

ICBio 20/21

P3&P4

Autores: Sergio Rodríguez Nieto
David Maseda Neira

Fecha: *Coruña, a 27 de mayo de 2021*

Índice

1. Introducción	2
2. Descripción de los <i>datasets</i>	2
2.1. <i>Breast Cancer Wisconsin Dataset</i>	2
2.2. <i>Iris Flower Dataset</i>	2
3. Preparación del <i>dataset</i>	3
3.1. Preparación del <i>Breast Cancer Wisconsin Dataset</i>	3
3.2. Preparación del <i>Iris Flower Dataset</i>	3
3.3. <i>Biodeg Dataset</i>	3
3.4. Henon Map	3
4. Metodología y desarrollo	3
4.1. Ejecución	4
5. Modelos y entrenamiento	4
5.1. Discriminante lineal	5
5.2. Discriminante cuadrático	6
5.3. Árbol 1	7
5.4. Árbol 2	8
5.5. Árbol 3	9
5.6. SVM 1	10
5.7. SVM 2	11
5.8. SVM 3	12
5.9. SVM 4	13
5.10. ANN 1	14
5.11. ANN 2	15
5.12. ANN 3	16
5.13. ANN 4	17
5.14. ANN 5	18
5.15. ANN 6	19
6. Comparativa: Medidas globales	20
7. Significancia estadística - Boxplots	22
8. Regresión	25
8.1. Resultados	25

1. Introducción

En esta memoria incremental se presentan el procedimiento y los resultados de las prácticas en Inteligencia Computacional para la Bioinformática.

2. Descripción de los *datasets*

2.1. *Breast Cancer Wisconsin Dataset*

Consiste en 683 ejemplos, con 10 características por ejemplo:

- Radio
- Textura
- Perímetro
- Área
- Suavidad
- Compacidad
- Concavidad
- Puntos de concavidad
- Simetría
- Dimensión fractal

Los ejemplos se clasifican como malignos(1) o benignos(2).

2.2. *Iris Flower Dataset*

Consiste en 150 ejemplos, 50 para cada una de las 3 clases (Setosa, Versicolor y Virginica) Contiene 4 características por ejemplo:

- Longitud del sépalo (cm)
- Anchura del sépalo (cm)
- Longitud del pétalo (cm)
- Anchura del pétalo (cm)

3. Preparación del *dataset*

3.1. Preparación del *Breast Cancer Wisconsin Dataset*

Los datos del *Breast Cancer Wisconsin Dataset* se obtienen en un CSV. Durante esta práctica, no se realiza extracción de características, por lo que la carga de los datos del CSV se realiza directamente. Estos datos se guardan en un fichero MAT de matlab, para no volver a parsear el csv en posteriores ejecuciones. De igual modo, de realizarse preprocesado, este solo sería necesario la primera vez, al construir el dataset.

3.2. Preparación del *Iris Flower Dataset*

De igual manera que con el *dataset* anterior, no se realiza preprocesado, y los datos se guardan en un fichero de matlab para posterior acceso.

3.3. *Biodeg Dataset*

El dataset contiene 1055 instancias de sustancias químicas. Cada una de ellas consiste en 41 descriptores moleculares, usados para clasificar en 2 clases: Ready Biodegradable(RB) y Not Ready Biodegradable(NRB).

3.4. Henon Map

El dataset de Henon es una serie temporal caótica, que mapea un punto $(x_n, y_n) \Rightarrow (x_{n+1}, y_{n+1})$. Para este trabajo, se utilizarán 1500 muestras, agrupadas en ventanas deslizantes de 10 y 20 elementos.

4. Metodología y desarrollo

El código está organizado de la siguiente manera:
Existen 8 módulos:

- lineal.m
- quadratic.m
- Tree.m
- SVM.m

- SVM_Multiclass.m
- SVM_Regressor.m
- ANN.m
- ANN_Regressor.m

El parámetro `debug` en *Tree.m* sirve para ocultar las figuras de la estructura de los árboles, por simplicidad al ejecutar. Si se quiere consultar la estructura de los árboles, se fija el parámetro `debug` a `true`.

