

Una Aplicación de los Algoritmos Genéticos en la Discriminación

Aurora Montano Rivas

Mario Cantú Sifuentes

*Departamento de Estadística y Cálculo, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro
mcansi@uaaan.mx*

Nidia Hernández Pérez

In memoriam

Abstract. *An application of genetic algorithms in discrimination. In this work a technique based on genetic algorithms is presented. Such a technique produces better discriminant functions parameters estimators, in the sense that the clasiffication errors are reduced. The technique is applied to real data, and the results are compared with the ones produced by means of the clasical Fisher discriminant analysis.*

Key Words: Discrete Optimization, Heuristic Algorithms.

Resumen. En este trabajo se presenta una técnica basada en algoritmos genéticos la cual produce mejores estimadores de los parámetros de funciones discriminantes que los encontrados por métodos tradicionales; en el sentido de que con la técnica propuesta se disminuyen los errores de clasificación. Se aplica la técnica a datos reales y los resultados se comparan con los que produce el análisis discriminante clásico de Fisher.

Palabras clave: Optimización discreta, Algoritmos Heurísticos.

Introducción

El análisis discriminante forma parte del conjunto de técnicas estadísticas diseñadas para resolver el problema de clasificación. Se caracteriza por estudiar la relación entre una variable categórica dependiente (el grupo de clasificación) y un conjunto de variables reales (posiblemente vectoriales) independientes. Estas describen a cada uno de los individuos a clasificar. A través de esta técnica, se construyen reglas de decisión que permiten discriminar o separar grupos mediante funciones de las variables observadas, minimizando la probabilidad de clasificación errónea, o bien maximizándola si la clasificación es correcta. Las reglas más usuales se construyen a partir de un modelo probabilístico, y de muestras de entrenamiento.

Por otra parte, los algoritmos genéticos son métodos adaptativos heurísticos que pueden usarse para resolver problemas de búsqueda y de optimización sobre el espacio de soluciones posibles (soluciones factibles). Esta técnica

está inspirada en los mecanismos de la genética y de la selección natural. Dada una función objetivo, los algoritmos genéticos construyen el espacio de soluciones usando operadores genéticos, entre ellos: selección, cruzamiento, y mutación. En cada etapa de la búsqueda, sobreviven las soluciones subóptimas.

En este trabajo se presenta una aplicación de los algoritmos genéticos a las funciones discriminantes que conforman la población inicial, las cuales se generan realizando el análisis discriminante de cada muestra obtenida por la técnica de remuestreo que se aplicó a una muestra de entrenamiento. Posteriormente, las funciones se evalúan para seleccionar las mejores y, a través de la aplicación de operadores genéticos, llegar a obtener una o un grupo de funciones que discriminen mejor que la proporcionada por el método de Fisher.

Para comprender adecuadamente el desarrollo de la aplicación de la técnica propuesta, se consideró conveniente presentar una breve descripción de los

métodos empleados: el análisis discriminante, los algoritmos genéticos, los métodos de selección y los operadores genéticos; también se describe la aplicación, seguida de las conclusiones y las referencias.

E1 Análisis Discriminante

Bajo el supuesto de g grupos o poblaciones Π_i , $i = 1, \dots, g$ mutuamente excluyentes, con probabilidades a priori asociadas a cada población como α_i , $\alpha_i \geq 0$ y $\sum \alpha_i = 1$ y vector de variables aleatorias $X = (X_1, \dots, X_p)$, el objetivo que se persigue es obtener un conjunto de $g(g-1)/2$ funciones lineales o seudonlineales del vector X tal, que maximice la separación entre los grupos y permita minimizar la probabilidad de clasificación errónea en cada grupo. Bajo los supuestos de que $g = 2$ y de que la separación entre los grupos es lineal o pseudolineal, una regla de decisión para este caso da por:

