.6071
cardiotocography	0.8781	0.8798	0.6685	0.6528	0.9776	3.6315
eye-state	0.7818	0.7592	0.5695	0.5136	0.9208	184.2650
page-blocks	0.9395	0.9461	0.6854	0.6734	0.9905	29.4964
penbased	0.9802	0.9871	0.9791	0.9856	0.9392	109.8440
satimage	0.8773	0.8664	0.8510	0.8352	0.9362	36.4186
thyroid	0.9321	0.9408	0.4125	0.4144	0.9969	30.0824
segment	0.1780	0.1489	0.0427	0.0071	0.9731	3.7275
coil2000	0.9033	0.9409	0.0000	0.0000	0.9991	74.6177
magic	0.7938	0.7951	0.5462	0.5362	0.9934	263.4050
marketing	0.4412	0.2817	0.3632	0.1794	0.8123	57.3855
phoneme	0.8260	0.8223	0.5917	0.5671	0.9715	21.4618
ring	0.8409	0.8426	0.6912	0.6844	0.9867	49.4540
spambase	0.8803	0.8743	0.7595	0.7359	0.9675	11.3417
texture	0.9570	0.9625	0.9537	0.9588	0.9030	48.3416
titanic	0.7763	0.7842	0.4455	0.4498	0.9869	3.5772
twonorm	0.9366	0.9449	0.8832	0.8897	0.9942	25.0392

TABLA B.50: Resultados de CNN-MA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7874	0.7867	0.2759	0.2721	0.9969	98.1104
shuttle	0.9976	0.9986	0.9962	0.9961	0.9800	1127.4700

TABLA B.51: Resultados de CNN-MA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9741	0.9267	0.9611	0.8900	0.9707	0.2700
cleveland	0.7042	0.5521	0.5089	0.2664	0.9461	0.8643
led7digit	0.7660	0.7300	0.7393	0.6991	0.9708	1.4853
pima	0.8289	0.7174	0.6114	0.3523	0.9574	7.0557
wdbc	0.9766	0.9416	0.9493	0.8743	0.9821	3.9045
monk2	0.9072	0.8562	0.8146	0.7135	0.9743	2.2931
wisconsin	0.9776	0.9608	0.9504	0.9131	0.9918	9.4304
wine	0.9832	0.9666	0.9745	0.9492	0.9708	0.3391
glass	0.8084	0.7291	0.7159	0.5946	0.9318	0.4199
banknote	0.9989	0.9964	0.9977	0.9926	0.9894	12.2694
appendicitis	0.9665	0.9375	0.8231	0.6294	0.9811	0.3498
balance	0.8905	0.8769	0.7944	0.7688	0.9733	3.8255
bands	0.8162	0.6680	0.5940	0.2643	0.9332	1.3530
contraceptive	0.6406	0.4773	0.4409	0.1889	0.9330	16.9860
dermatology	0.9789	0.9289	0.9733	0.9098	0.9690	1.5115
ecoli	0.8926	0.8254	0.8429	0.7448	0.9417	1.2752
haberman	0.8134	0.7578	0.3781	0.1659	0.9745	1.6995
hayes-roth	0.7847	0.6813	0.6616	0.4987	0.9038	0.2399
heart	0.8840	0.8037	0.7630	0.5949	0.9607	0.8990
hepatitis	0.9208	0.8625	0.6728	0.4790	0.9588	0.1211
mammographic	0.8535	0.8145	0.7067	0.6281	0.9793	8.4882
newthyroid	0.9736	0.9551	0.9396	0.8972	0.9753	0.8561
tae	0.7182	0.5104	0.5728	0.2575	0.9139	0.2509
vehicle	0.8080	0.6633	0.7440	0.5511	0.9204	6.3843
vowel	0.9774	0.9111	0.9752	0.9022	0.8437	9.8755
yeast	0.6891	0.5681	0.5917	0.4336	0.9423	18.0281

TABLA B.52: Resultados de ENN-MA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8633	0.8692	0.7302	0.7319	0.9896	17.1335
cardiotocography	0.8858	0.8889	0.6940	0.6839	0.9746	3.0763
eye-state	0.7977	0.7742	0.6026	0.5449	0.9110	270.1560
page-blocks	0.9342	0.9408	0.6493	0.6349	0.9959	16.5685
penbased	0.9723	0.9798	0.9703	0.9776	0.9655	109.4700
satimage	0.8632	0.8615	0.8334	0.8289	0.9789	32.1135
thyroid	0.9365	0.9440	0.4528	0.4337	0.9964	30.7640
segment	0.1909	0.1489	0.0577	0.0071	0.9684	3.8059
coil2000	0.9099	0.9146	0.0526	0.0135	0.9952	91.0547
magic	0.8211	0.8115	0.6112	0.5762	0.9630	316.5210
marketing	0.2945	0.2837	0.1790	0.1649	0.9923	34.3821
phoneme	0.7932	0.7953	0.5156	0.5060	0.9915	17.3694
ring	0.6782	0.6812	0.3626	0.3585	0.9962	37.9116
spambase	0.8732	0.8777	0.7438	0.7424	0.9873	12.6539
texture	0.9563	0.9616	0.9529	0.9578	0.8216	113.3510
titanic	0.7730	0.7814	0.4506	0.4552	0.9894	3.5486
twonorm	0.9509	0.9577	0.9119	0.9154	0.9846	38.1463

