ANÁLISE DA INFLUÊNCIA DE TOPOLOGIAS DE REDES COMPLEXAS NO TREINAMENTO NEUROEVOLUTIVO UTILIZANDO O LEARNING PRISM

Claudinei Carlos dos Santos Costa[1]; Roberto Luis de Souza Monteiro[2]; Hernane Borges de Barros Perereira[3]

[1] Doutor em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial, Universidade SENAI CIMATEC, Salvador, Brasil; claudinei.costa@gmail.com, ORCID: 0009-0002-9839-6957;

[2] Doutor em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial, Universidade SENAI CIMATEC, Salvador, Brasil; Universidade do Estado da Bahia (UNEB), Alagoinhas, Brasil, robertolsmonteiro@gmail.com, ORCID: 0000-0002-3931-5953;

[3] Doutor em Engenharia Multimídia, Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional, Universidade SENAI CIMATEC, Salvador, Brasil; Universidade do Estado da Bahia (UNEB), Salvador, Brasil, hbbpereira@gmail.com, ORCID: 0000-0001-7476-9267.

RESUMO

A influência da topologia de conectividade no desempenho de Redes Neurais Artificiais (RNAs) ainda é um tema pouco explorado no contexto da computação neuroevolutiva. Este trabalho investiga experimentalmente o impacto de diferentes topologias da Ciência das Redes no treinamento de RNAs utilizando o modelo neuroevolutivo *Learning Prism*. Foram avaliadas cinco topologias de conectividade: Completa (**CP**),Híbrida (**HB**), Rede Aleatória (**RD**), Livre de Escala (**SF**) e Mundo Pequeno (**SW**). Para cada topologia foram geradas 100 arquiteturas neurais independentes, totalizando 500 experimentos conduzidos sob as mesmas condições de treinamento, de modo que a topologia constituísse a única variável experimental. O desempenho foi avaliado por meio das métricas RMSE, coeficiente de determinação (R^2), tempo computacional e do índice composto *Learning Prism Quality Index* (LPQI). Os resultados demonstraram que a topologia influencia significativamente o processo de aprendizagem. No cenário de radiação solar, as topologias **SF** e **CP** apresentaram os melhores resultados segundo RMSE e R^2, enquanto a **SW** destacou-se pela maior eficiência computacional. Para a previsão de temperatura, a topologia **SW** obteve simultaneamente os melhores valores de RMSE e R^2. Adicionalmente, o LPQI mostrou-se uma métrica complementar adequada para análises multicritério ao integrar desempenho preditivo e custo computacional. Os resultados obtidos evidenciam que propriedades estruturais associadas à Ciência das Redes influenciam o comportamento de modelos neuroevolutivos e podem contribuir para o desenvolvimento de arquiteturas neurais mais eficientes.

PALAVRAS-CHAVE: Redes Neurais Artificiais;Algoritmos Genéticos; Neuroevolução; Ciência de Redes

1 INTRODUÇÃO

A Inteligência Artificial (IA) tem obtido avanços significativos na resolução de problemas de classificação, regressão, reconhecimento de padrões e tomada de decisão, tendo as Redes Neurais Artificiais (RNAs) como uma das principais técnicas utilizadas [1; 2].

Tradicionalmente, as pesquisas envolvendo RNAs concentram-se no desenvolvimento de algoritmos de treinamento mais eficientes, na otimização de hiperparâmetros e na definição de arquiteturas capazes de melhorar a capacidade de generalização dos modelos.

Diferentes estratégias de treinamento têm sido propostas, com destaque para o algoritmo Backpropagation (BP), métodos baseados em otimização estocástica e abordagens neuroevolutivas fundamentadas em Algoritmos Genéticos (AGs).

Trabalhos clássicos, como os de Montana and Davis [3], Gupta and Sexton [4] e Sexton et al. [5], demonstraram que os AGs constituem alternativas competitivas ao BP, principalmente em problemas caracterizados por superfícies de erro complexas e pela incidência de mínimos locais. Conforme observado na literatura, os estudos concentram-se na investigação e proposição de modelos voltados à otimização dos pesos sinápticos ou à busca automática de arquiteturas neurais. Entretanto, existem poucos trabalhos que investigam o impacto da estrutura topológica da conectividade sobre o processo de aprendizagem. Embora seja sabido que diferentes arquiteturas apresentam organizações distintas de conexões, compreender como as propriedades estruturais das RNAs influenciam sua capacidade de aprendizagem, convergência e generalização torna-se uma questão relevante.