La unidad u con vector de variables observadas X clasifica en Π_1 si

$$a'x \leq 0$$

La unidad u con vector de variables observadas X clasifica en Π_2 si

$$a'x > 0$$

siendo $a \in R^{p+1}$ tal, que minimice la probabilidad de clasificación errónea, es decir,

$$a^* = \min_{a \in R^{p+1}} (\alpha_2 P(a'x \leq 0 | x \in \Pi_2) + \alpha_1 P(a'x > 0 | x \in \Pi_1))$$

Dada una muestra de entrenamiento X de tamaño $N \cdot p$ con $N = \sum n_j$, $j = 1, 2$ y la regla de clasificación anterior, se construye la regla de clasificación empírica a partir de la función discriminante estimada $a'(X)x$ al ser $a'(X)$ una estimación del vector de parámetros a tal, que minimice la estimación de la probabilidad de clasificación errónea condicionada a la muestra de entrenamiento, es decir, la selección del vector a debe cumplir:

$$(a^* | X) = \min_{a \in R^{p+1}} (a, P(a'(X)x \leq 0 | x \in \Pi_1, X) + \alpha_2 P(a'(X)x > 0 | x \in \Pi_2, X))$$

con

$$P(a'(X)x > 0 | x \in \Pi_2, X) = \#(x \in \Pi_2 : a'(X)x > 0) / n_2$$

$$P(a'(X)x \leq 0 | x \in \Pi_1, X) = \#(x \in \Pi_1 : a'(X)x \leq 0) / n_1$$

Algoritmos Genéticos

Los algoritmos genéticos buscan el mejor resultado a través del uso del espacio de posibles soluciones del problema considerado.

Estos comienzan con una población inicial o población cero, que representa un conjunto de posibles soluciones generadas aleatoriamente. Cada solución del problema planteado representa un cromosoma. Generalmente este conjunto discreto de soluciones es de tamaño de 20 a 100 cromosomas.

Tomando en consideración el proceso evolutivo de Darwin, la estrategia de estos algoritmos es seleccionar, de la población inicial, los mejores cromosomas padres como candidatos a producir mejores hijos en la nueva generación. Se repite este proceso hasta localizar una solución óptima o subóptima.

Selección de mejores cromosomas

La idea es escoger los mejores cromosomas o soluciones en una población que se va a reproducir para formar generaciones sucesivas; esta selección se realiza aleatoriamente, y se asigna una probabilidad P_j a cada elemento j , perteneciente a la población en cuestión y se toma como base el valor de ajuste. También se generan números aleatorios con distribución uniforme, uno para cada elemento de la población, y se comparan contra la probabilidad acumulada

$$c_i = \sum_{j=1}^L P_j$$

Entonces, la solución o cromosoma i se selecciona para integrar la nueva población, si

$$c_i < U(0,1) < c_{i+1}$$

Operadores genéticos: cruzamiento y mutación

Los operadores genéticos proporcionan los mecanismos de búsqueda básicos de los algoritmos genéticos; los cuales se usan para crear nuevas soluciones, basadas en el conjunto de las mejores soluciones escogidas previamente por algún método de selección.

Básicamente se usan dos operadores para valores reales, lo cuales son: cruzamiento y mutación. Operador cruzamiento: selecciona dos soluciones (cromosomas progenitores) y produce dos nuevas soluciones (nuevos cromosomas). Operador mutación: en este operador un gene se selecciona aleatoriamente de una cadena, el cual sufre una alteración y se produce una nueva solución única.