TABLA B.53: Resultados de ENN-MA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7956	0.7950	0.2746	0.2715	0.9971	103.3980
shuttle	0.9658	0.9854	0.9398	0.9575	0.9982	473.9070

TABLA B.54: Resultados de ENN-MA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9726	0.9400	0.9589	0.9100	0.9727	0.2681
cleveland	0.6992	0.6059	0.4858	0.3448	0.9556	1.0823
led7digit	0.7669	0.7280	0.7407	0.6967	0.9742	1.4398
pima	0.8080	0.7400	0.5662	0.4072	0.9727	6.1474
wdbc	0.9670	0.9398	0.9286	0.8712	0.9919	3.9374
monk2	0.9264	0.8863	0.8527	0.7721	0.9782	2.3380
wisconsin	0.9769	0.9665	0.9492	0.9264	0.9937	8.1878
wine	0.9737	0.9294	0.9600	0.8931	0.9787	0.3840
glass	0.7976	0.6688	0.7010	0.5058	0.9322	0.4620
banknote	0.9945	0.9934	0.9888	0.9867	0.9914	16.3687
appendicitis	0.9434	0.8938	0.7176	0.4961	0.9717	0.2145
balance	0.8823	0.8770	0.7797	0.7696	0.9891	4.7406
bands	0.7808	0.6224	0.5058	0.1368	0.9496	1.3912
contraceptive	0.6280	0.4801	0.4201	0.1944	0.9347	20.4189
dermatology	0.9450	0.9146	0.9297	0.8913	0.9768	1.4266
ecoli	0.8568	0.8189	0.7914	0.7371	0.9560	1.2293
haberman	0.8101	0.7300	0.4011	0.1513	0.9752	1.7327
hayes-roth	0.6833	0.5875	0.5102	0.3519	0.9406	0.3744
heart	0.8691	0.8333	0.7328	0.6602	0.9778	0.8880
hepatitis	0.8958	0.8500	0.4275	0.1914	0.9750	0.0999
mammographic	0.8463	0.8313	0.6924	0.6623	0.9878	8.7594
newthyroid	0.9498	0.9275	0.8730	0.8136	0.9847	0.7880
tae	0.7042	0.5300	0.5526	0.2789	0.9026	0.2229
vehicle	0.7782	0.6560	0.7043	0.5415	0.9349	6.7902
vowel	0.8299	0.7475	0.8128	0.7222	0.8881	11.5964
yeast	0.6746	0.5689	0.5729	0.4341	0.9510	19.3274

TABLA B.55: Resultados de RSS-MA para conjuntos pequeños



CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8694	0.8760	0.7437	0.7468	0.9740	23.4139
cardiotocography	0.8226	0.8371	0.4657	0.4626	0.9920	2.9228
eye-state	0.7464	0.7364	0.4971	0.4665	0.9637	152.6790
page-blocks	0.9288	0.9360	0.6430	0.6366	0.9949	25.5404
penbased	0.9665	0.9728	0.9639	0.9698	0.8778	422.8700
satimage	0.8535	0.8552	0.8214	0.8211	0.9694	42.2098
thyroid	0.9333	0.9421	0.4113	0.4047	0.9964	32.8508
segment	0.2506	0.1372	0.1274	-0.0066	0.8956	3.6726
coil2000	0.9089	0.9131	0.0702	0.0289	0.9938	75.3100
magic	0.8068	0.8080	0.5762	0.5662	0.9845	221.9630
marketing	0.2934	0.2611	0.1928	0.1544	0.9611	27.8332
phoneme	0.7951	0.8005	0.5122	0.5107	0.9918	19.1806
ring	0.8637	0.8573	0.7370	0.7140	0.9596	42.5625
spambase	0.8600	0.8681	0.7192	0.7258	0.9902	10.0464
texture	0.9277	0.9316	0.9215	0.9248	0.9064	50.5114
titanic	0.6995	0.7342	0.2370	0.2324	0.9951	3.0863
twonorm	0.9444	0.9520	0.8987	0.9041	0.9946	26.4229

TABLA B.56: Resultados de RSS-MA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8022	0.8023	0.2749	0.2739	0.9979	100.2660
shuttle	0.9978	0.9982	0.9945	0.9948	0.9513	955.5570

