

Obtenção de arquiteturas de Redes Neurais Artificiais através de Algoritmo Genético

Felipe J. Passalia¹

Marcelo F. G. Nogueira²

José C. Rocha³

Departamento de Ciências Biológicas, Unesp, Assis, SP

Felipe D. Matos⁴

Institut de Biologie de l'École Normale Supérieure (IBENS), Paris, Île-de-France

1 Introdução

A técnica de Redes Neurais Artificiais (RNA), atualmente apresenta várias aplicações, como por exemplo, na detecção de fraudes, na predição de tempo de pacientes em hospitais e no controle da qualidade de processos [2]. No entanto, para a aplicação da RNA existe a dificuldade em obter a melhor arquitetura, ou seja, determinar o número de camadas ocultas, o número de neurônios em cada camada, as funções de transferência e de treinamento a serem utilizadas para a solução do problema, e não há um método específico neste sentido. Como forma de solucionar esta dificuldade, este estudo teve o objetivo de combinar a técnica de Algoritmo Genético (AG) com a de RNA tendo como função objetivo a obtenção da melhor arquitetura de RNA para um determinado problema.

2 Metodologia e Resultados

No presente estudo a técnica de AG foi desenvolvida iniciando-se com a criação de uma população aleatória onde cada indivíduo representa uma arquitetura de RNA. Cada indivíduo desta população é composto por 9 parâmetros, sendo eles: o número de neurônios na primeira, segunda e terceira camadas intermediárias, a função de treinamento, a função de transferência para as três camadas intermediárias além da camada de saída e o número de camadas ocultas a serem utilizadas. Nesta fase, cada RNA é treinada e testada apresentando um percentual de acerto para o problema proposto.

¹felipepassalia@hotmail.com

²marcelo@assis.unesp.br

³jcelso@assis.unesp.br

⁴delestro@biologie.ens.fr

Após definida a população utiliza-se a técnica de elitismo para realizar a seleção dos indivíduos mais aptos. A partir da obtenção de, ao menos, dois indivíduos aptos, com percentual de acerto satisfatório, inicia-se o processo de geração de novas populações através de crossing-over e mutação, utilizando-se a seleção por elitismo

O software foi desenvolvido na plataforma *MatLab*[®] tendo como parâmetros, para compor os indivíduos da população, os seguintes: o intervalo numérico referente à quantidade de neurônios, entre 10 e 120, nas camadas intermediárias, uma lista das funções de treinamento da RNA [1], e de transferência [1], o valor máximo de camadas ocultas presentes nas arquiteturas de RNA, neste caso 3, além dos padrões de entrada/saída. Testamos o AG para diferentes números de indivíduos em cada população: 100, 200, 300 e 1000, no entanto, para cada experimento o número de elementos da população sempre era fixo.

Foi utilizado, para os padrões de entrada/saída, um banco de dados contendo 126 amostras de imagens de blastocistos bovinos, obtidas a partir de uma parceria firmada com a empresa In Vitro Brasil, classificados em três graus de qualidade (bom, regular e ruim) para o treinamento da RNA. Através do processamento de imagens digitais foram extraídas 24 variáveis de cada imagem que serviram como padrões de entrada para a RNA, sendo as saídas, a classificação do blastocisto.

Para o caso em estudo utilizamos um percentual de acerto mínimo, para os indivíduos aptos, de 20% nas três classificações de blastocistos, este acerto é obtido a partir da matriz de confusão [1], dos dados de teste de cada RNA da população. No processo de geração das novas populações utiliza-se 10% dos melhores indivíduos da geração anterior, 60% de indivíduos gerados do cruzamento (utilizando crossing-over com a possibilidade de 5% de mutação) entre indivíduos da própria população e 30% dos indivíduos são gerados aleatoriamente. O experimento foi repetido 250 vezes em computadores com processadores Quad Core com uma média de 1200 gerações cada experimento.

As melhores arquiteturas de RNA encontradas pelo AG foram com uma população fixa de 200 indivíduos, que apresentaram acertos para os três graus de qualidade acima de 80%, com duas camadas intermediárias, função de treinamento *trainscg*, funções de transferência *purelin* e *tansig* e com acerto para os dados de teste da RNA acima de 90%.

3 Conclusões

A utilização da metodologia de AG em consonância com as RNAs se mostrou eficaz para a classificação de blastocistos bovinos que até os dias atuais ainda é feita de forma bastante subjetiva, mostrando ser uma técnica com bom potencial de aplicação para problemas que utilizam formas subjetivas para sua solução.

Referências

- [1] M. H. Beale, M. T. Hagan and H. B. Demuth. Neural network toolbox: MATLAB users guide, *The MathWorks Inc*, 2015.
- [2] S. Haykin, Redes Neurais: princípios e prática 2^a ed, *Bookman*, Porto Alegre, 2001.