

REVISTA BRASILEIRA DE ENERGIAS RENOVÁVEIS

MODELAGEM DE UMA CÉLULA DE ELETRÓLISE MICROBIANA (CEM) POR MEIO DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS (RNA) VIA UM ALGORITMO META-HEURÍSTICO¹

HANNIEL FERREIRA SARMENTO DE FREITAS^{2,3}, MURIELK SEBRIAN VALVASSORE³, SARA CAROLINA GETIRANA FOLLY³, JOSE EDUARDO OLIVO³, CID MARCOS GONÇALVES ANDRADE³

¹Apresentado no I SIMPHI – Simpósio Paranaense de Hidrogênio- 2017

²Departamento de Engenharia Química, Universidade Estadual de Maringá, Brasil, Paraná: murielksv@hotmail.com, sarafoolly.conseq@gmail.com, jeolivo@uem.br, cidmga@yahoo.com.br;

³Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte, Brasil, Rio Grande do Norte: hanniel.freitas@ifrn.edu.br.

RESUMO

Face a necessidade crescente por novas fontes de energia, a pesquisa sobre a diversificação da matriz energética atual é um tema de bastante interesse. O biohidrogênio, um biocombustível produzido a partir da atividade microbiana surge como uma importante alternativa para essa demanda. O presente trabalho apresenta uma modelagem da produção de biohidrogênio em uma célula de eletrólise microbiana (CEM) por meio de uma técnica de inteligência artificial, redes neurais artificiais (RNA), a partir de dados de concentração de substrato e tempo de cultivo. Os resultados indicam que a RNA conseguiu reproduzir adequadamente os dados experimentais.

PALAVRAS-CHAVE: Produção de hidrogênio, Biotecnologia, Inteligência Artificial

ABSTRACT

Facing the constant necessity for new energy sources, the research on the diversification of the actual energy matrix is a subject of considerable interest. The biohydrogen, a biofuel produced from the microbial activity stands out as an important alternative to this demand. The present work shows a modeling of the biohydrogen production in a microbial electrolysis cell (MEC) through the utilization of an artificial intelligence technique, artificial neural networks (ANN), using substrate concentration and cultivation time data. The results indicate that the ANN was able to reproduce properly the experimental data.

KEYWORDS: Hydrogen production, Microbial electrolysis cell, Artificial neural networks

INTRODUÇÃO

Face à crescente industrialização da sociedade, a demanda pela disponibilidade de fontes energéticas vem aumentando de maneira constante. Estima-se que em 2020 o consumo mundial de energia vendida atinja o patamar de 629 quadrilhões de Btu, e esse número chegue a 825 quadrilhões de Btu em 2040 (EIA, 2016). Soma-se a isso a necessidade de diversificação da matriz energética mundial, a qual ainda é baseada fortemente em combustíveis fósseis, para a adoção de fontes alternativas e ambientalmente mais amigáveis.

Dentre as diversas opções de fontes alternativas de energia, os biocombustíveis figuram como uma notável alternativa. Em meio aos diversos tipos destes combustíveis renováveis, o biohidrogênio tem sido o ponto focal de diversos estudos. Este combustível apresenta diversas vantagens, tais como um alto conteúdo energético (122 kJ g⁻¹), a formação de água como o subproduto da sua queima, bem como a possibilidade de armazenamento deste para utilização posterior (Tommasi et al., 2012). Dentre as diversas rotas disponíveis para a produção do hidrogênio como fonte energética, a produção a partir a atividade microbiana sobre biomassa fermentescível e/ou resíduos mostra-se como a alternativa mais vantajosa, especialmente sob o ponto de vista de sustentabilidade ambiental, uma vez que não são gerados gases do efeito estufa (Mohan, 2015), bem como podem ser empregados resíduos agroindustriais ou efluentes como substrato para esta produção.

Uma vez que o biohidrogênio é obtido a partir da atividade biológica de um dos diversos micro-organismos com a capacidade de produzir este biocombustível, conforme mostrado no trabalho de Xiao et al. (2013), a sua obtenção apresenta a dificuldade característica dos processos biotecnológicos, que reside no fato de que o perfil de crescimento microbiano é usualmente não-linear,

experimentando uma cinética inibitória por parte do substrato e/ou do produto de interesse (Banga et al., 2005).