Para cada uno de los modelos, la función que define ejecuta secuencialmente lo siguiente:

1. Carga los datos del dataset provisto en la firma de la función.
2. Configura los parámetros para el modelo según lo definido en la firma de la función.
3. Entrena el modelo y lo valida con el *split* de test.
4. Muestra las métricas por clase y globales.
5. La función devuelve el accuracy, tanto en train como en test.

4.1. Ejecución

Se provee un archivo `main.m`, que construye y ejecuta todos los modelos para ambos *datasets*. **IMPORTANTE:** Se ha utilizado el bloque **arguments** de MATLAB, que solamente está disponible de la versión 2019b en adelante, por lo cual si se ejecuta en una versión anterior, muestra un error de sintaxis.

5. Modelos y entrenamiento

Se prueban 5 modelos diferentes: Un discriminante lineal, un discriminante cuadrático y 3 variaciones de árboles de clasificación, con variaciones en los parámetros. Todos los modelos se entrenan con un *10-fold*. Se recogen las siguientes métricas de rendimiento:

- Recall
- Precisión

- Especificidad
- VPN
- Accuracy
- F1

En esta sección, se presentan los modelos, sus parámetros, y los resultados para el conjunto de test.

5.1. Discriminante lineal

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.96	0.98
Precision	1.00	0.98	0.96
Specificity	1.00	0.96	0.98
VPN	1.00	0.98	0.99
Accuracy	1.00	0.98	0.98
F1	1.00	0.97	0.97

Cuadro 1: Iris(lineal)

	Maligno	Benigno
Recall	0.98	0.92
Precision	0.96	0.97
Specificity	0.98	0.92
VPN	0.97	0.97
Accuracy	0.96	0.96
F1	0.97	0.94

Cuadro 2: Cáncer(lineal)

	NRB	RB
Recall	0.91	0.77
Precision	0.89	0.81
Specificity	0.91	0.77
VPN	0.81	0.89
Accuracy	0.86	0.86
F1	0.89	0.78

Cuadro 3: Biodeg(lineal)

5.2. Discriminante cuadrático

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.92	0.98
Precision	1.00	0.98	0.94
Specificity	1.00	0.92	0.98
VPN	1.00	0.97	0.99
Accuracy	1.00	0.97	0.97
F1	1.00	0.94	0.96

Cuadro 4: Iris(Quad)

	Maligno	Benigno
Recall	0.94	0.98
Precision	0.99	0.90
Specificity	0.94	0.98
VPN	0.90	0.99
Accuracy	0.95	0.95
F1	0.96	0.94

Cuadro 5: Cáncer(Quad)

Nota: El predictor en el discriminante cuadrático para el dataset de Biodeg no encuentra varianza para la clase RB. Se utiliza en su lugar el discriminante ‘pseudoQuadratic’

	NRB	RB
Recall	0.75	0.90
Precision	0.93	0.65
Specificity	0.76	0.90
VPN	0.65	0.93
Accuracy	0.80	0.80
F1	0.83	0.75

Cuadro 6: Biodeg(quad)

5.3. Árbol 1

Árbol de búsqueda con los parámetros por defecto:

- MinLeafSize: 1
- MinParentSize: 10

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.90	0.92
Precision	1.00	0.93	0.91
Specificity	1.00	0.90	0.92
VPN	1.00	0.95	0.96
Accuracy	1.00	0.94	0.94
F1	1.00	0.91	0.91

Cuadro 7: Iris(Tree 1)

	Maligno	Benigno
Recall	0.96	0.91
Precision	0.95	0.92
Specificity	0.96	0.91
VPN	0.92	0.95
Accuracy	0.94	0.94
F1	0.95	0.91

Cuadro 8: Cáncer(Tree 1)

	NRB	RB
Recall	0.87	0.71
Precision	0.86	0.73
Specificity	0.87	0.71
VPN	0.73	0.86
Accuracy	0.82	0.82
F1	0.86	0.72

Cuadro 9: Biodeg(Tree 1)