TABLA B.57: Resultados de RSS-MA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9726	0.9333	0.9589	0.9000	0.9707	0.4569
cleveland	0.7303	0.5741	0.5455	0.3040	0.9205	1.7327
led7digit	0.7738	0.7460	0.7482	0.7170	0.9698	2.6460
pima	0.8281	0.7213	0.6135	0.3763	0.9512	9.9424
wdbc	0.9664	0.9469	0.9273	0.8852	0.9880	6.4664
monk2	0.9535	0.9465	0.9067	0.8928	0.9706	3.8355
wisconsin	0.9779	0.9577	0.9513	0.9072	0.9933	12.3154
wine	0.9819	0.9409	0.9725	0.9107	0.9685	0.5770
glass	0.8364	0.7236	0.7614	0.5906	0.9107	0.8341
banknote	0.9969	0.9934	0.9938	0.9867	0.9914	28.1222
appendicitis	0.9528	0.9338	0.7774	0.6732	0.9708	0.4840
balance	0.8683	0.8387	0.7533	0.6981	0.9723	6.0806
bands	0.7912	0.6412	0.5318	0.1805	0.9419	2.2547
contraceptive	0.6450	0.4889	0.4451	0.2005	0.9210	59.3072
dermatology	0.9684	0.9318	0.9600	0.9132	0.9626	2.1529
ecoli	0.8879	0.8172	0.8378	0.7320	0.9494	2.1302
haberman	0.8119	0.7183	0.4173	0.1254	0.9703	2.1519
hayes-roth	0.7681	0.6438	0.6383	0.4330	0.9225	0.4233
heart	0.8778	0.8222	0.7511	0.6378	0.9719	1.1734
hepatitis	0.9125	0.8125	0.6414	0.3098	0.9688	0.1865
mammographic	0.8430	0.8060	0.6857	0.6117	0.9861	15.4283
newthyroid	0.9742	0.9381	0.9410	0.8504	0.9753	1.2759
tae	0.7425	0.5158	0.6071	0.2551	0.8682	0.3527
vehicle	0.8167	0.6563	0.7556	0.5415	0.9046	11.1661
vowel	0.8846	0.8000	0.8731	0.7800	0.8721	8.9446
yeast	0.6983	0.5573	0.6035	0.4204	0.9259	53.2580

TABLA B.58: Resultados de CNN-RSS-MA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8774	0.8792	0.7629	0.7564	0.9715	24.6509
cardiotocography	0.8714	0.8728	0.6403	0.6243	0.9831	4.7265
eye-state	0.6811	0.6801	0.3634	0.3510	0.9900	251.3580
page-blocks	0.9316	0.9397	0.6278	0.6243	0.9961	29.2761
penbased	0.9784	0.9854	0.9771	0.9838	0.8672	694.8735
satimage	0.8731	0.8696	0.8451	0.8384	0.9782	48.7587
thyroid	0.9372	0.9458	0.4726	0.4685	0.9973	42.8546
segment	0.2104	0.1511	0.0805	0.0096	0.9353 6.0053	
coil2000	0.9116	0.9158	0.0981	0.0429	0.9927	201.4395
magic	0.8169	0.8191	0.6003	0.5924	0.9819	423.7635
marketing	0.3113	0.2670	0.2147	0.1628	0.9541	45.1995
phoneme	0.8108	0.8101	0.5538	0.5364	0.9805	27.6275
ring	0.9140	0.9130	0.8378	0.8258	0.9623	74.1207
spambase	0.8712	0.8705	0.7397	0.7274	0.9822	16.1604
texture	0.9648	0.9658	0.9622	0.9624	0.8575	126.0213
titanic	0.7756	0.7823	0.4509	0.4514	0.9906	4.9272
twonorm	0.9493	0.9574	0.9085	0.9149	0.9923	39.0111

TABLA B.59: Resultados de CNN-RSS-MA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7923	0.7917	0.2394	0.2364	0.9974	142.4352
shuttle	0.9791	0.9985	0.9958	0.9956	0.9440	1778.3550

TABLA B.60: Resultados de CNN-RSS-MA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9741	0.9200	0.9611	0.8800	0.9673	0.3921
cleveland	0.7426	0.5886	0.5728	0.3320	0.9189	1.4480
led7digit	0.7782	0.7480	0.7530	0.7191	0.9708	2.1737
pima	0.8345	0.7023	0.6241	0.3260	0.9490	10.4837
wdbc	0.9793	0.9546	0.9552	0.9030	0.9821	5.7885
monk2	0.9558	0.9233	0.9114	0.8463	0.9718	4.1140
wisconsin	0.9785	0.9665	0.9528	0.9262	0.9927	12.8946
wine	0.9876	0.9489	0.9811	0.9221	0.9657	0.5748
glass	0.8256	0.6903	0.7478	0.5461	0.9164	0.6182
banknote	0.9981	0.9927	0.9961	0.9852	0.9885	18.1902
appendicitis	0.9665	0.9175	0.8359	0.5183	0.9802	0.5248
balance	0.8932	0.8627	0.7995	0.7423	0.9723	5.6966
bands	0.8143	0.6457	0.5849	0.2262	0.9271	2.3531
contraceptive	0.6525	0.4936	0.4589	0.2119	0.9182	44.9582
dermatology	0.9767	0.9260	0.9702	0.9054	0.9670	2.3290
ecoli	0.8856	0.8072	0.8347	0.7188	0.9342	1.7891
haberman	0.8032	0.7283	0.3933	0.2118	0.9742	2.2746
hayes-roth	0.8069	0.6688	0.6974	0.4788	0.8844	0.3543
heart	0.8798	0.8259	0.7551	0.6425	0.9656	1.2251
hepatitis	0.9153	0.8875	0.6817	0.5556	0.9738	0.1910
mammographic	0.8499	0.8012	0.6996	0.6020	0.9782	15.8397
newthyroid	0.9773	0.9628	0.9471	0.9100	0.9744	1.4227
tae	0.7395	0.5567	0.6065	0.3210	0.8788	0.3991
vehicle	0.8216	0.6482	0.7622	0.5308	0.9051	12.4426
vowel	0.9851	0.9242	0.9836	0.9167	0.8381	13.7513
yeast	0.6930	0.5576	0.5964	0.4175	0.9369	56.0210

