

**Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics**

---

# Desenvolvimento de um Software híbrido (Redes Neurais Artificiais - Evolução Diferencial) aplicado a modelagem de processos cervejeiros

Maria B. Takahashi<sup>1</sup>

Departamento de Ciências Biológicas, UNESP, Assis, SP

Henrique C. de Oliveira<sup>2</sup>

Departamento de Ciências Biológicas, UNESP, Assis, SP

Eutímio G. F. Núñez<sup>3</sup>

Centro de Ciências Naturais e Humanas, UFABC, Santo André, SP

José C. Rocha<sup>4</sup>

Departamento de Ciências Biológicas, UNESP, Assis, SP

## 1 Introdução

A qualidade de produtos biotecnológicos, como a cerveja, pode ser modulada a partir de mudanças nas proporções dos seus insumos, assim como nos parâmetros de operação ao longo do processo produtivo. O delineamento experimental combinado (variáveis de mistura e de processo) tem demonstrado ser uma metodologia efetiva na modelagem polinomial deste bioprocessos [2]. Entretanto, técnicas de inteligência artificial têm sido utilizadas como alternativa desta modelagem, otimizando um significativo número de tecnologias biológicas [1]. O objetivo deste trabalho foi implementar um software combinando Redes Neurais Artificiais (RNA) e Evolução Diferencial (ED) a fim de otimizar a topologia de uma RNA para modelar o bioprocessos envolvido na produção de cerveja tipo Ale.

## 2 Metodologia

O software combinando RNA e ED foi desenvolvido na plataforma MatLab (Mathworks, Natick, USA). A base de dados utilizada foi oriunda de [3], sendo normalizada entre [0,1]. As variáveis de entrada da RNA foram a composição do mosto e o tempo de reação de proteases. Já a saída foram as variáveis que indicam a qualidade da cerveja. A base de dados foi dividida entre 70:15:15 para treinamento, validação e teste, respectivamente. A

---

<sup>1</sup>mbeatriz.takahashi@gmail.com

<sup>2</sup>hcoelho.oliveira@gmail.com

<sup>3</sup>eutimocu@hotmail.com

<sup>4</sup>jcelso@assis.unesp.br

metodologia proposta por [4] foi a base do ED, sendo os indivíduos representados pelos parâmetros da RNA: camadas intermediárias (1 a 3), neurônios em cada camada intermediária (1 a 100), função de transferência (*hardlim*, *logsig*, *purelin*, *radbas*, *tansig*), função de treinamento (*trainrp*, *trainscg*, *traingdm*, *traingdx*, *traingda*), taxa de aprendizado (*lr*: 0,1, 0,01, 0,001) e taxa de momentum (*mc*: 0,3, 0,45, 0,9). Estes parâmetros foram gerados aleatoriamente, para que os indivíduos apresentem variabilidade e convergência para uma solução ótima. Os parâmetros iniciais do software serão o número de indivíduos (*NP*: 100, 150, 200, 300 ou 500), de gerações (*G*: 500), parâmetros da RNA, fator de escala de mutação (*F*: 0,5, 1 ou 2) e a constante de crossover (*Cr*: 0,05). Após a criação dos indivíduos, a população passou por etapas de mutação, crossover e seleção. O critério de parada foi definido como o número de gerações. Já a seleção, foi baseada na maior correlação entre valores observados e preditos por regressão linear.

### 3 Resultados e Discussão

A melhor arquitetura neural foi definida a partir do ED com os parâmetros  $NP = 300$ ,  $G = 500$ ,  $F = 2$  e  $Cr = 0,05$ . A RNA apresentou: 3 camadas intermediárias com 95-56-100 neurônios em cada, funções de transferência *tansig-tansig-logsig-tansig* respectivamente, função de treinamento *trainrp*,  $lr = 0,1$  e  $mc = 0,45$  (por a função *trainrp* não apresentar *mc*, este não foi utilizado nesta RNA). O valor do MSE para treinamento, validação e teste foram 0,0029, 0,0547 e 0,0802 respectivamente. Já as regressões lineares (Rtotal) para cada saída foram: teor alcoólico (0,8221), cor (0,7913), pH (0,8293), turbidez (0,8372), estabilidade da espuma (0,8039), concentração de dicetonas vicinais (0,8235) e amargor (0,7005). A utilização da técnica de ED proporcionou uma maior variabilidade das arquiteturas de RNA conforme os indivíduos das populações foram evoluindo através das gerações, obtendo uma boa arquitetura conforme mencionado anteriormente. No entanto, valores de Rtotal  $\geq 0,8$  são considerados adequados para determinar a precisão do modelo, o que não foi obtido para todas as saídas desejadas. Neste sentido, a próxima etapa deste trabalho será utilizar a mesma técnica, mas agora considerando, para efeito do algoritmo, cada saída individualmente. \*Processo FAPESP IC 2016/19004-4.

### Referências

- [1] S. Agatonovic-Kustrin and R. Beresford. Basic concepts of artificial neural network (ANN) modeling and its application in pharmaceutical research, *J. Pharm. Biomed. Anal.*, 22:717–727, 1999.
- [2] K. M. Lee and D. F. Gilmore. Statistical Experimental Design for Bioprocess Modeling and Optimization Analysis, *Appl. Biochem. Biotechnol.*, 135:101–115, 2006.
- [3] H. C. Oliveira, Delineamento combinado associado à Rede Neural Artificial para produção de cerveja, Monografia de Conclusão de Curso, Unesp, 2016.
- [4] R. Storn and K. Price. *Differential Evolution - A simple and efficient adaptive scheme for global optimization over continuous spaces*. ICSI, Berkeley, 1995.