A Ciência das Redes (CdR) tem demonstrado que diferentes padrões de conectividade, como redes aleatórias (**RD**), mundo pequeno (**SW**) e livre de escala (**SF**), apresentam propriedades estruturais distintas relacionadas à eficiência da propagação de informação, robustez e organização modular, essas características

têm motivado sua aplicação em diversas áreas, incluindo redes biológicas, sociais, tecnológicas e outros sistemas complexos [6; 7; 9].

Apesar desses avanços, sua utilização como elemento de investigação em arquiteturas de RNAs ainda é pouco explorada. Nesse contexto, este trabalho propõe investigar sistematicamente a influência de diferentes topologias de conectividade inspiradas na CdR sobre o desempenho de RNAs. Para a condução deste estudo, utilizou-se o *Learning Prism* como modelo experimental de referencia para o treinamento de RNAs submetidas a diferentes padrões de conectividade preservando sua estrutura durante todo o processo evolutivo [14].

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Redes Complexas

A Ciência das Redes (CdR) é uma área interdisciplinar que estuda sistemas representados por grafos cujos padrões de conectividade apresentam propriedades estruturais não triviais, capazes de influenciar processos de propagação de informação, robustez, organização e dinâmica dos sistemas modelados [6; 7]. A partir da modelagem e da análise de redes observadas em sistemas naturais, sociais, biológicos e tecnológicos, a CdR investiga como diferentes organizações topológicas influenciam o comportamento global desses sistemas.

Formalmente, uma rede complexa é representada por um grafo $G = (V, E)$, em que $V = \{v_1, v_2, \ldots, v_n\}$ representa o conjunto de vértices (ou nós) e $E = \{e_1, e_2, \ldots, e_m\}$ representa o conjunto de arestas responsáveis pelas conexões entre pares de vértices.

Diversos modelos de redes complexas foram propostos para representar diferentes padrões de conectividade.

O modelo de Rede Aleatória (RD), proposto por Erdős e Rényi [8], estabelece que cada par de vértices é conectado independentemente com probabilidade constante p, $P(e_{ij}) = p$, produzindo redes homogêneas, com baixo coeficiente de agrupamento e ausência de vértices altamente conectados. Esse modelo é utilizado como referência para comparação com outras topologias.

O modelo de **SW**, proposto por Watts e Strogatz [9], combina elevado agrupamento local com pequenas distâncias médias entre os vértices. Sua construção parte de uma rede regular na qual parte das conexões é reconectada aleatoriamente com probabilidade p, preservando a organização local e introduzindo atalhos responsáveis pela redução do comprimento médio dos caminhos. Essas redes caracterizam-se por elevado coeficiente de agrupamento, alta eficiência na propagação de informações e reduzido caminho médio, sendo frequentemente utilizadas para modelar redes neurais biológicas, redes sociais, sistemas de transporte e redes de comunicação.

As Redes **SF**, propostas por Barabási e Albert [10], diferenciam-se por apresentarem distribuição de graus em lei de potência, $P(k) \sim k^{-\gamma}$, em que $P(k)$ representa a probabilidade de um vértice possuir grau k e γ é o expoente característico da distribuição. Essas redes são caracterizadas pelo mecanismo de ligação preferencial, no qual novos vértices tendem a se conectar aos vértices que apresentam maior número de conexões, $P(i) = \frac{k_i}{\sum_j k_j}$, favorecendo o surgimento de *hubs*. Essa característica torna as redes eficientes para a disseminação de informações, sendo esse tipo de modelo frequentemente observado em redes de colaboração científica.

Neste estudo, também foram consideradas as Redes Híbridas (**HB**), obtidas pela combinação de mecanismos de geração provenientes de diferentes modelos de redes. Essa abordagem reúne características estruturais como elevado agrupamento local, caminhos curtos e presença de *hubs*, permitindo representar sistemas que são difíceis de modelar por meio de um único modelo topológico, a exemplo do que pode ser observado em RNAs.

Também foi considerada a Rede Completa (**CP**), representada pelo grafo completo K_n, em que todos os vértices encontram-se diretamente conectados. O número de arestas dessa topologia é dado por $|E| = \frac{n(n-1)}{2}$, em conectividade total entre os vértices e coeficiente de agrupamento máximo e caminho minimo unitário com valor 1.