TABLA B.61: Resultados de ENN-RSS-MA para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8828	0.8751	0.7728	0.7470	0.9516	27.5738
cardiotocography	0.8543	0.8578	0.5909	0.5811	0.9899	4.4298
eye-state	0.7765	0.7584	0.5581	0.5113	0.9334	471.9360
page-blocks	0.9353	0.9424	0.6634	0.6540	0.9962	30.1905
penbased	0.9687	0.9751	0.9663	0.9723	0.9754	155.7405
satimage	0.8637	0.8628	0.8339	0.8303	0.9808	49.9541
thyroid	0.9329	0.9419	0.3756	0.3770	0.9969	44.3003
segment	0.2306	0.1437	0.1041	0.0010	0.9178	5.6872
coil2000	0.9212	0.9281	0.0616	0.0345	0.9977	122.0585
magic	0.8246	0.8172	0.6176	0.5883	0.9633	613.1190
marketing	0.3801	0.2915	0.2915	0.1881	0.8971	55.3629
phoneme	0.7936	0.7868	0.5115	0.4801	0.9845	30.0998
ring	0.7960	0.7976	0.6011	0.5941	0.9922	78.4577
spambase	0.8730	0.8718	0.7446	0.7316	0.9679	26.3904
texture	0.9634	0.9642	0.9607	0.9606	0.8504	130.5968
titanic	0.7758	0.7837	0.4488	0.4537	0.9898	5.0069
twonorm	0.9468	0.9527	0.9036	0.9054	0.9906	53.6210

TABLA B.62: Resultados de ENN-RSS-MA para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7724	0.7857	0.2868	0.2864	0.9964	154.4925
shuttle	0.9769	0.9968	0.9716	0.9908	0.9974	731.5080

TABLA B.63: Resultados de ENN-RSS-MA para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9585	0.9000	0.9378	0.8500	0.9700	0.1097
cleveland	0.7003	0.5659	0.5024	0.2849	0.9465	0.2684
led7digit	0.7476	0.7300	0.7193	0.6992	0.9682	0.3557
pima	0.8132	0.7283	0.5688	0.3752	0.9405	0.7985
wdbc	0.9631	0.9354	0.9199	0.8599	0.9865	0.6287
monk2	0.9100	0.8797	0.8196	0.7588	0.9611	0.4123
wisconsin	0.9730	0.9651	0.9405	0.9233	0.9914	0.7332
wine	0.9606	0.9527	0.9398	0.9272	0.9798	0.1367
glass	0.7784	0.6482	0.6734	0.4813	0.9266	0.1676
banknote	0.9981	0.9993	0.9961	0.9985	0.9527	1.3379
appendicitis	0.9288	0.9338	0.6988	0.6424	0.9792	0.1030
balance	0.8690	0.8462	0.7555	0.7145	0.9626	0.6150
bands	0.7591	0.6825	0.4559	0.2739	0.9537	0.3133
contraceptive	0.6411	0.4746	0.4423	0.1849	0.8444	1.5983
dermatology	0.9532	0.9118	0.9412	0.8891	0.9718	0.3737
ecoli	0.8648	0.8228	0.8007	0.7366	0.9610	0.3069
haberman	0.7956	0.7683	0.3214	0.2651	0.9820	0.2920
hayes-roth	0.7111	0.6375	0.5504	0.4333	0.9388	0.1336
heart	0.8646	0.8111	0.7232	0.6142	0.9756	0.2325
hepatitis	0.9194	0.8625	0.6624	0.3505	0.9663	0.0733
mammographic	0.8333	0.8048	0.6667	0.6097	0.9665	0.9039
newthyroid	0.9633	0.9628	0.9126	0.9129	0.9814	0.1926
tae	0.6409	0.5154	0.4583	0.2499	0.9404	0.1154
vehicle	0.7888	0.6587	0.7185	0.5450	0.9007	0.9109
vowel	0.9327	0.8535	0.9259	0.8389	0.8156	0.9711
yeast	0.6909	0.5398	0.5953	0.3979	0.8494	1.6069

TABLA B.64: Resultados de CHC para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8986	0.8916	0.7941	0.7799	0.9654	1.8342
cardiotocography	0.8928	0.8855	0.6854	0.6626	0.9747	0.8028
eye-state	0.8250	0.7829	0.6460	0.5609	0.8324	5.6788
page-blocks	0.9585	0.9542	0.7596	0.7342	0.9861	2.5129
penbased	0.9848	0.9829	0.9831	0.9809	0.9332	3.5643
satimage	0.8970	0.8844	0.8726	0.8571	0.9501	2.3742
thyroid	0.9431	0.9412	0.4272	0.4032	0.9882	3.0773
segment	0.2311	0.1515	0.1029	0.0101	0.9260	0.8781
coil2000	0.9377	0.9359	0.0584	0.0255	0.9819	5.4810
magic	0.8440	0.8106	0.6482	0.5707	0.8601	8.2651
marketing	0.3807	0.2867	0.2882	0.1797	0.8911	2.4493
phoneme	0.8373	0.8168	0.6045	0.5535	0.9586	2.0545
ring	0.9091	0.8983	0.8180	0.7963	0.9530	3.7638
spambase	0.8875	0.8775	0.7643	0.7436	0.9719	1.5940
texture	0.9635	0.9584	0.9599	0.9543	0.9285	1.7402
titanic	0.7829	0.7810	0.4586	0.4515	0.9911	0.5162
twonorm	0.9593	0.9559	0.9186	0.9117	0.9808	2.4462