La aplicación de los operadores depende de la estructura de los cromosomas, si son discretos o continuos. Para mayor información puede verse en Michalewicz (1994) y Houck, et al., (1998). En el problema que se presenta se utilizaron los siguientes operadores: Cruzamiento aritmético: sean S_i y S_k dos soluciones o cromosomas, entonces al seleccionar aleatoriamente un valor r de una variable aleatoria con distribución $U(0,1)$, se logra la generación de dos nuevas soluciones o nuevos cromosomas al considerar las combinaciones convexas entre los dos, es decir:

$$\begin{aligned} S_m' &= rS_m + (1-r)S_k \\ S_k' &= rS_k + (1-r)S_m \end{aligned}$$

De esta forma se generan dos nuevas soluciones. Mutación uniforme: sea $S(i)$ la matriz de tamaño $s \times p$ cuyas filas representan s posibles soluciones del problema en la iteración i con p componentes, y

$$\begin{aligned} a_j &= \min_j S_{j,} \\ h_j &= \max_j S_{j,} \end{aligned}$$

donde $j = 1, \dots, p$,

es decir, el límite inferior y superior del conjunto de cada columna de la matriz $S(i)$ del problema. Seleccionando aleatoriamente el valor k entre 1 y p y un valor de la variable aleatoria $r'(a_j, h_j)$ con distribución uniforme en el intervalo (a_j, h_j) , se realiza la siguiente mutación:

$$S_{j,} = U(a_k, h_k), \text{ si } j = k$$

$$j \neq k$$

Aplicación

Para ilustrar el comportamiento de esta técnica, se usó la base de datos de IRIS dada por Fisher (1936). SE consideran solamente con especies (Versicolor y Virginica), con un total de 50 casos y cuatro variables:

X_1 = longitud del sépalo

X_2 = ancho del sépalo

X_3 = longitud del pétalo

X_4 = ancho del pétalo.

Los cálculos del procedimiento propuesto anteriormente, se realizaron con el apoyo de los paquetes SPLUS 2000 y MATLAB 12.

La solución obtenida bajo los supuestos de normalidad y de homogeneidad de las matrices de covarianza de las dos especies, y considerando la muestra de entrenamiento de tamaño 100, se obtuvo como vector (μ, Σ) de coeficientes de la función discriminante $(3,5563, 55786, -6.97013, -12386, 16.663)$, con una estimación del error de clasificación de 0.03.

Después de aplicar las técnicas de remuestreo a la muestra original, se generaron 12 muestras aleatorias, a las cuales se les aplicó la discriminación bajo los mismos supuestos. Las soluciones dadas del vector (μ, Σ) para cada muestra aparecen en el Cuadro 1, que muestran los cromosomas progenitores o población inicial. La última columna del cuadro indica el error estimado, resultante de reclasificar la muestra de entrenamiento original con las 12 soluciones resultantes.

Asignando una probabilidad frecuencial a cada error y al generar 12 números aleatorios con distribución $U(0,1)$, ordenados de menor a mayor, se procede a utilizar la técnica de selección. Los Cuadros 2 y 3 muestran los resultados de la primera selección. A continuación se realizó el primer cruce aritmético (Cuadro 4) y se obtuvieron las nuevas combinaciones o nuevas soluciones.

Para realizar la primera mutación uniforme, se seleccionó un número aleatorio entre 1 y 5, en este caso resultó $j = 4$ y se generó un número aleatorio (gene) entre los límites superior e inferior del vector de soluciones para la columna 4. El valor obtenido fue 13.2639, el cual se sustituyó en la columna correspondiente para cada uno de los cromosomas. En el Cuadro 5 se dan los resultados obtenidos.

Los Cuadros 6, 7 y 8 muestran los resultados del segundo cruce. Para realizar la segunda mutación se seleccionó un número aleatorio entre 1 y 5, sin considerar el 4, que ya corresponde a la columna mutada

anteriormente. En este caso, la nueva columna a mutar es $j = 5$ y el valor aleatorio elegido entre 15.0474 y 15.2138 es 15.1394. En el Cuadro 9 se dan los resultados.

Al repetir el algoritmo anterior, se consideraron cinco iteraciones que se muestran en los Cuadros 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17 y 18 que se presentan en el Anexo.

Puede observarse como la estimación del error de clasificación va estabilizándose a 0.02. Una solución subóptima del problema de discriminación original es dada por la función discriminante lineal:

$$6.3981X_1 + 5.0345X_2 - 9.7445X_3 - 13.2639X_4 + 15.1394$$

con una estimación del error de clasificación de 0.02.