Neste trabalho, foram utilizadas as topologias **CP**, **HB**, **RD**, **SF** e **SW** como padrões de conectividade das RNAs implementadas no modelo *Learning Prism*. Mantendo-se inalterados a arquitetura funcional da rede, o algoritmo neuroevolutivo, os hiperparâmetros e o conjunto de dados, a topologia constituiu a única variável experimental. Essa estratégia permite comparar a influência de diferentes organizações estruturais sobre o desempenho do processo de treinamento, avaliado por meio das métricas RMSE, coeficiente de determinação R^2 e tempo computacional de treinamento e teste.

2.2 Redes Neurais Artificiais

As RNAs constituem modelos computacionais inspirados no funcionamento do sistema nervoso biológico, sendo amplamente utilizadas em tarefas de classificação, regressão, previsão e reconhecimento de padrões. De forma geral, uma RNA é composta por unidades computacionais denominadas neurônios artificiais, interligadas por conexões ponderadas responsáveis pela propagação da informação ao longo da rede [1; 2].

Tradicionalmente, as RNAs são descritas como arquiteturas organizadas em camadas, tais como camada de entrada, uma ou mais camadas ocultas e camada de saída [2]. Uma RNA pode ser interpretada como um grafo direcionado e ponderado, no qual os neurônios correspondem aos vértices e as conexões sinápticas às arestas. Assim, uma rede neural pode ser representada formalmente por $G = (V, E, W)$, em que (V) representa o conjunto de neurônios, (E) o conjunto de conexões entre neurônios e (W) o conjunto de pesos associados às conexões. Uma RNA do tipo Multilayer Perceptron (MLP), a conectividade segue um fluxo hierárquico conforme as camadas existentes o que não impede a estruturação de conectividade como as propostas pelas redes **CP**, **HB**, **RD**, **SF** e **SW**. Matematicamente, a saída de um neurônio (j) em uma camada (l) pode ser definida por $a_j^{(l)} = \phi\left(\sum_{i=1}^{n} w_{ij}^{(l)}\, a_i^{(l-1)} + b_j^{(l)}\right)$, em que $a_i^{(l-1)}$ representa a saída do neurônio da camada anterior, $w_{ij}^{(l)}$ corresponde ao peso sináptico da conexão entre os neurônios i e j, $b_j^{(l)}$ representa o viés do neurônio j e $\phi(\cdot)$ denota a função de ativação.

O processo de aprendizagem consiste em ajustar os parâmetros da rede, especialmente os pesos sinápticos, de modo a reduzir uma função de erro associada ao problema. Métodos baseados em gradiente, como o algoritmo de retropropagação do erro, têm sido amplamente empregados para esse fim. No entanto, tais métodos apresentam limitações relacionadas à dependência de funções diferenciáveis, à sensibilidade à inicialização dos pesos e à possibilidade de convergência para mínimos locais.

Levando em consideração que diferentes organizações topológicas podem influenciar o comportamento das RNAs durante o treinamento neuroevolutivo, torna-se necessário representá-las como grafos, permitindo modelar e comparar diferentes topologias da CdR e investigar sua influência no processo de aprendizagem.

2.3 Neuroevolução

A neuroevolução consiste na aplicação de algoritmos evolutivos ao treinamento e à configuração de RNAs. Essa abordagem pode envolver tanto a otimização dos pesos sinápticos quanto a definição arquitetural [11].

Propostos por Holland, os AGs são uma das principais técnicas da Computação Evolutiva. Inspirados nos princípios da seleção natural, esses algoritmos operam sobre uma população de indivíduos, em que cada indivíduo representa uma solução candidata para um determinado problema de otimização [12; 13]. O processo evolutivo ocorre por meio de operadores como seleção, cruzamento e mutação.

De forma geral, uma população em uma geração (t) pode ser representada por: $P(t) = x_1, x_2, \ldots, x_N$, em que cada x_i representa um indivíduo da população. A evolução da população pode ser expressa como $P(t+1) = \mathcal{G}(P(t))$, em que $\mathcal{G}$ representa o conjunto de operadores evolutivos aplicados à população.

Os Algoritmos Genéticos Paralelos (PGAs) são uma extensão dos AGs tradicionais, desenvolvida para reduzir o tempo computacional e ampliar a capacidade de exploração do espaço de busca por meio da execução simultânea das operações evolutivas em múltiplos processadores ou dispositivos computacionais. Entre os principais modelos destacam-se o mestre–escravo, o grão–grosso, com e sem migração, e o modelo híbrido, que combina características das duas abordagens.