TABLA B.65: Resultados de CHC para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7944	0.7888	0.3286	0.3070	0.9740	12.2479
shuttle	0.9977	0.9980	0.9942	0.9941	0.9490	21.4851

TABLA B.66: Resultados de CHC para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9452	0.9400	0.9178	0.9100	0.9667	0.1280
cleveland	0.6824	0.5735	0.4687	0.2898	0.9508	0.3327
led7digit	0.7407	0.7180	0.7114	0.6863	0.9576	0.4912
pima	0.8177	0.7273	0.5885	0.3820	0.9167	1.0538
wdbc	0.9567	0.9311	0.9051	0.8525	0.9851	0.9464
monk2	0.9295	0.9075	0.8589	0.8153	0.9671	0.5052
wisconsin	0.9723	0.9593	0.9389	0.9093	0.9924	2.3531
wine	0.9631	0.9706	0.9439	0.9551	0.9702	0.1832
glass	0.8172	0.6815	0.7366	0.5386	0.9150	0.1969
banknote	0.9938	0.9869	0.9875	0.9734	0.9827	2.1826
appendicitis	0.9602	0.9175	0.8315	0.5920	0.9755	0.1196
balance	0.8535	0.8053	0.7281	0.6410	0.9581	0.8653
bands	0.7610	0.6755	0.4572	0.2639	0.9438	0.4083
contraceptive	0.6360	0.4610	0.4381	0.1721	0.8007	2.3267
dermatology	0.9526	0.9050	0.9396	0.8789	0.9707	0.5386
ecoli	0.8526	0.7865	0.7871	0.6893	0.9530	0.4642
haberman	0.7894	0.7389	0.3108	0.1839	0.9856	0.3480
hayes-roth	0.7292	0.6250	0.5779	0.4102	0.9344	0.1447
heart	0.8580	0.7963	0.7123	0.5873	0.9759	0.2957
hepatitis	0.9181	0.8500	0.6438	0.3686	0.9650	0.0828
mammographic	0.8276	0.8120	0.6552	0.6242	0.9696	1.2071
newthyroid	0.9716	0.9608	0.9311	0.9058	0.9767	0.3146
tae	0.6542	0.4646	0.4782	0.1843	0.9272	0.1390
vehicle	0.7987	0.6744	0.7315	0.5656	0.8805	1.2140
vowel	0.9621	0.9030	0.9583	0.8933	0.8136	1.2354
yeast	0.7427	0.5392	0.6628	0.3971	0.7664	2.4397

TABLA B.67: Resultados de CNN-CHC para conjuntos pequeños



CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8872	0.8851	0.7817	0.7671	0.9564	2.4352
cardiotocography	0.8710	0.8752	0.6482	0.6389	0.9755	0.9279
eye-state	0.8377	0.7796	0.6823	0.5550	0.7871	9.4798
page-blocks	0.9485	0.9538	0.7531	0.7341	0.9829	5.0899
penbased	0.9786	0.9867	0.9774	0.9852	0.9360	5.5268
satimage	0.8871	0.8811	0.8626	0.8528	0.9473	3.8257
thyroid	0.9355	0.9443	0.4300	0.4248	0.9930	4.8042
segment	0.2910	0.1506	0.1744	0.0091	0.8691	0.8686
coil2000	0.9302	0.9389	0.0163	0.0049	0.9874	9.2518
magic	0.8239	0.7935	0.6211	0.5393	0.8866	15.0822
marketing	0.4467	0.2704	0.3690	0.1658	0.7859	3.2887
phoneme	0.8315	0.8249	0.6065	0.5757	0.9627	3.3927
ring	0.9092	0.9034	0.8283	0.8066	0.9561	6.2863
spambase	0.8681	0.8658	0.7342	0.7184	0.9771	2.1910
texture	0.9547	0.9575	0.9511	0.9532	0.9215	2.4389
titanic	0.7753	0.7810	0.4491	0.4481	0.9898	0.5828
twonorm	0.9391	0.9464	0.8882	0.8927	0.9841	3.7002

TABLA B.68: Resultados de CNN-CHC para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7829	0.7763	0.3168	0.2937	0.9700	15.7268
shuttle	0.9976	0.9978	0.9940	0.9937	0.9841	60.9359