Em razão das características intrínsecas aos processos biotecnológicos descritas anteriormente, a otimização dinâmica destes representa um aspecto muito importante, haja vista que o controle adequado dos parâmetros ambientais no interior do biorreator implica diretamente na obtenção de um rendimento satisfatório para o processo. Neste sentido, os métodos analíticos ou estritamente determinísticos muitas vezes são incapazes de resolver o problema de otimização dinâmica (POD) oriundo do intento de maximizar o rendimento ou a produtividade de bioprocessos, ou apresentam-se como computacionalmente proibitivos. Assim, os métodos meta-heurísticos e os evolutivos apresentam-se como alternativas fiáveis para esse intento (Rocha et al., 2014; Ochoa et al., 2016). De maneira semelhante, as técnicas de inteligência artificial, a exemplo da utilização de Redes Neurais Artificiais (RNA), apresentam-se como ferramentas importantes para a modelagem e controle dos processos biotecnológicos.

No presente trabalho será desenvolvido um estudo acerca da modelagem de um processo de geração de biohidrogênio em um reator do tipo célula microbiana de eletrólise, a partir de dados experimentais utilizando RNA, aliado a um algoritmo meta-heurístico do tipo algoritmo genético (GA) para a otimização dos pesos sinápticos.

MATERIAIS E MÉTODOS

Os dados experimentais para a obtenção do modelo RNA foram obtidos a partir do trabalho de Dhar et al.(2015). Foram levantados dados de produção cumulativa de biohidrogênio (mL) e densidade de corrente (A/m^2) obtida para a célula de eletrólise microbiana (CEM), como função do tempo de cultivo (em dias) e a concentração de substrato (em mg/L).

A RNA foi obtida utilizando um código *in-house* desenvolvido na linguagem computacional Python. Diversos testes foram realizados, com o intuito de obter a melhor topografia para a rede e os valores otimizados das conexões entre os neurônios, a partir da minimização da soma do quadrado dos desvios (SQD) entre os resultados obtidos experimentalmente e aqueles produzidos a partir do modelo, bem como a topografia da rede. Este valor é calculado a partir da Equação 1, a seguir.

$$SQD = \sum_{i=1}^N (y_i - \hat{y}_i)^2 + \sum_{j=1}^N (x_j - \hat{x}_j)^2 \quad (1)$$

Na Equação 1, os termos y, x, \hat{y}, \hat{x} representam os resultados experimentais obtidos para a produção cumulativa de biohidrogênio e a densidade de corrente, bem como os seus valores calculados a partir da utilização da RNA, respectivamente, e N representa o número de pontos experimentais. Quanto às funções de transferência utilizadas nas camadas ocultas e de saída na RNA, foram utilizadas respectivamente a função sigmoidal e a função linear. A otimização dos pesos sinápticos foi também realizada por meio de um código *in-house* desenvolvido na linguagem computacional Python. Os experimentos computacionais foram realizados em um computador com o processador de 5 núcleos, de clock 2,8 Ghz, com 8 Gb de RAM em computação serial.

As configurações utilizadas no algoritmo genético para a determinação dos pesos sinápticos da RNA são mostrados na Tabela 1.

Tabela 1 – Configurações utilizadas no GA.

Parâmetro	Valor
Probabilidade de crossover	60%
Probabilidade de mutação	1,5%
Operador de crossover	Aritmético
Operador de mutação	Gaussiano
Critério de parada	100 000 avaliações da função objetivo

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A topografia RNA foi determinada a partir de testes empíricos (Massimo, 1991; Maren *et al.*, 2014). Para tanto, foi avaliado o SQD obtido pelo GA para a otimização dos pesos sinápticos, para diversas configurações de números de neurônios nas camadas ocultas, conforme mostra a Tabela 2. Uma representação esquemática da RNA pode ser visualizada na Figura 1.