Conclusiones

En este trabajo se ha mostrado que la técnica de algoritmos genéticos puede usarse para refinar los métodos clásicos de discriminación. Esta afirmación es soportada por el hecho de que el método de clasificación de Fisher aplicado al conjunto de datos de IRIS, tiene un error de clasificación de 0.03; al aplicar algoritmos genéticos el método se mejora al obtenerse un error de clasificación de 0.02 o menor.

Literatura Citada

1. Barbro, B., Teija, L. y Kaisa, S. 1996. Bankruptcy Predictors Using Discriminant Analysis, Logit Analysis, and Genetic Algorithms. Turku, Centre for Computer Science, Finland. Technical Report No.40.
2. Fisher R. A. 1936. The Use of Multiple Measurements in Taxonomic Problems. Annual Eugenics 7:179-188.
3. Houck, C. R. Joines J.A., y Kay M. G. 1990. A genetic Algorithm for Function Optimization: A Matlab Implementation, NCSU-IE, Technical Report 95-09.
4. *MATLAB R. 12*. The Math Works Company, Natick, Massachusetts.
5. Michalewicz, Z. 1994. Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Program. Series Springer-Verlag, New York, USA.
6. Mitsuru O. 2000. New Method Discriminant Analysis Utilizing Genetic Algorithm. Fujitsu Limited 4-1-1, Kamikodanaka, Nakahara-ku, Kawasaki, 211-8588.
7. *S-PLUS 2000*, Data analysis Products Division, MathSoft, Seattle, WA.

ANEXO

Cuadro 1. Cromosomas Progenitores

Sepal	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
4.5665	7.2112	-8.3568	-14.0763	15.4254	.04
0.10279	7.49824	-3.5749	-14.9522	20.8127	.06
1.8046	6.21916	-4.3873	-16.1442	19.7121	.02
2.7065	6.2569	-6.1654	-12.889	17.7004	.038
4.5665	7.2112	-8.3568	-14.0763	15.4254	.04
3.556	5.5786	-6.97013	-12.386	16.663	.03
2.6769	8.234	-7.45	-16.3613	24.5204	.03
3.7958	8.027	-6.823	-16.5313	14.639	.046
4.7955	4.2296	-7.2728	-14.0795	16.89312	.02
1.8046	6.2192	-4.38726	-16.1442	19.7112	.02
6.6358	5.4506	-10.48465	-12.41914	14.9495	.01
6.3973	4.13926	-9.04369	-13.71768	15.15608	.00

Cuadro 2. Primera Selección de Cromosomas Progenitores

Error	Prob.Acum.	$(c_i - 1) \cdot U(0,1) + c_i$	
.04	.083	$(0 < .01 < .083)$	Si
.06	.166	$(.083 < .23 < .166)$	No
.02	.249	$(.166 < .44 < .249)$	No
.038	.332	$(.249 < .45 < .332)$	No
.04	.415	$(.332 < .48 < .415)$	No
.03	.498	$(.415 < .60 < .498)$	No
.03	.581	$(.498 < .61 < .581)$	No
.046	.664	$(.581 < .76 < .664)$	No
.02	.747	$(.664 < .79 < .747)$	No
.02	.83	$(.747 < .82 < .83)$	Si
.01	.913	$(.83 < .89 < .913)$	Si
.00	1	$(.913 < .95 < 1)$	Si

Cuadro 3. Combinaciones Seleccionadas

Sepal	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
4.5665	7.2112	-8.3568	-14.0763	15.4254	.04
1.8046	6.2192	-4.38726	-16.1442	19.7112	.02
6.6358	5.4506	-10.48465	-12.41914	14.9495	.01
6.3973	4.13926	-9.04369	-13.71768	15.15608	.00