5.4. Árbol 2

Árbol de búsqueda con los parámetros:

- MinLeafSize: 5
- MinParentSize: 10

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.94	0.88
Precision	1.00	0.90	0.94
Specificity	1.00	0.95	0.89
VPN	1.00	0.97	0.95
Accuracy	1.00	0.94	0.94
F1	1.00	0.92	0.90

Cuadro 10: Iris(Tree 2)

	Maligno	Benigno
Recall	0.96	0.92
Precision	0.96	0.93
Specificity	0.96	0.92
VPN	0.93	0.96
Accuracy	0.95	0.95
F1	0.96	0.92

Cuadro 11: Cáncer(Tree 2)

	NRB	RB
Recall	0.87	0.67
Precision	0.84	0.72
Specificity	0.87	0.67
VPN	0.72	0.84
Accuracy	0.80	0.80
F1	0.85	0.69

Cuadro 12: Biodeg(Tree 2)

5.5. Árbol 3

Árbol de búsqueda con los parámetros:

- MinLeafSize: 2
- MinParentSize: 5

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.94	0.90
Precision	1.00	0.92	0.94
Specificity	1.00	0.94	0.90
VPN	1.00	0.97	0.95
Accuracy	1.00	0.95	0.95
F1	1.00	0.92	0.92

Cuadro 13: Iris(Tree 3)

	Maligno	Benigno
Recall	0.97	0.92
Precision	0.96	0.95
Specificity	0.97	0.92
VPN	0.95	0.96
Accuracy	0.95	0.95
F1	0.97	0.93

Cuadro 14: Cáncer(Tree 3)

	NRB	RB
Recall	0.85	0.73
Precision	0.86	0.71
Specificity	0.85	0.73
VPN	0.71	0.86
Accuracy	0.81	0.81
F1	0.85	0.72

Cuadro 15: Biodeg(Tree 3)

5.6. SVM 1

SVM con los parámetros:

- KernelFunction: polynomial
- onevsone

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.98	0.98
Precision	1.00	0.98	0.98
Specificity	1.00	0.98	0.98
VPN	1.00	0.99	0.99
Accuracy	1.00	0.99	0.99
F1	1.00	0.98	0.98

Cuadro 16: Iris(SVM 1)

	Maligno	Benigno
Recall	0.97	0.90
Precision	0.95	0.94
Specificity	0.97	0.90
VPN	0.94	0.95
Accuracy	0.95	0.95
F1	0.96	0.92

Cuadro 17: Cáncer(SVM 1)

	NRB	RB
Recall	0.86	0.80
Precision	0.89	0.74
Specificity	0.86	0.80
VPN	0.74	0.89
Accuracy	0.84	0.84
F1	0.87	0.76

Cuadro 18: Biodeg(SVM 1)

5.7. SVM 2

SVM con los parámetros:

- KernelFunction: polynomial
- PolynomialOrder: 5
- onevsall

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	1.00	1.00
Precision	1.00	1.00	1.00
Specificity	1.00	1.00	1.00
VPN	1.00	1.00	1.00
Accuracy	1.00	1.00	1.00
F1	1.00	1.00	1.00

Cuadro 19: Iris(SVM 2)

	Maligno	Benigno
Recall	0.97	0.87
Precision	0.93	0.93
Specificity	0.97	0.87
VPN	0.93	0.93
Accuracy	0.93	0.93
F1	0.95	0.90

Cuadro 20: Cáncer(SVM 2)

	NRB	RB
Recall	0.94	0.10
Precision	0.67	0.45
Specificity	0.94	0.10
VPN	0.45	0.67
Accuracy	0.65	0.65
F1	0.78	0.00

Cuadro 21: Biodeg(SVM 2)

5.8. SVM 3

SVM con los parámetros:

- KernelFunction: polynomial
- PolynomialOrder: 6

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	1.00	1.00
Precision	1.00	1.00	1.00
Specificity	1.00	1.00	1.00
VPN	1.00	1.00	1.00
Accuracy	1.00	1.00	1.00
F1	1.00	1.00	1.00

Cuadro 22: Iris(SVM 3)