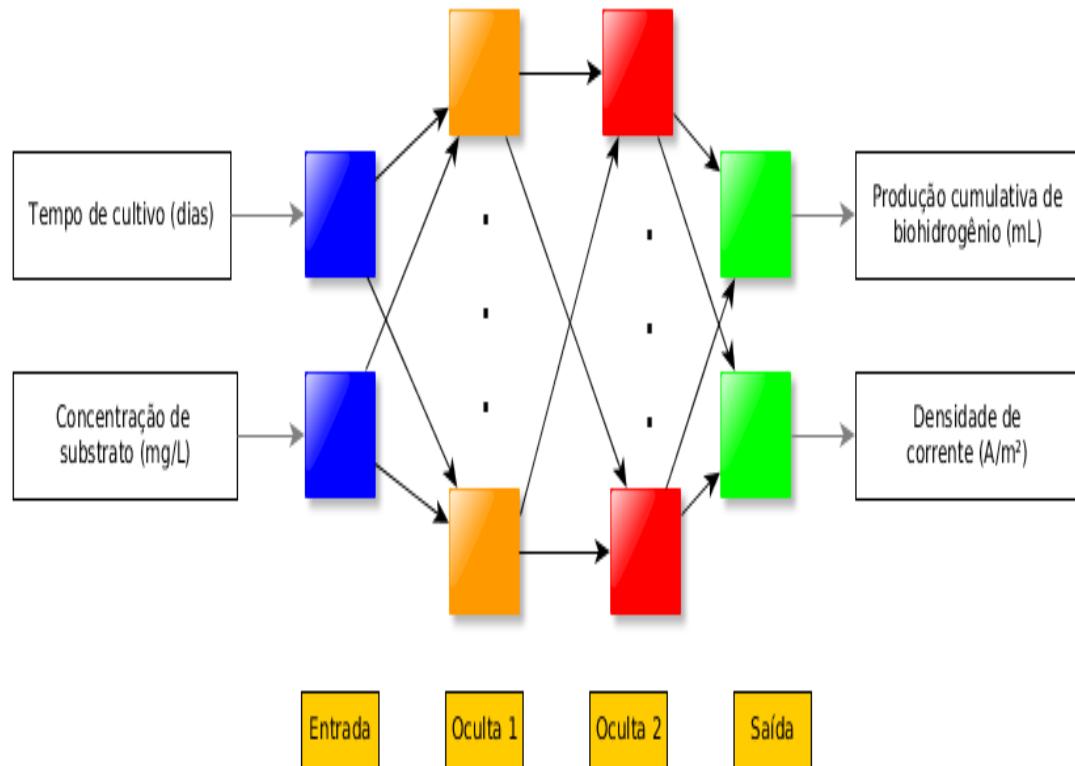


Figura 1 - Representação esquemática da rede neural criada

Com o intuito de minimizar a estocasticidade na referida avaliação do efeito das configurações dos números de neurônios nas camadas ocultas no SQD final, cada ensaio foi realizado 3 vezes, sendo o resultado expresso na Tabela 2 o valor médio entre estes. É importante salientar que foram realizados testes com uma estrutura da RNA contando com duas camadas ocultas, entretanto os resultados foram inferiores àqueles obtidos para as redes com apenas uma camada, justificando a escolha desta configuração.

Tabela 2 – Avaliação do efeito do número de neurônios na camada oculta frente ao SQD final obtido na otimização dos pesos sinápticos.

Neurônios na camada oculta	SQD
2	3,069
4	1,168
10	0,036
15	1,113
20	2,608

Conforme mostra a Tabela 2, a RNA com 10 neurônios na camada oculta exibiu um menor valor médio de SQD no estudo realizado. Com o objetivo de obter uma rede que descreva o comportamento da CEM observado experimentalmente de maneira fidedigna, foi realizada uma nova otimização dos pesos sinápticos utilizando a topografia determinada, por meio do algoritmo GA, partindo dos resultados obtidos no ensaio apresentado na tabela supracitada. Foi obtido um valor final para o SQD de 0,0558. Em seguida, foi realizada uma comparação das respostas obtida pela RNA modelo frente aos dados obtidos experimentalmente, conforme mostra a Figura 2.