No modelo mestre–escravo, uma população única é mantida pelo processo mestre, enquanto a avaliação da função de aptidão é distribuída entre os escravos. Sua evolução pode ser representada por $P(t+1) = \mathcal{G}\left(\mathcal{F}_{MS}(P(t))\right)$, em que $\mathcal{F}_{MS}$ representa a avaliação paralela da população.

No modelo de grão–grosso sem migração, a população é particionada em (m) subpopulações independentes, $P(t) = \bigcup_{i=1}^{m} P_i(t)$, sendo cada ilha evoluída de forma isolada segundo $P_i(t+1) = \mathcal{G}\left(P_i(t)\right), \qquad i = 1, \ldots, m$..

Na variante com migração, além da evolução independente, ocorre periodicamente a troca de indivíduos entre subpopulações, $P_i(t+1) = \mathcal{G}\left(P_i(t)\right) \cup \mathcal{M}\left(P_j(t)\right)$, em que $\mathcal{M}$ representa o operador de migração entre ilhas.

Por sua vez, o modelo híbrido combina o paralelismo intra-ilha do modelo mestre–escravo com a evolução distribuída do modelo grão–grosso, sendo descrito por $P_i(t+1) = \mathcal{G}\left(\mathcal{F}_{MS}(P_i(t))\right) \cup \mathcal{M}\left(P_j(t)\right)$, permitindo explorar simultaneamente o paralelismo de avaliação dos indivíduos e a diversidade promovida pela evolução em múltiplas ilhas. Essa abordagem combina elevada escalabilidade computacional com maior

capacidade de exploração do espaço de busca, sendo particularmente adequada para problemas neuroevolutivos de alta complexidade.

No contexto das RNAs, cada indivíduo pode representar um conjunto de pesos, uma arquitetura neural ou uma rede completa. A qualidade de cada indivíduo é avaliada por uma função de aptidão, frequentemente relacionada ao erro de predição da rede. Assim, o objetivo do processo evolutivo é encontrar redes capazes de apresentar melhor desempenho no problema analisado.

A principal vantagem dos métodos neuroevolutivos é sua capacidade de realizar busca global em espaços complexos e não convexos, sem depender diretamente de gradientes. Essa característica faz com que os AGs seja adequado para investigar topologias de RNAs, pois diferentes estruturas de conectividade podem ser avaliadas de forma sistemática sob o mesmo processo de aprendizagem.

Ao permitir a comparação entre redes com diferentes padrões de conectividade, a neuroevolução fornece ferramental para investigar se determinadas topologias favorecem menor erro, maior consistência entre valores reais e previstos e melhor capacidade de generalização.

2.4 Learning Prism

O *Learning Prism* é um modelo neuroevolutivo desenvolvido para integrar RNA e PGA com diferentes estratégias de paralelismo computacional, constituindo uma plataforma unificada para treinamento e avaliação de modelos neurais [14]. Diferentemente dos métodos convencionais baseados na retropropagação do erro, o modelo realiza a otimização evolucionária dos pesos sinápticos, em que cada indivíduo da população representa uma configuração completa da RNA e sua aptidão é determinada por uma função de *fitness*.

A representação das arquiteturas neurais é realizada por meio da *Learning Prism Data Structure* (LPDS), uma estrutura de dados derivada da matriz de adjacência estendida proposta por [15], que para o uso em modelo neuroevolutivo foi adaptada para o formato tridimensional armazenando simultaneamente os indivíduos da população, seus pesos sinápticos e métricas de desempenho.

Formalmente, a estrutura é representada por $\mathbf{LPDS} \in \mathbb{R}^{N \times R \times C}$, em que N representa o número de indivíduos da população genética, enquanto R e C definem as dimensões da representação matricial da RNA, correspondendo, respectivamente, às linhas e colunas da matriz. Cada plano do prisma corresponde a um indivíduo completo e pode armazenar pesos sinápticos, termos de *bias*, ativações, somas ponderadas e métricas de desempenho. Entre essas métricas, destacam-se o erro quadrático médio (MSE), a raiz do erro quadrático médio (RMSE), o erro absoluto médio (MAE), o erro percentual absoluto médio (MAPE), bem como outras medidas utilizadas na avaliação da qualidade preditiva e da capacidade de generalização da RNA.