	Maligno	Benigno
Recall	0.95	0.93
Precision	0.98	0.92
Specificity	0.98	0.93
VPN	0.99	0.96
Accuracy	0.98	0.95
F1	0.96	0.93

Cuadro 23: Cáncer(SVM 3)

	NRB	RB
Recall	0.69	0.33
Precision	0.71	0.33
Specificity	0.69	0.33
VPN	0.33	0.71
Accuracy	0.57	0.57
F1	0.61	0.00

Cuadro 24: Biodeg(SVM 3)

5.9. SVM 4

SVM con los parámetros:

- KernelFunction: rbf
- onevsall

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.98	0.98
Precision	1.00	0.98	0.98
Specificity	1.00	0.98	0.98
VPN	1.00	0.99	0.99
Accuracy	1.00	0.99	0.99
F1	1.00	0.98	0.98

Cuadro 25: Iris(SVM 4)

	Maligno	Benigno
Recall	0.94	0.99
Precision	1.00	0.90
Specificity	0.94	0.99
VPN	0.90	1.00
Accuracy	0.96	0.96
F1	0.96	0.94

Cuadro 26: Cáncer(SVM 4)

	NRB	RB
Recall	0.97	0.32
Precision	0.74	0.87
Specificity	0.97	0.32
VPN	0.87	0.74
Accuracy	0.75	0.75
F1	0.84	0.47

Cuadro 27: Biodeg(SVM 4)

5.10. ANN 1

ANN con los parámetros:

- HiddenLayerSize: $0.5 * \text{inputSize}$
- Train: scg
- Transfer Function: tansig

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	0.92	0.71	0.74
Precision	1.00	0.66	0.70
Specificity	0.92	0.71	0.74
VPN	0.95	0.85	0.88
Accuracy	0.97	0.79	0.82
F1	0.96	0.67	0.71

Cuadro 28: Iris(ANN 1)

	Maligno	Benigno
Recall	0.89	0.98
Precision	0.99	0.77
Specificity	0.89	0.98
VPN	0.77	0.99
Accuracy	0.92	0.92
F1	0.94	0.86

Cuadro 29: Cáncer(ANN 1)

	NRB	RB
Recall	0.62	0.03
Precision	0.81	0.01
Specificity	0.62	0.03
VPN	0.01	0.81
Accuracy	0.54	0.54
F1	0.70	0.00

Cuadro 30: Biodeg(ANN 1)

5.11. ANN 2

ANN con los parámetros:

- HiddenLayerSize: 2*inputSize
- Train: scg
- Transfer Function: tansig

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.92	0.84
Precision	1.00	0.80	0.92
Specificity	1.00	0.92	0.84
VPN	0.00	0.96	0.90
Accuracy	1.00	0.91	0.91
F1	1.00	0.84	0.87

Cuadro 31: Iris(ANN 2)

	Maligno	Benigno
Recall	0.98	0.94
Precision	0.97	0.96
Specificity	0.98	0.94
VPN	0.96	0.97
Accuracy	0.96	0.96
F1	0.97	0.95

Cuadro 32: Cáncer(ANN 2)

	NRB	RB
Recall	0.66	0.00
Precision	1.00	0.00
Specificity	0.66	0.00
VPN	0.00	1.00
Accuracy	0.66	0.66
F1	0.80	0.00

Cuadro 33: Biodeg(ANN 2)

5.12. ANN 3

ANN con los parámetros:

- HiddenLayerSize: 1.5 * inputSize
- Train: scg
- Transfer Function: purelin

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	0.64	0.31	0.00
Precision	1.00	0.40	0.24
Specificity	0.64	0.31	0.00
VPN	0.70	0.62	1.00
Accuracy	0.80	0.55	0.75
F1	0.78	0.00	0.00

Cuadro 34: Iris(ANN 3)

	Maligno	Benigno
Recall	0.85	0.99
Precision	0.99	0.68
Specificity	0.85	0.99
VPN	0.68	0.99
Accuracy	0.88	0.88
F1	0.92	0.83