TABLA B.69: Resultados de CNN-CHC para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9526	0.9200	0.9289	0.8800	0.9720	0.1291
cleveland	0.6704	0.5825	0.4417	0.3001	0.9630	0.3670
led7digit	0.7624	0.7440	0.7357	0.7146	0.9682	0.5451
pima	0.8141	0.7239	0.5739	0.3599	0.9289	1.0341
wdbc	0.9615	0.9523	0.9166	0.8956	0.9761	0.9131
monk2	0.8855	0.8515	0.7710	0.7034	0.9637	0.4827
wisconsin	0.9732	0.9592	0.9410	0.9110	0.9717	0.9064
wine	0.9652	0.9294	0.9470	0.8937	0.9758	0.1929
glass	0.7674	0.6870	0.6668	0.5421	0.9318	0.2286
banknote	0.9979	0.9971	0.9957	0.9941	0.8972	2.1298
appendicitis	0.9623	0.9438	0.7982	0.6792	0.9717	0.1422
balance	0.8855	0.8657	0.7851	0.7476	0.9522	0.7496
bands	0.7729	0.6596	0.4840	0.2229	0.9408	0.4344
contraceptive	0.5895	0.4678	0.3628	0.1731	0.9041	2.5653
dermatology	0.9634	0.9445	0.9531	0.9287	0.9721	0.5299
ecoli	0.8505	0.7960	0.7829	0.7055	0.9589	0.3897
haberman	0.7905	0.7611	0.3168	0.2320	0.9863	0.3135
hayes-roth	0.7361	0.6125	0.5920	0.3955	0.9219	0.1379
heart	0.8646	0.8148	0.7237	0.6222	0.9756	0.2903
hepatitis	0.9125	0.8750	0.6779	0.4848	0.9663	0.0864
mammographic	0.8454	0.8060	0.6904	0.6117	0.9370	1.0858
newthyroid	0.9612	0.9399	0.9068	0.8557	0.9819	0.2263
tae	0.6689	0.4892	0.5023	0.2263	0.9285	0.1184
vehicle	0.7833	0.6747	0.7111	0.5660	0.8928	1.2502
vowel	0.9364	0.8828	0.9300	0.8711	0.7685	1.5126
yeast	0.6426	0.5642	0.5311	0.4273	0.8965	2.5965

TABLA B.70: Resultados de ENN-CHC para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8875	0.8851	0.7821	0.7671	0.9598	2.2316
cardiotocography	0.8724	0.8672	0.6601	0.6284	0.9721	0.8639
eye-state	0.7984	0.7754	0.6033	0.5467	0.8776	11.5479
page-blocks	0.9490	0.9560	0.7510	0.7428	0.9809	2.8736
penbased	0.9773	0.9850	0.9758	0.9833	0.8884	7.0029
satimage	0.8864	0.8855	0.8618	0.8583	0.9375	4.0794
thyroid	0.9358	0.9442	0.4030	0.3912	0.9758	4.4285
segment	0.1882	0.1407	0.0545	-0.0025	0.9614	1.0229
coil2000	0.9228	0.9289	0.0935	0.0487	0.9579	14.3025
magic	0.8528	0.8260	0.6778	0.6012	0.7430	16.7927
marketing	0.3476	0.2971	0.2503	0.1907	0.9427	3.5624
phoneme	0.8321	0.8242	0.6084	0.5759	0.9494	2.3561
ring	0.7809	0.7707	0.5702	0.5393	0.9521	4.4712
spambase	0.8729	0.8732	0.7418	0.7311	0.9653	2.9880
texture	0.9503	0.9540	0.9464	0.9494	0.9139	3.2882
titanic	0.7763	0.7833	0.4493	0.4514	0.9898	0.5746
twonorm	0.9520	0.9573	0.9140	0.9146	0.9383	4.2723

TABLA B.71: Resultados de ENN-CHC para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.8010	0.7950	0.3551	0.3325	0.9622	17.9675
shuttle	0.9976	0.9978	0.9940	0.9937	0.8843	36.7365

TABLA B.72: Resultados de ENN-CHC para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9689	0.9467	0.9533	0.9200	0.9753	0.1232
cleveland	0.6603	0.5582	0.4330	0.2698	0.9623	0.2902
led7digit	0.7684	0.7500	0.7422	0.7214	0.9746	0.4270
pima	0.8060	0.7304	0.5625	0.3914	0.9478	0.9977
wdbc	0.9557	0.9347	0.9031	0.8573	0.9886	0.8044
monk2	0.9035	0.8818	0.8066	0.7638	0.9799	0.4537
wisconsin	0.9740	0.9636	0.9427	0.9200	0.9928	1.2788
wine	0.9700	0.9353	0.9541	0.9001	0.9730	0.1844
glass	0.7596	0.6808	0.6439	0.5252	0.9509	0.2138
banknote	0.9930	0.9898	0.9859	0.9793	0.9821	2.4199
appendicitis	0.9422	0.9038	0.7179	0.4875	0.9755	0.1132
balance	0.8688	0.8709	0.7541	0.7582	0.9848	0.8330
bands	0.7455	0.7061	0.4134	0.3239	0.9636	0.3674
contraceptive	0.6579	0.4773	0.4676	0.1875	0.8264	2.3649
dermatology	0.9473	0.9369	0.9333	0.9196	0.9749	0.3946
ecoli	0.8466	0.8089	0.7733	0.7152	0.9649	0.3800
haberman	0.7908	0.7317	0.3173	0.1412	0.9853	0.2903
hayes-roth	0.7035	0.5188	0.5274	0.2341	0.9400	0.1418
heart	0.8527	0.7963	0.7000	0.5835	0.9807	0.2551
hepatitis	0.9000	0.8500	0.3634	0.1257	0.9775	0.0793
mammographic	0.8340	0.8133	0.6680	0.6262	0.9753	1.1150
newthyroid	0.9669	0.9438	0.9199	0.8531	0.9814	0.2253
tae	0.6748	0.5238	0.5093	0.2817	0.9219	0.1172
vehicle	0.7819	0.6408	0.7091	0.5206	0.9058	1.0728
vowel	0.8688	0.7899	0.8557	0.7689	0.8494	1.2532
yeast	0.6538	0.5411	0.5463	0.3986	0.8846	2.3610