Formalmente, cada posição da estrutura pode ser definida como:

$$\mathbf{LPDS}_{n,r,c} = \begin{cases} w_{r,c}^{(n)}, & \text{se a posição representa um peso sináptico,} \\ b_{r,c}^{(n)}, & \text{se a posição representa um termo de } \textit{bias}, \\ a_{r,c}^{(n)}, & \text{se a posição representa uma ativação,} \\ s_{r,c}^{(n)}, & \text{se a posição representa uma soma ponderada,} \\ f_{r,c}^{(n)}, & \text{se a posição representa uma medida de } \textit{fitness}. \end{cases} \tag{1}$$

Essa representação preserva a organização topológica das RNAs e permite a execução uniforme dos algoritmos em ambientes sequenciais ou paralelos.

O *Learning Prism* incorpora o LPQI, um índice experimental que integra qualidade preditiva, precisão estatística e eficiência computacional. O índice permite comparar diferentes topologias neurais, estratégias evolucionárias e configurações computacionais a partir de uma medida escalar agregada. A sua formulação é dada por : $LPQI = w_1 F_n + w_2 E_n + w_3 T_n$ com $w_1 + w_2 + w_3 = 1$ e $LPQI \in [0, 1]$ onde: F_n representa o componente de fitness normalizado; E_n representa o componente estatístico; T_n representa o componente temporal normalizado; w_1, w_2 e w_3 representam os pesos associados a cada componente.

Desta forma os valores próximos de 1 indicam elevado desempenho global enquanto os valores próximos de 0 indicam baixo desempenho global.

Neste trabalho, o *Learning Prism* foi empregado como plataforma experimental para treinamento e a avaliação das arquiteturas neurais associadas às diferentes topologias investigadas.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

Este trabalho adota uma abordagem quantitativa de natureza experimental com o objetivo de investigar a influência de diferentes topologias da Ciência das Redes (CdR) no treinamento neuroevolutivo de Redes Neurais Artificiais (RNAs). O estudo foi conduzido de forma comparativa, considerando a topologia de

conectividade da RNA como variável independente e as métricas de desempenho obtidas durante o processo de aprendizagem como variáveis dependentes.

Os experimentos foram realizados utilizando o modelo *Learning Prism* para treinamento e avaliação das arquiteturas neurais. Foram investigadas cinco topologias de redes complexas: **CP**, **HB**, **RD**, **SF** e **SW**.

Para cada topologia foram geradas 100 arquiteturas neurais distintas, totalizando 500 experimentos. Todas as redes foram submetidas ao mesmo protocolo experimental, mantendo inalterados o conjunto de dados, os hiperparâmetros e a configuração do modelo neuroevolutivo. Dessa forma, a topologia de conectividade constituiu a única variável experimental, permitindo avaliar isoladamente sua influência sobre o processo de treinamento e generalização das RNAs.

3.1 Base de Dados

Os experimentos utilizaram dados meteorológicos de temperatura e radiação solar provenientes de uma estação meteorológica localizada na cidade de Salvador, Bahia, Brasil. Os dados foram coletados entre janeiro e fevereiro de 2016 e correspondem à mesma base empregada por Monteiro et al. [16], que demonstrou a aplicabilidade de RNAs na modelagem de variáveis climáticas.

3.2 Experimentos

O treinamento das RNAs foi realizado por meio do modelo neuroevolutivo *Learning Prism* na configuração mestre–escravo, responsável pela evolução dos parâmetros da rede durante o processo de aprendizagem.

Para cada uma das cinco topologias investigadas foram geradas 100 arquiteturas independentes, todas submetidas às mesmas condições experimentais. A configuração do modelo neuroevolutivo foi definida com população de 180 indivíduos, 200 gerações, função de ativação sigmoide, seleção por roleta, operador de recombinação *blend crossover* e mutação uniforme.

As probabilidades de cruzamento e mutação foram definidas em 60% e 5%, respectivamente, conforme proposto por Moret et al. [17]. Adicionalmente, a taxa de elitismo foi estabelecida em 7% da população.

As topologias de conectividade permaneceram inalteradas durante todo o processo evolutivo. Após o treinamento, cada arquitetura foi avaliada utilizando um conjunto de teste independente, permitindo analisar sua capacidade de generalização em amostras não observadas durante a etapa de aprendizagem.

3.3 Avaliação

O desempenho das arquiteturas neurais foi avaliado por meio do erro quadrático médio da raiz (*Root Mean Square Error* – RMSE), utilizado para mensurar a qualidade do ajuste, e do coeficiente de determinação (R^2), empregado para avaliar a capacidade preditiva dos modelos.