Cuadro 4. Resulta del Primer Cruce Aritmético

Sepa1	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
3.07507	6.67555	-6.213248	-15.192968	17.740184	.02
3.29602	6.7548	-6.5308	-15.0275	17.397266	.02
5.3801	6.5189	-9.1935	-13.4247	15.2383	.03
5.8222	6.1429	-9.648	-13.0707	15.1366	.03
5.5075	5.6322	-8.7099	-13.8919	15.2870	.03
5.4563	5.7182	-8.6906	-13.902	15.2945	.03
2.3298	6.1357	-5.05	-15.7393	19.1944	.02
6.1106	5.5341	-9.8219	-12.8241	15.4672	.03
2.8972	5.7244	-5.4950	-15.5669	18.6282	.03
5.3047	4.6341	-7.9359	-14.2949	16.24	.03
6.5062	4.7379	-9.7015	-13.1249	15.0618	.03
6.5269	4.8520	-9.8269	-13.0119	15.0438	.03

Cuadro 5. Primera Mutuación Uniforme

Sepa1	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
3.07507	6.67555	-6.213248	-13.2639	17.740184	.12
3.29602	6.7548	-6.5308	-13.2639	17.397266	.08
5.3801	6.5189	-9.1935	-13.2639	15.2383	.03
5.8222	6.1429	-9.648	-13.2639	15.1366	.02
5.5075	5.6322	-8.7099	-13.2639	15.2870	.03
5.4563	5.7182	-8.6906	-13.2639	15.2945	.03
2.3298	6.1357	-5.05	-13.2639	19.1944	.15
6.1106	5.5341	-9.8219	-13.2639	15.4672	.03
2.8972	5.7244	-5.4950	-13.2639	18.6282	.14
5.3047	4.6341	-7.9359	-13.2639	16.24	.05
6.5062	4.7379	-9.7015	-13.2639	15.0618	.02
6.5269	4.8520	-9.8269	-13.2639	15.0438	.02

Cuadro 6. Primera Selección

Error	Prob.Acum.	$(\epsilon_i - 1) \cdot U(0,1) + \epsilon_i$	
.12	.083	$(0 < .151 < .083)$	No
.08	.166	$(.083 < .235 < .166)$	No
.03	.249	$(.166 < .240 < .249)$	Si
.02	.332	$(.249 < .334 < .332)$	No
.03	.415	$(.332 < .591 < .415)$	No
.03	.498	$(.415 < .718 < .498)$	No
.15	.581	$(.498 < .738 < .581)$	No
.03	.664	$(.581 < .792 < .664)$	No
.14	.747	$(.664 < .875 < .747)$	No
.05	.83	$(.747 < .894 < .83)$	No
.02	.913	$(.83 < .897 < .913)$	Si
.02	1	$(.913 < .939 < 1)$	Si

Cuadro 7. Combinaciones Seleccionadas

Sepa1	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
5.3801	6.5189	-9.1935	-13.2639	15.2383	.03
6.5062	4.7379	-9.7015	-13.2639	15.0618	.02
6.5269	4.8520	-9.8269	-13.2639	15.0438	.02

Cuadro 8. Segundo Cruce Aritmético

Sepa1	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.3498	4.9853	-9.6309	-13.2639	15.0863	.03
5.5365	6.2715	-9.2641	-13.2639	15.2138	.03
6.2943	5.19	-9.6984	-13.2639	15.0832	.02
5.6127	6.1809	-9.3220	-13.2639	15.1989	.03
6.5228	4.8293	-9.8020	-13.2639	15.0474	.02
6.5103	4.7606	-9.7264	-13.2639	15.0582	.02

Cuadro 9. Segunda Mutación

Sepa1	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.3498	4.9853	-9.6309	-13.2639	15.1394	.03
5.5365	6.2715	-9.2641	-13.2639	15.1394	.03
6.2943	5.19	-9.6984	-13.2639	15.1394	.02
5.6127	6.1809	-9.3220	-13.2639	15.1394	.03
6.5228	4.8293	-9.8020	-13.2639	15.1394	.02
6.5103	4.7606	-9.7264	-13.2639	15.1394	.02