Cuadro 35: Cáncer(ANN 3)

	NRB	RB
Recall	0.66	0.00
Precision	1.00	0.00
Specificity	0.66	0.00
VPN	0.00	1.00
Accuracy	0.66	0.66
F1	0.80	0.00

Cuadro 36: Biodeg(ANN 3)

5.13. ANN 4

ANN con los parámetros:

- HiddenLayerSize: $0.5 * \text{inputSize}$
- Train: LM
- Transfer Function: tansig

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.98	1.00
Precision	1.00	1.00	0.98
Specificity	1.00	0.98	1.00
VPN	1.00	0.99	1.00
Accuracy	1.00	0.99	1.00
F1	1.00	0.99	0.99

Cuadro 37: Iris(ANN 4)

	Maligno	Benigno
Recall	0.99	0.96
Precision	0.98	0.98
Specificity	0.99	0.96
VPN	0.98	0.98
Accuracy	0.98	0.98
F1	0.98	0.97

Cuadro 38: Cáncer(ANN 4)

	NRB	RB
Recall	0.92	0.89
Precision	0.95	0.83
Specificity	0.92	0.89
VPN	0.83	0.95
Accuracy	0.91	0.91
F1	0.93	0.86

Cuadro 39: Biodeg(ANN 4)

5.14. ANN 5

ANN con los parámetros:

- HiddenLayerSize: 2 * inputSize
- Train: LM
- Transfer Function: tansig

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.98	0.97
Precision	1.00	0.96	0.98
Specificity	1.00	0.98	0.97
VPN	1.00	0.99	0.98
Accuracy	1.00	0.98	0.98
F1	1.00	0.97	0.97

Cuadro 40: Iris(ANN 5)

	Maligno	Benigno
Recall	0.99	0.96
Precision	0.98	0.98
Specificity	0.99	0.96
VPN	0.98	0.98
Accuracy	0.98	0.98
F1	0.98	0.97

Cuadro 41: Cáncer(ANN 5)

	NRB	RB
Recall	0.91	0.89
Precision	0.95	0.81
Specificity	0.91	0.89
VPN	0.81	0.95
Accuracy	0.90	0.90
F1	0.93	0.85

Cuadro 42: Biodeg(ANN 5)

5.15. ANN 6

ANN con los parámetros:

- HiddenLayerSize: $1.2 * \text{inputSize}$
- Train: LM
- Transfer Function: purelin

	Setosa	Versicolor	Virginica
Recall	1.00	0.90	0.72
Precision	1.00	0.62	0.92
Specificity	1.00	0.90	0.72
VPN	1.00	0.96	0.81
Accuracy	1.00	0.85	0.85
F1	1.00	0.72	0.80

Cuadro 43: Iris(ANN 6)

	Maligno	Benigno
Recall	0.96	0.97
Precision	0.98	0.92
Specificity	0.96	0.97
VPN	0.92	0.98
Accuracy	0.96	0.96
F1	0.97	0.94

Cuadro 44: Cáncer(ANN 6)

	NRB	RB
Recall	0.88	0.85
Precision	0.93	0.74
Specificity	0.88	0.85
VPN	0.74	0.93
Accuracy	0.87	0.87
F1	0.90	0.79

Cuadro 45: Biodeg(ANN 6)

6. Comparativa: Medidas globales

Se utiliza la accuracy en test como métrica para comparar los modelos.

P-Value: 4.110e-54	Accuracy(Train)	Accuracy(Test)
Discriminante Lineal	0.9574	0.9605
Discriminante Cuadrático	0.9579	0.9501
Árbol 1	0.9754	0.9384
Árbol 2	0.9711	0.9546
Árbol 3	0.9793	0.9414
SVM 1	1.0000	0.9531
SVM 2	0.9796	0.9122
SVM 3	0.7599	0.7433
SVM 4	0.9974	0.9590
ANN 1	0.7072	0.7072
ANN 2	0.9590	0.9591
ANN 3	0.7354	0.7254
ANN 4	0.9766	0.9766
ANN 5	0.9815	0.9815
ANN 6	0.9614	0.9603