A eficiência computacional foi analisada a partir dos tempos de treinamento (ETP) e de inferência (ETL). Complementarmente, foi utilizado o índice LPQI, uma métrica composta proposta neste trabalho para integrar, em uma única medida normalizada, informações relacionadas à precisão preditiva e ao custo computacional, permitindo uma análise multicritério do desempenho das diferentes topologias investigadas.

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os resultados da previsão de radiação solar indicam que a topologia da rede influencia significativamente a qualidade do aprendizado das RNAs. A topologia **SF** apresentou o menor RMSE (0,1481), indicando o melhor ajuste aos dados observados, enquanto a topologia **CP** obteve o maior coeficiente de determinação ($R^2 = 0,6162$), evidenciando maior capacidade explicativa do fenômeno modelado. Esses resultados sugerem que tanto a presença de *hubs*, característica das redes livres de escala, quanto a elevada conectividade das redes completas favorecem a propagação de informações durante o treinamento.

Tabela 1: Resultados das métricas de desempenho para diferentes topologias de rede no cenário de radiação solar

Topologia*	Fitness	R^2	ETL	LPQI
cp	0.150436	0.616229	375.953700	0.455122
hb	0.148671	0.585576	366.465100	0.723808
rd	0.150308	0.610360	354.804700	0.712624
sf	0.148084	0.605797	369.213400	0.750706
sw	0.192189	0.557875	345.775323	0.783532

Por outro lado, a topologia **SW** apresentou os maiores valores de RMSE e os menores valores de R^2, indicando desempenho inferior sob as métricas tradicionalmente adotadas para avaliação preditiva. Entretanto, essa mesma topologia apresentou o menor tempo computacional médio, refletindo os benefícios

estruturais proporcionados pela combinação entre elevado agrupamento local e caminhos curtos. Quando as métricas de ajuste, predição e eficiência computacional são analisadas conjuntamente por meio do LPQI, a topologia SW alcança a maior pontuação global. Esse resultado evidencia que o LPQI atua como uma métrica complementar de apoio à decisão multicritério, enquanto RMSE e R^2 permanecem como os principais indicadores da qualidade preditiva do modelo.

As topologias **HB** e **RD** apresentaram desempenho intermediário em RMSE e R^2, sugerindo que tanto a combinação de propriedades estruturais distintas quanto a conectividade homogênea das redes aleatórias produzem soluções equilibradas, porém sem superar os melhores resultados observados para **SF** e **CP**.

No experimento de previsão de temperatura, as diferenças entre as topologias foram menos pronunciadas, indicando que todas as configurações foram capazes de representar adequadamente a dinâmica do problema. Ainda assim, a topologia **SW** apresentou simultaneamente o menor RMSE (0,09818) e o maior coeficiente de determinação ($R^2 = 0,6333$), evidenciando o melhor desempenho preditivo entre as configurações avaliadas. Sob a perspectiva da Ciência das Redes, esse comportamento pode estar associado à combinação entre elevado agrupamento local e reduzido comprimento médio dos caminhos, características que favorecem a disseminação eficiente das informações ao longo da rede.

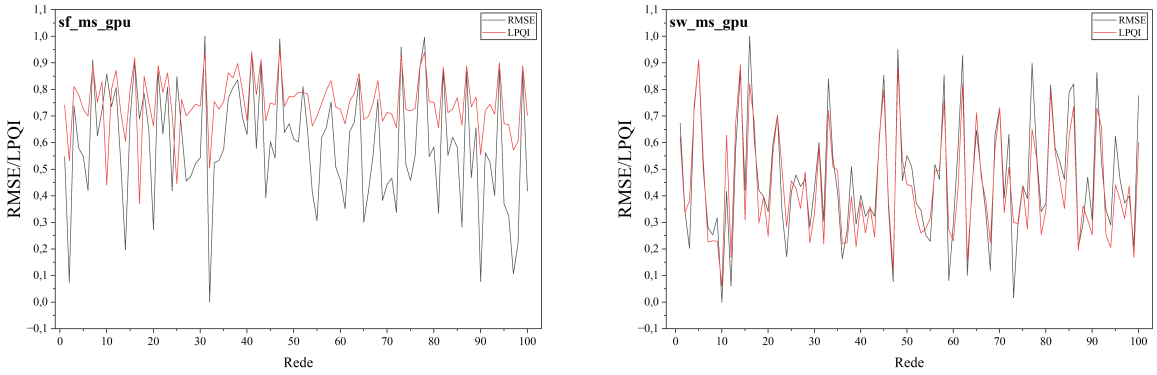
As topologias **SF** e **HB** apresentaram valores próximos aos obtidos pela topologia SW, indicando que a presença de *hubs* e a combinação de diferentes mecanismos de conectividade também contribuem positivamente para o processo de aprendizado, embora sem ganhos expressivos em relação à rede mundo pequeno. Por sua vez, a topologia **CP** não apresentou melhorias significativas em RMSE e R^2 apesar de sua conectividade total, sugerindo que o aumento da densidade de conexões não implica necessariamente melhor capacidade de generalização. Embora a topologia **RD** não tenha apresentado os melhores valores de RMSE