Cuadro 10. Tercera Selección

Error	Prob.Acum.	$(\epsilon_i - 1) \cdot U(0,1) + \epsilon_i$	
.03	.167	$(0 < .243 < .167)$	No
.03	.333	$(.167 < .361 < .333)$	No
.02	.5	$(.333 < .412 < .5)$	Si
.03	.666	$(.5 < .434 < .666)$	No
.02	.833	$(.666 < .712 < .833)$	Si
.02	1	$(.833 < .982 < 1)$	Si

Cuadro 11. Combinaciones Seleccionadas

Sepa1	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.2943	5.19	-9.6984	-13.2639	15.1394	.02
6.5228	4.8293	-9.8020	-13.2639	15.1394	.02
6.5103	4.7606	-9.7264	-13.2639	15.1394	.02

Cuadro 12. Tercer Cruce Aritmético

Sepal	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.47	4.9127	-9.7781	-13.2639	15.1394	.02
6.3471	5.1066	-9.7223	-13.2639	15.1394	.02
6.4722	4.8363	-9.7215	-13.2639	15.1394	.02
6.3324	5.1143	-9.7033	-13.2639	15.1394	.02
6.5154	4.7885	-9.7571	-13.2639	15.1394	.02
6.5177	4.8014	-9.7713	-13.2639	15.1394	.02

Cuadro 13. Tercera Mutación

Sepal	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.47	4.9127	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.3471	5.1066	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4722	4.8363	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.3324	5.1143	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.5154	4.7885	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.5177	4.8014	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03

Cuadro 14. Cuarta Selección

Error	Prob.Acum.	$(\epsilon_i - 1) \cdot U(0,1) + \epsilon_i$	
.03	.167	$(0 < .073 < .167)$	Si
.02	.333	$(.167 < .332 < .333)$	Si
.02	.5	$(.333 < .399 < .5)$	Si
.02	.666	$(.5 < .538 < .666)$	Si
.03	.833	$(.666 < .656 < .833)$	No
.03	1	$(.833 < .683 < 1)$	No

Cuadro 15. Cuarto Cruce con las combinaciones seleccionadas

Sepal	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.3767	5.0599	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4404	4.9594	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.4716	4.8585	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4706	4.8905	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.369	5.0607	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4334	4.9663	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.348	5.1047	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4713	4.8382	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.3399	5.1104	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.3396	5.1105	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4655	4.8496	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.3391	5.1010	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02

Cuadro 16. Cuarta Mutación

Sepal	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.3767	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4404	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.4716	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.4706	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.369	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4334	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.348	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4713	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.3399	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.3396	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4655	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.3391	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02

Cuadro 17. Quinta Selección

Error	Prob.Acum.	$(\epsilon_i - 1) \cdot U(0,1) + \epsilon_i$	
.02	.083	$(0 < .073 < .083)$	Si
.03	.166	$(.083 < .332 < .166)$	No
.03	.249	$(.166 < .399 < .249)$	Si
.03	.332	$(.249 < .538 < .332)$	No
.02	.415	$(.332 < .656 < .415)$	No
.03	.498	$(.415 < .683 < .498)$	No
.02	.581	$(.498 < .073 < .581)$	No
.03	.664	$(.581 < .332 < .664)$	No
.02	.747	$(.664 < .399 < .747)$	No
.02	.83	$(.747 < .538 < .83)$	No
.03	.913	$(.83 < .656 < .913)$	No
.02	1	$(.913 < .683 < 1)$	Si

Cuadro 18. Quinto Cruce

Sepal	Sepaw	Petal	Petaw	Constant	Error
6.4331	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.4152	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.3736	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.3422	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02
6.4575	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.03
6.3532	5.0345	-9.7445	-13.2639	15.1394	.02