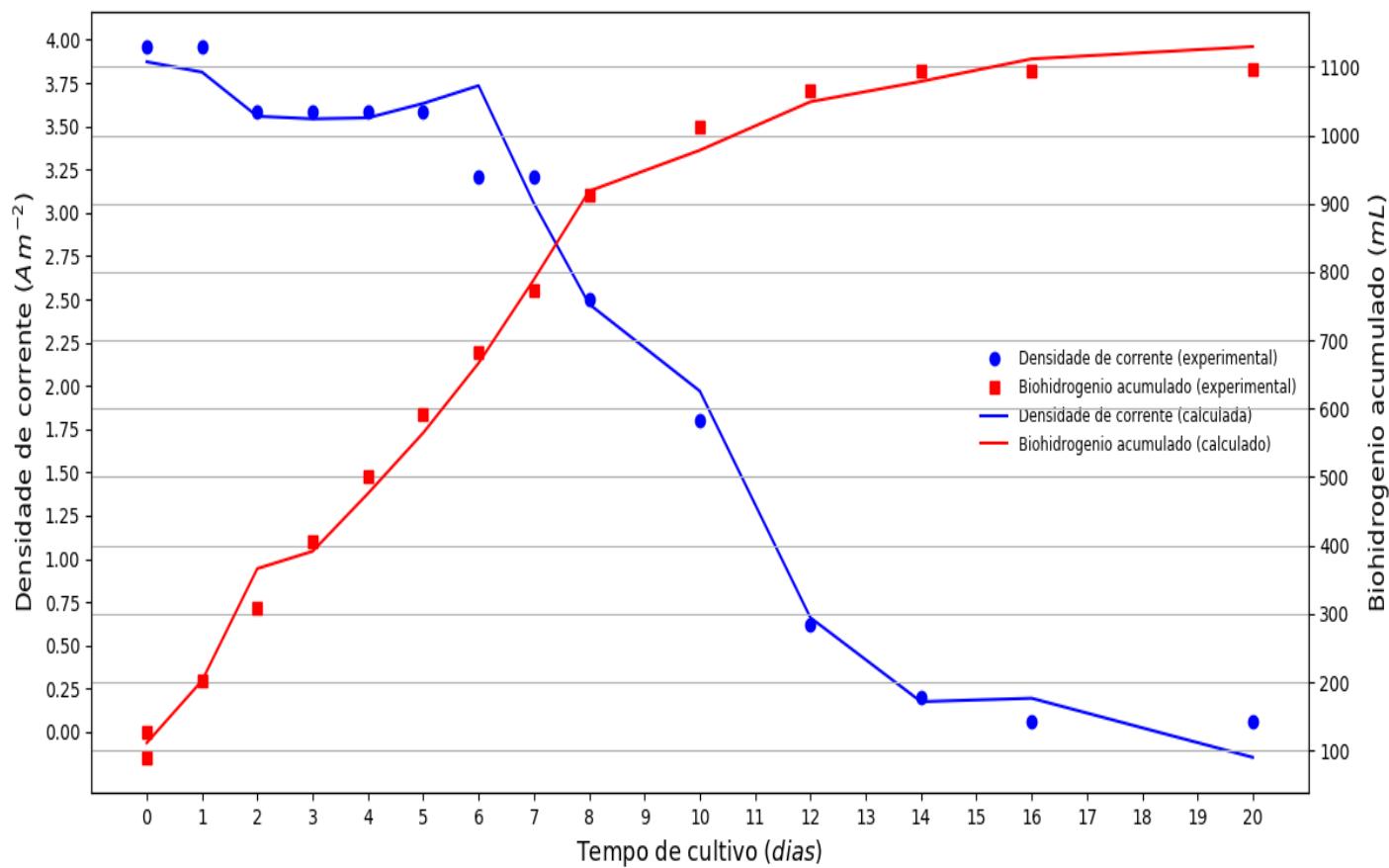


Figura 2 – Comparaç $\mathbf{\acute{o}}$ entre os resultados experimentais e aqueles obtidos a partir da RNA, para a densidade de corrente (círculos e linha azul, respectivamente) e volume de biohidrogênio acumulado (quadrado e linha vermelha, respectivamente).

Apesar de os resultados graficamente indicarem a coerência entre os resultados obtidos experimentalmente e aqueles obtidos a partir da RNA, um teste-t para duas populações independentes foi realizado a fim de embasar estatisticamente a análise apresentada neste trabalho. Para tanto, adotou-se um nível de significância de 95%, sendo utilizado o software R (R Core Team, 2015).

Inicialmente, um teste-F foi realizado (utilizando o mesmo nível de confiança) de modo a avaliar a hipótese de variâncias semelhantes para os resultados experimentais e calculados, referentes a densidade de corrente e quantidade de biohidrogênio acumulados na CEM. Na Tabela 3, os resultados são apresentados.

Tabela 3– Avaliação do teste-F para a comparação das variâncias referentes aos resultados experimentais e calculados, para a densidade de corrente obtida e quantidade de biohidrogênio acumulado na CEM.