Tabela 2: Resultados das métricas de desempenho para diferentes topologias de rede no cenário de temperatura

Topologia*	**Fitness**	R^2	**ETP**	**LPQI**
cp	0.098594	0.628064	407.560000	0.445287
hb	0.098473	0.628488	413.330000	0.381215
rd	0.098508	0.630305	396.220000	0.535470
sf	0.098464	0.628592	414.530000	0.279019
sw	0.098182	0.633261	399.530000	0.438486

e R^2, ela obteve o menor tempo computacional médio e o maior LPQI. Esse resultado indica que sua estrutura homogênea proporcionou maior eficiência computacional, sendo favorecida pela métrica composta proposta. Dessa forma, o LPQI complementa a análise ao incorporar simultaneamente precisão e custo computacional, enquanto as métricas RMSE e R^2 indicam que a topologia **SW** foi a que apresentou a melhor qualidade preditiva para o problema de temperatura.

As Figuras 1(a) e 1(b) apresentam a comparação entre o RMSE normalizado e o LPQI para as topologias que obtiveram os melhores ajustes médios em cada cenário analisado.



(a) Radiação Solar RMSE vs. LPQI - SF

(b) Temperatura RMSE vs. LPQI - SW

Figura 1: Comportamento do RMSE normalizado e do LPQI ao longo das 100 redes para os eventos de radiação solar e temperatura. Fonte: O Autor.

Em ambos os casos, observa-se aderência entre as curvas, indicando que o LPQI preserva a ten-

dência do RMSE ao longo das 100 execuções realizadas. Para a radiação solar, essa correspondência é observada na topologia **SF**, que apresentou o menor RMSE médio, enquanto para a temperatura o mesmo comportamento é verificado na topologia **SW**. Esses resultados sugerem que o LPQI é consistente com as métricas tradicionais de avaliação preditiva, ao mesmo tempo em que incorpora informações adicionais relacionadas ao desempenho computacional, constituindo uma medida complementar para análise multicritério do desempenho das RNAs.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho investigou a influência de diferentes topologias da CdR no treinamento neuroevolutivo de RNAs por meio do modelo *Learning Prism*.

Para isso, foram analisadas cinco estruturas de conectividade distintas, **CP**, **HB**, **RD**, **SF** e **SW**, mantendo constantes a arquitetura funcional da rede, os hiperparâmetros, o algoritmo neuroevolutivo e as bases de dados utilizadas. Essa estratégia permitiu isolar o efeito da organização topológica sobre o processo de aprendizagem e generalização dos modelos.

Os resultados obtidos demonstraram que a topologia constitui um fator relevante no desempenho das RNAs, produzindo impactos distintos sobre a qualidade do ajuste, a capacidade preditiva e a eficiência computacional.

No previsão de radiação solar, as topologias **SF** e **CP** apresentaram os melhores resultados segundo as métricas tradicionais RMSE e R^2, sugerindo que mecanismos estruturais associados à presença de *hubs* e à elevada conectividade favorecem a propagação de informações durante o processo de aprendizado. Em contrapartida, a topologia **SW** destacou-se pela maior eficiência computacional, refletida em seu desempenho segundo o índice LPQI.

De forma geral, os resultados apoiam a hipótese de que propriedades estruturais das CdR influenciam no comportamento de modelos neuroevolutivos e podem afetar significativamente a dinâmica de aprendizado das RNAs. Além disso, os experimentos demonstraram que métricas tradicionais, como RMSE e R^2, permanecem fundamentais para a avaliação da qualidade preditiva dos modelos, enquanto o LPQI mostrou-se uma ferramenta complementar útil para análises multicritério que incorporam simultaneamente desempenho e custo computacional.