TABLA B.73: Resultados de RSS-CHC para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8809	0.8832	0.7687	0.7631	0.9713	2.4651
cardiotocography	0.8730	0.8765	0.6594	0.6501	0.9763	0.8185
eye-state	0.7984	0.7672	0.5977	0.5229	0.8514	10.3898
page-blocks	0.9387	0.9466	0.6831	0.6805	0.9928	3.6991
penbased	0.9728	0.9798	0.9709	0.9776	0.9293	6.9140
satimage	0.8643	0.8622	0.8349	0.8299	0.9627	3.9961
thyroid	0.9340	0.9421	0.3929	0.3818	0.9919	4.2709
segment	0.2340	0.1528	0.1080	0.0116	0.9190	0.9589
coil2000	0.9246	0.9320	0.0466	0.0223	0.9901	9.2795
magic	0.8127	0.8075	0.5797	0.5532	0.9313	15.2582
marketing	0.3830	0.2894	0.2947	0.1862	0.8809	3.3203
phoneme	0.8035	0.8066	0.5439	0.5374	0.9815	2.7217
ring	0.9204	0.9134	0.8507	0.8266	0.9381	6.3558
spambase	0.8635	0.8660	0.7260	0.7205	0.9794	2.4941
texture	0.9387	0.9442	0.9335	0.9386	0.9372	2.7477
titanic	0.7672	0.7751	0.4304	0.4353	0.9918	0.7916
twonorm	0.9478	0.9546	0.9055	0.9092	0.9841	4.1837

TABLA B.74: Resultados de RSS-CHC para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7973	0.7948	0.3250	0.3120	0.9836	18.1931
shuttle	0.9970	0.9976	0.9933	0.9932	0.9801	64.0352

TABLA B.75: Resultados de RSS-CHC para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9644	0.9400	0.9467	0.9100	0.9727	0.1984
cleveland	0.6924	0.5969	0.4606	0.2823	0.9535	0.4987
led7digit	0.7267	0.7000	0.6959	0.6659	0.9640	0.7427
pima	0.8095	0.7296	0.5673	0.3839	0.9271	1.4884
wdbc	0.9566	0.9303	0.9055	0.8497	0.9905	1.3146
monk2	0.9252	0.9049	0.8501	0.8100	0.9653	0.8357
wisconsin	0.9730	0.9679	0.9404	0.9287	0.9931	1.9354
wine	0.9719	0.9471	0.9569	0.9182	0.9725	0.2697
glass	0.7954	0.7109	0.7021	0.5814	0.9215	0.3134
banknote	0.9958	0.9942	0.9915	0.9881	0.9802	3.5226
appendicitis	0.9498	0.9138	0.7707	0.5601	0.9708	0.1846
balance	0.8514	0.8099	0.7218	0.6446	0.9603	1.2547
bands	0.7756	0.6735	0.4974	0.2610	0.9381	0.6660
contraceptive	0.5845	0.4671	0.3566	0.1746	0.8599	3.4468
dermatology	0.9528	0.9198	0.9398	0.8978	0.9684	0.7480
ecoli	0.8519	0.7839	0.7869	0.6901	0.9580	0.6480
haberman	0.7850	0.7622	0.2966	0.2072	0.9876	0.5423
hayes-roth	0.7278	0.5625	0.5742	0.3116	0.9269	0.2216
heart	0.8617	0.8000	0.7184	0.5894	0.9807	0.4144
hepatitis	0.9000	0.7875	0.4285	0.0026	0.9700	0.1070
mammographic	0.8335	0.7928	0.6667	0.5849	0.9600	1.6868
newthyroid	0.9659	0.9447	0.9213	0.8775	0.9786	0.4077
tae	0.6674	0.5571	0.4990	0.3363	0.9278	0.1822
vehicle	0.8088	0.6459	0.7450	0.5272	0.8680	1.7682
vowel	0.9519	0.9051	0.9470	0.8956	0.8132	1.9504
yeast	0.6715	0.5163	0.5697	0.3669	0.8268	3.6261

TABLA B.76: Resultados de CNN-RSS-CHC para conjuntos pequeños

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8792	0.8785	0.7654	0.7538	0.9557	3.3310
cardiotocography	0.8781	0.8766	0.6643	0.6402	0.9725	1.3603
eye-state	0.8138	0.7754	0.6328	0.5445	0.8348	14.3698
page-blocks	0.9441	0.9512	0.7199	0.7132	0.9873	6.2237
penbased	0.9785	0.9860	0.9773	0.9844	0.9193	9.0444
satimage	0.8847	0.8768	0.8596	0.8474	0.9368	5.3913
thyroid	0.9303	0.9392	0.3410	0.3393	0.9924	7.2426
segment	0.2703	0.1416	0.1503	-0.0015	0.8742	1.3484
coil2000	0.9257	0.9327	0.0725	0.0277	0.9833	13.9504
magic	0.8329	0.7904	0.6400	0.5303	0.8337	21.4493
marketing	0.4297	0.2765	0.3504	0.1737	0.8099	4.9986
phoneme	0.8373	0.8227	0.6201	0.5707	0.9532	3.7557
ring	0.9208	0.9159	0.8515	0.8318	0.9416	8.7030
spambase	0.8743	0.8734	0.7503	0.7380	0.9593	3.4641
texture	0.9611	0.9656	0.9582	0.9622	0.9154	3.9357
titanic	0.7675	0.7746	0.4285	0.4301	0.9906	1.0707
twonorm	0.9416	0.9477	0.8933	0.8954	0.9829	5.7217