Cuadro 46: Medidas globales de accuracy en training y test(Cáncer)

P-Value: 3.22e-29	Accuracy(Train)	Accuracy(Test)
Discriminante Lineal	0.9847	0.9822
Discriminante Cuadrático	0.9857	0.9822
Árbol 1	0.9867	0.9689
Árbol 2	0.9798	0.9733
Árbol 3	0.9847	0.9778
SVM 1	0.9911	0.9892
SVM 2	1.0000	1.0000
SVM 3	1.0000	1.0000
SVM 4	0.9924	0.9911
ANN 1	0.7585	0.7582
ANN 2	0.7467	0.7456
ANN 3	0.6326	0.6287
ANN 4	0.9926	0.9899
ANN 5	0.9896	0.9895
ANN 6	0.8978	0.9822

Cuadro 47: Medidas globales de accuracy en training y test(Iris)

P-Value: 2.01e-69	Accuracy(Train)	Accuracy(Test)
Discriminante Lineal	0.8699	0.8634
Discriminante Cuadrático	0.8202	0.8162
Árbol 1	0.9406	0.8001
Árbol 2	0.9184	0.8096
Árbol 3	0.9513	0.8199
SVM 1	0.9983	0.8312
SVM 2	0.6613	0.6341
SVM 3	0.6247	0.6248
SVM 4	0.9899	0.9289
ANN 1	0.6607	0.6584
ANN 2	0.6679	0.6425
ANN 3	0.5542	0.5107
ANN 4	0.8961	0.8960
ANN 5	0.9021	0.8922
ANN 6	0.8641	0.8173

Cuadro 48: Medidas globales de accuracy en training y test(Biodeg)

7. Significancia estadística - Boxplots

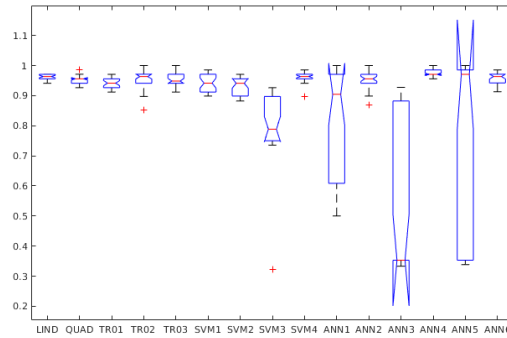


Figura 1: Cáncer

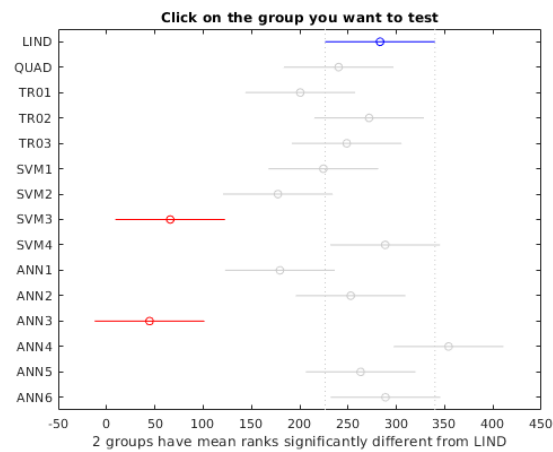


Figura 2: Cáncer

Kruskal-Wallis ANOVA Table					
Source	SS	df	MS	Chi-sq	Prob>Chi-sq
Columns	2.8833e+06	14	205950.3	171.62	3.22273e-29
Error	4.66014e+06	435	10713		
Total	7.54344e+06	449			