Como trabalhos futuros, pretende-se ampliar a investigação para outras bases de dados, diferentes domínios de aplicação e novas configurações topológicas, bem como avaliar o impacto de medidas estruturais da CdR, tais como centralidade, modularidade, coeficiente de agrupamento e comprimento médio dos caminhos, sobre a dinâmica evolutiva e a capacidade de generalização de modelos neurais complexos.

AGRADECIMENTOS

HBBP agradece à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processo nº 2020/09770-7, e às empresas parceiras Bull, HP e Macnica pelo apoio financeiro. Agradecem também à Universidade SENAI CIMATEC pela infraestrutura disponibilizada.

REFERÊNCIAS

[1] Stuart Russel and Peter Norvig. *Inteligência Artificial Tradução da Terceira Edição*. Elsevier Editora LTDA, Rio de Janeiro, 2013.

[2] Isaías Lima, Carlos A. M. Pinheiro, and Flávia A. Oliveira Santos. *Inteligência Artificial*. Elsevier Editora LTDA, Rio de Janeiro, 2014.

[3] David J. Montana and Lawrence Davis. Training feedforward neural networks using genetic algorithms. In *IJCAI*, volume 1, pages 762–767. Proc. 11th Int. Joint Conf. Artificial Intelligence., 1989.

[4] Jatinder N.D Gupta and Randall S Sexton. Comparing backpropagation with a genetic algorithm for neural network training. *Omega*, 27(6):679–684, 1999. ISSN 0305-0483. doi: https://doi.org/10.1016/S0305-0483(99)00027-4. URL https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0305048399000274.

[5] Randall S. Sexton, Robert E. Dorsey, and John D. Johnson. Toward global optimization of neural networks: A comparison of the genetic algorithm and backpropagation. *Decision Support Systems*, 22(2):171–185, 1998. ISSN 0167-9236. doi: https://doi.org/10.1016/S0167-9236(97)00040-7. URL https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167923697000407.

[6] Mark E. J. Newman. The structure and function of complex networks. *SIAM Review*, 45(2):167–256, 2003.

[7] Albert-László Barabási. *Network Science*. Cambridge University Press, 2016.

[8] Paul Erdős and Alfréd Rényi. On random graphs i. *Publicationes Mathematicae*, 6:290–297, 1959.

[9] Duncan J. Watts and Steven H. Strogatz. Collective dynamics of small-world networks. *Nature*, 393(6684): 440–442, 1998.

[10] Albert-László Barabási and Réka Albert. Emergence of scaling in random networks. *Science*, 286(5439): 509–512, 1999.

[11] Kenneth O. Stanley and Risto Miikkulainen. Evolving neural networks through augmenting topologies. *Evolutionary Computation*, 10(2):99–127, 2002. URL http://nn.cs.utexas.edu/?stanley:ec02.

[12] D.E. Goldberg. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning. 2nd Edition*. Addison-Wesley, Boston, 1989.

[13] M. Mitchell. *An Introduction to Genetic Algorithms*. MIT Press, Cambridge, 1998.

[14] Claudinei Carlos dos Santos Costa. *Learning Prism: Modelo Neuroevolutivo para Treinamento de Redes Neurais Artificiais Baseado em Algoritmos Genéticos*. Tese de doutorado, Universidade SENAI CIMATEC, Salvador, 2025.

[15] Roberto L. S MONTEIRO, Tereza Kelly G. Carneiro, José Roberto A. Fontoura, Valéria L. da Silva, Marcelo A. Moret, and Hernane Borges de Barros Pereira. A model for improving the learning curves of artificial neural networks. *PLOS ONE*, Fev 2016. doi: 10.1371/pone.0149874. URL https://doi.org/10.1371/journal.pone.0149874.

[16] Roberto Luiz Souza Monteiro, Hernane Borges de Barros Pereira, and Davidson Martins Moreira. *Study of the Impact of the Topology of Artificial Neural Networks for the Prediction of Meteorological Data*, pages 201–214. Springer International Publishing, Cham, 2019. ISBN 978-3-319-96433-1. doi: 10.1007/978-3-319-96433-1_10. URL https://doi.org/10.1007/978-3-319-96433-1_10.

[17] M.A. Moret, H.B.B. Pereira, S.L. Monteiro, and A.C. Galeão. Evolution of species from darwin theory: A simple model. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 391(8):2803–2806, 2012. ISSN 0378-4371. doi: https://doi.org/10.1016/j.physa.2011.12.024. URL https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S037843711100940X.