TABLA B.77: Resultados de CNN-RSS-CHC para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7912	0.7839	0.3192	0.2925	0.9655	23.9880
shuttle	0.9979	0.9981	0.9947	0.9945	0.9784	77.1720

TABLA B.78: Resultados de CNN-RSS-CHC para conjuntos grandes

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
iris	0.9674	0.9400	0.9511	0.9100	0.9700	0.1910
cleveland	0.6887	0.5646	0.4708	0.2789	0.9492	0.4973
led7digit	0.7700	0.7500	0.7440	0.7213	0.9650	0.7768
pima	0.8145	0.7104	0.5781	0.3404	0.9069	1.4055
wdbc	0.9652	0.9454	0.9246	0.8819	0.9740	1.2396
monk2	0.8819	0.8244	0.7642	0.6501	0.9477	0.6825
wisconsin	0.9763	0.9607	0.9478	0.9150	0.9659	1.5583
wine	0.9650	0.9294	0.9465	0.8910	0.9725	0.2891
glass	0.8033	0.7046	0.7063	0.5670	0.9327	0.3123
banknote	0.9985	0.9964	0.9969	0.9926	0.8961	3.2309
appendicitis	0.9560	0.9075	0.8038	0.4920	0.9736	0.1773
balance	0.8695	0.8549	0.7554	0.7281	0.9526	1.0740
bands	0.7678	0.6398	0.4652	0.1757	0.9496	0.6864
contraceptive	0.6172	0.4582	0.4071	0.1685	0.8392	3.6247
dermatology	0.9553	0.9346	0.9433	0.9168	0.9704	0.7982
ecoli	0.8605	0.8275	0.7988	0.7507	0.9604	0.5703
haberman	0.7938	0.7506	0.3261	0.2283	0.9843	0.4800
hayes-roth	0.7431	0.6500	0.6008	0.4526	0.9244	0.2057
heart	0.8601	0.8222	0.7153	0.6362	0.9767	0.3964
hepatitis	0.9083	0.8875	0.5886	0.4257	0.9638	0.1256
mammographic	0.8446	0.7976	0.6891	0.5953	0.9237	1.4707
newthyroid	0.9633	0.9628	0.9088	0.9072	0.9842	0.3664
tae	0.6799	0.4963	0.5171	0.2344	0.9238	0.2055
vehicle	0.7766	0.6744	0.7021	0.5656	0.8819	1.6821
vowel	0.9300	0.8737	0.9230	0.8611	0.7779	2.1629
yeast	0.7014	0.5367	0.6082	0.3927	0.8005	3.6700

TABLA B.79: Resultados de ENN-RSS-CHC para conjuntos pequeños



CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
banana	0.8825	0.8779	0.7720	0.7525	0.9508	3.2142
cardiotocography	0.8731	0.8734	0.6457	0.6284	0.9742	1.2996
eye-state	0.8119	0.7798	0.6305	0.5553	0.8348	15.7707
page-blocks	0.9459	0.9512	0.7476	0.7303	0.9752	4.4175
penbased	0.9807	0.9886	0.9797	0.9874	0.8829	10.1493
satimage	0.8899	0.8873	0.8663	0.8608	0.9385	5.7040
thyroid	0.9368	0.9442	0.4603	0.4439	0.9591	6.1879
segment	0.2481	0.1472	0.1245	0.0051	0.9100	1.3631
coil2000	0.9235	0.9287	0.1108	0.0501	0.9295	17.9349
magic	0.8575	0.8194	0.6889	0.5860	0.7224	22.8720
marketing	0.4103	0.2797	0.3281	0.1774	0.8467	4.8414
phoneme	0.8372	0.8244	0.6229	0.5780	0.9477	3.5526
ring	0.8877	0.8574	0.7852	0.7143	0.8887	6.4200
spambase	0.8648	0.8636	0.7258	0.7117	0.9597	4.1330
texture	0.9577	0.9642	0.9545	0.9606	0.9136	4.5437
titanic	0.7758	0.7837	0.4500	0.4549	0.9902	1.0768
twonorm	0.9503	0.9543	0.9105	0.9086	0.9387	6.0015

TABLA B.80: Resultados de ENN-RSS-CHC para conjuntos medianos

CONJUNTO	ACCURACY		KAPPA		REDUCCIÓN	TIEMPO PROMEDIO (SEG)
	Training	Test	Training	Test		
credit-card	0.7967	0.7860	0.3481	0.3110	0.9372	24.3612
shuttle	0.9983	0.9984	0.9960	0.9955	0.8826	70.4400

TABLA B.81: Resultados de ENN-RSS-CHC para conjuntos grandes