Figura 3: Cáncer

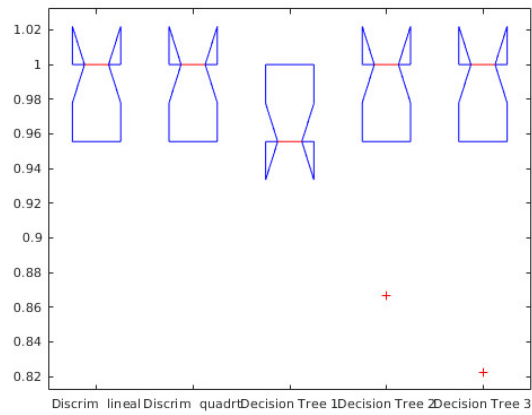


Figura 4: Iris

Kruskal-Wallis ANOVA Table					
Source	SS	df	MS	Chi-sq	Prob>Chi-sq
Columns	4.15195e+06	14	296568.1	292.61	4.1101e-54
Error	2.21918e+06	435	5101.6		
Total	6.37114e+06	449			

Figura 5: Iris

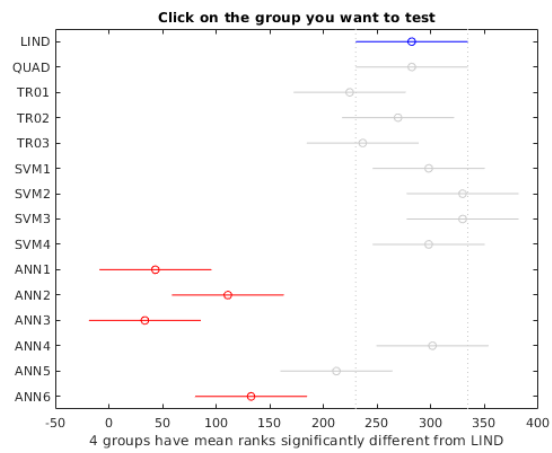


Figura 6: Iris

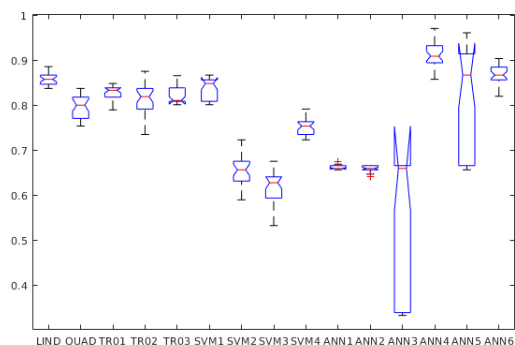


Figura 7: Biodeg

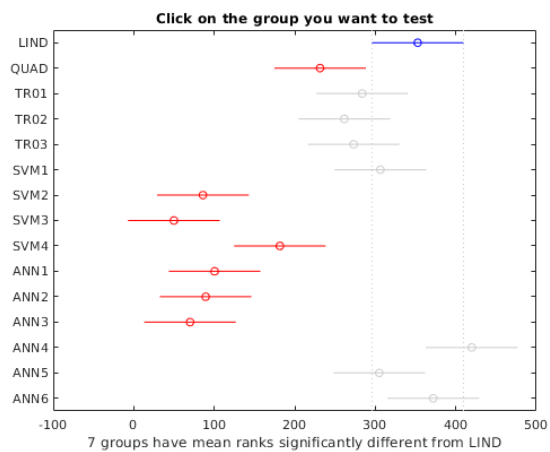


Figura 8: Biodeg

Kruskal-Wallis ANOVA Table					
Source	SS	df	MS	Chi-sq	Prob>Chi-sq
Columns	6.17657e+06	14	441183.6	365.77	2.01297e-69
Error	1.40543e+06	435	3230.9		
Total	7.582e+06	449			

Figura 9: Biodeg

8. Regresión

8.1. Resultados

P-Value: 3.302e-94	MSE(Train)	MSE(Test)
SVM 1	0.0032	0.0034
SVM 2	0.0036	0.0043
SVM 3	0.0035	0.0045
SVM 4	0.0055	0.0156
ANN 1	0.9977	0.9976
ANN 2	0.0087	0.0085
ANN 3	0.7307	0.7307
ANN 4	0.0061	0.0059
ANN 5	0.9535	0.9590
ANN 6	0.7237	0.7189
ANN 7	0.0019	0.0023
ANN 8	0.0004	0.0004
ANN 9	0.7311	0.7311
ANN 10	0.0067	0.0067
ANN 11	0.0006	0.0006
ANN 12	0.0012	0.7225