	Densidade de corrente	Quantidade de biohidrogênio acumulado
teste-F	0,99105	1,0233
p-valor	0,9873	0,9675

Conforme os resultados apresentados na Tabela 3, é possível notar que os p-valores obtidos para os testes foram superiores a 5%, o que indica que para um nível de significância de 95%, é possível assumir que a variância das distribuições referentes aos dados experimentais e calculados para a densidade de corrente e quantidade de biohidrogênio acumulado na CEM é equivalente. De posse desta informação, o teste-t foi realizado para comparação dos resultados experimentais e calculados, cujos resultados são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4 – Avaliação do teste-t para a comparação dos resultados experimentais e calculados, para a densidade de corrente obtida e quantidade de biohidrogênio acumulado na CEM.

	Densidade de corrente	Quantidade de biohidrogênio acumulado
teste-t	-0,022441	-0,0016487
p-valor	0,9823	0,9987

A partir dos resultados apresentados na Tabela 4, é possível notar que os p-valores obtidos foram superiores a 5%, o que indica que os resultados correspondentes aos dados obtidos experimentalmente e por meio da RNA são equivalentes, a um nível de significância de 95%.

CONCLUSÃO

Conforme foi mostrado anteriormente, foi possível modelar apropriadamente o comportamento de uma célula de eletrólise microbiana para a produção de biohidrogênio por meio da utilização combinada de uma técnica de inteligência artificial, RNA, e uma técnica de meta-heurística, GA. O diminuto valor da soma do quadrado dos desvios (SQD), o qual representa a soma dos desvios dos dados experimentais e aqueles obtidos com o modelo, para ambos os parâmetros de saída, aliado aos resultados obtidos para o teste-t mostram que a RNA conseguiu descrever acuradamente o comportamento observado experimentalmente.

A comparação entre os resultados experimentais e aqueles obtidos com a RNA mostram que esta é capaz de descrever satisfatoriamente o comportamento do processo em estudo, conforme representado graficamente na Figura 2. Neste sentido, fica claro a importância da utilização de técnicas de inteligência artificial em conjunto com os processos biotecnológicos, como forma de obter modelos matemáticos que permitam desenvolver estudos de controle e otimização, bem como a análise paralela de variados cenários de operação.

REFERÊNCIAS

EIA, International Energy Outlook 2016 (DOE/EIA-0484). US Energy Information Administration. Disponível em: <[https://www.eia.gov/outlooks/ieo/pdf/0484\(2016\).pdf](https://www.eia.gov/outlooks/ieo/pdf/0484(2016).pdf)>. Acesso: Março de 2017.

Tommasi, Tonia, Bernardo Ruggeri, and Sara Sanfilippo. "Energy valorisation of residues of dark anaerobic production of hydrogen." *J Clean Prod*, 34 (2012): 91-97.

Mohan, S. Rama. "Structure and growth of research on biohydrogen generation using wastewater." *Int J Hydrogen Energy*, 40(46), 2015: 16056-16069.

Xiao, Liping, et al. "Biohydrogen generation from anaerobic digestion of food waste." *Int J Hydrogen Energy* 38 (32), 2013: 13907-13913.Banga, Julio R., et al. "Dynamic optimization of bioprocesses: Efficient and robust numerical strategies." *J Biotech* 117(4), 2005: 407-419. Ochoa, Silvia. "A new approach for finding smooth optimal feeding profiles in fed-batch fermentations." *Biochem Eng J* 105, 2016: 177-188.

Rocha, Miguel, et al. "Optimization of fed-batch fermentation processes with bio-inspired algorithms." *Expert Syst Appl* 41(5), 2014: 2186-2195.

Dhar, B. R., Elbeshbisy, E., Hafez, H., & Lee, H. S. Hydrogen production from sugar beet juice using an integrated biohydrogen process of dark fermentation and microbial electrolysis cell. *Bioresource technol*, 198, 2015: 223-230.

Maren, Alianna J., Craig T. Harston, and Robert M. Pap. *Handbook of neural computing applications*. Academic Press, 2014.

Massimo, C., Willis, M. J., Montague, G. A., Tham, M. T., & Morris, A. J. Bioprocess model building using artificial neural networks. *Bioprocess and Biosystems Engineering*, 7(1), 1991: 77-82.

R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing. Viena, Áustria. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>, 2015