Cuadro 49: Medidas globales de MSE en training y test(Henon)

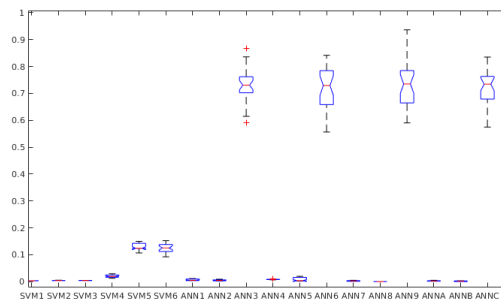


Figura 10: Henon

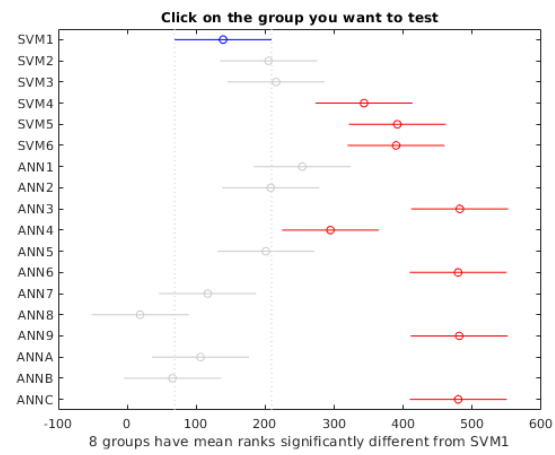


Figura 11: Henon

Kruskal-Wallis ANOVA Table					
Source	SS	df	MS	Chi-sq	Prob>Chi-sq
Columns	1.20288e+07	17	707578.8	494.1	3.30243e-94
Error	1.093e+06	522	2093.9		
Total	1.31218e+07	539			

Figura 12: Henon

Índice de cuadros

1.	Iris(lineal)	5
2.	Cáncer(lineal)	5
3.	Biodeg(lineal)	6
4.	Iris(Quad)	6
5.	Cáncer(Quad)	6
6.	Biodeg(quad)	7
7.	Iris(Tree 1)	7
8.	Cáncer(Tree 1)	7
9.	Biodeg(Tree 1)	8
10.	Iris(Tree 2)	8
11.	Cáncer(Tree 2)	8
12.	Biodeg(Tree 2)	9
13.	Iris(Tree 3)	9
14.	Cáncer(Tree 3)	9
15.	Biodeg(Tree 3)	10
16.	Iris(SVM 1)	10
17.	Cáncer(SVM 1)	10
18.	Biodeg(SVM 1)	11
19.	Iris(SVM 2)	11
20.	Cáncer(SVM 2)	11
21.	Biodeg(SVM 2)	12
22.	Iris(SVM 3)	12
23.	Cáncer(SVM 3)	12
24.	Biodeg(SVM 3)	13
25.	Iris(SVM 4)	13
26.	Cáncer(SVM 4)	13
27.	Biodeg(SVM 4)	14
28.	Iris(ANN 1)	14
29.	Cáncer(ANN 1)	14
30.	Biodeg(ANN 1)	15
31.	Iris(ANN 2)	15
32.	Cáncer(ANN 2)	15
33.	Biodeg(ANN 2)	16
34.	Iris(ANN 3)	16
35.	Cáncer(ANN 3)	16
36.	Biodeg(ANN 3)	17
37.	Iris(ANN 4)	17
38.	Cáncer(ANN 4)	17

39.	Biodeg(ANN 4)	18
40.	Iris(ANN 5)	18
41.	Cáncer(ANN 5)	18
42.	Biodeg(ANN 5)	19
43.	Iris(ANN 6)	19
44.	Cáncer(ANN 6)	19
45.	Biodeg(ANN 6)	20
46.	Medidas globales de accuracy en training y test(Cáncer) . . .	20
47.	Medidas globales de accuracy en training y test(Iris)	21
48.	Medidas globales de accuracy en training y test(Biodeg) . . .	21
49.	Medidas globales de MSE en training y test(Henon)	25