

SENSOR VIRTUAL PARA MONITORAMENTO DA FERMENTAÇÃO DE MEL COM ADIÇÃO DE EXTRATO DE CASCA DE JABUTICABA APLICANDO REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

Orlando Pardini Gardezani (UNIFESP) E-mail: orlando.pardini@outlook.com

Tiago Dias Martins (UNIFESP) E-mail: tdmartins@unifesp.br

Rafael Ramos de Andrade (UNIFESP) E-mail: r.andrade@unifesp.br

Resumo: O hidromel é uma bebida fermentada à base de água e mel, cuja produção envolve a ação de leveduras como *Saccharomyces cerevisiae* na conversão de açúcares em etanol e compostos responsáveis pelo aroma e sabor da bebida. O controle da fermentação é essencial para garantir a qualidade do produto, exigindo o monitoramento de variáveis como concentração celular, de substrato e etanol. No entanto, medições contínuas dessas variáveis são desafiadoras devido ao elevado custo e à complexidade dos sensores físicos. Este estudo propõe um sensor virtual baseado em Redes Neurais Artificiais (RNA) capaz de prever essas variáveis simultaneamente e em tempo real, como gêmeo digital de sensores físicos. O diferencial da pesquisa é o uso de extrato de casca de jabuticaba, que confere aroma, sabor e coloração únicos ao hidromel. O modelo foi desenvolvido com variáveis de entrada acessíveis e correlacionadas ao processo: temperatura, pH, sólidos solúveis e densidade óptica. A melhor RNA foi otimizada com o algoritmo de Levenberg-Marquardt com Regularização Bayesiana, reduzindo sobreajuste e melhorando a generalização. A arquitetura final contou com duas camadas ocultas (40 e 25 neurônios) e funções de ativação não-lineares. O modelo apresentou erro médio absoluto de 9,34% e correlação de Pearson média de 0,92 na validação externa, demonstrando alto desempenho. A confiabilidade foi confirmada por testes estatísticos. Os resultados indicaram que o uso de RNAs pode tornar o controle de bioprocessos mais acessível e eficiente, promovendo avanços na biotecnologia de bebidas fermentadas e ampliando as aplicações da inteligência artificial no setor.

Palavras-chave: Sensor virtual, Redes neurais artificiais, Fermentação alcoólica, Machine learning, Otimização de bioprocessos.

VIRTUAL SENSOR FOR MONITORING THE FERMENTATION OF HONEY WITH JABUTICABA PEEL EXTRACT USING ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS

Abstract: Mead is a fermented beverage composed of water and honey, in which yeast strains such as *Saccharomyces cerevisiae* convert sugars into ethanol and compounds responsible for the aroma and taste of the beverage. Effective control of the fermentation is essential to ensure product quality, requiring continuous monitoring of variables such as cell, substrate, and ethanol concentrations. However, real-time measurement of these variables remains challenging due to the high cost and complexity of physical sensors. This study proposes a virtual sensor based on Artificial Neural Networks (ANNs) capable of predicting these variables simultaneously and in real time, as a digital twin for physical sensors. A key innovation of this research is the inclusion of jabuticaba peel extract, which imparts unique aroma, flavor, and coloration to the mead. The model was developed using accessible input variables correlated with the process—temperature, pH, soluble solids, and optical density. The best ANN was optimized using the Levenberg–Marquardt algorithm with Bayesian Regularization to improve generalization and reduce overfitting. The final architecture featured two hidden layers (40 and 25 neurons) with nonlinear activation functions. The model achieved a mean absolute error of 9.34% and an average Pearson correlation coefficient of 0.92 during external validation, confirming its strong predictive performance. Reliability was supported by statistical analysis. These findings highlighted the potential of ANNs as an efficient, and accessible tool for bioprocess monitoring, contributing to innovation in fermented beverage biotechnology and the broader application of artificial intelligence in the field.

Keywords: Virtual sensor, Artificial neural networks, Alcoholic fermentation, Machine learning, Bioprocess optimization.

1. Introdução

A crescente valorização de produtos com apelo histórico e cultural tem impulsionado a

comercialização do hidromel, especialmente em eventos de cultura pop e recriações medievais (NAKADA *et al.*, 2020; GURIAN, 2023). No Brasil, a produção artesanal da bebida tem se fortalecido em cidades como São Paulo e Curitiba, revelando um potencial de mercado promissor. O processo fermentativo do hidromel, realizado por leveduras, como *Saccharomyces cerevisiae*, é sensível a fatores como composição do mel, pH, temperatura e ingredientes adicionais, como o extrato de frutas, que enriquece a bebida com cor, sabor e compostos antioxidantes (KAWA-RYDLEWSKA *et al.*, 2023).

Entretanto, o controle preciso da fermentação ainda representa um desafio para pequenos produtores devido à dificuldade e ao custo de monitorar variáveis relevantes, como o etanol (P), células (X) e carboidratos (substrato – S). Neste cenário, o uso de sensores virtuais baseados em Redes Neurais Artificiais (RNA) surge como uma alternativa eficiente e de baixo custo, permitindo a previsão dessas variáveis em tempo real a partir de dados de medição mais fáceis e de menor custo, como temperatura, pH, sólidos solúveis e densidade óptica (abs 600 nm).

Apesar de outras variáveis sejam altamente relevantes, tais quais as concentrações de compostos voláteis e de ácido acético, que são gerados, o conhecimento das concentrações de substrato, células e etanol ao longo do processo, pode indicar o desenvolvimento da fermentação e auxiliar na tomada de decisão.

Assim, o objetivo deste estudo foi desenvolver um sensor virtual neural para prever a concentração de células, etanol e substrato a partir de variáveis fáceis de serem medidas, promovendo avanços na automação e otimização da produção de bebidas fermentadas. Como objetivo específico, buscou-se avaliar a influência de diferentes métodos de otimização, funções de ativação e número de neurônios no treinamento dos modelos.

2. Métodos

Para desenvolver uma única RNA capaz de prever simultaneamente três variáveis do processo fermentativo, foram selecionadas variáveis de entrada com forte relação com a dinâmica da fermentação: pH, por ser um indicativo da produção de etanol; temperatura, devido à sua influência direta na cinética das reações bioquímicas; densidade óptica (DO), que reflete o crescimento microbiano; e sólidos solúveis (SS), que indicam o consumo de substrato ao longo do processo.

2.1 Arquitetura e Variáveis das RNAs

Para a modelagem do processo, foram utilizados os dados experimentais de 5 fermentações, disponíveis em Costa (2021). O micro-organismo utilizado foi a levedura *Saccharomyces bayanus* (Red Star Premier Blanc), e o meio de fermentação foi mel diluído com água, sendo 1/3 do volume do meio composto por extrato de casca de jabuticaba. Os ensaios foram realizados em um biorreator Labfors 5 (Infors HT, Suíça), agitado por 2 turbinas Rushton, a 120 rpm. As condições de temperatura e concentração inicial de sólidos solúveis usados estão na Tabela 1.

A coleta das amostras foi realizada, em média, a cada 16 horas, totalizando 10 amostras por experimento. Uma vez que esse número de amostras é considerado baixo para que a RNA possa aprender a cinética do processo, foram ajustados polinômios suaves aos pontos experimentais, de modo a gerar 200 amostras para cada experimento. Essa é uma abordagem já usada estudo envolvendo a obtenção de modelos por RNAs CHOJI *et al.*, 2021).

Nº Experimento	Sólidos Solúveis iniciais (°Brix)	Temperatura (°C)
1	30	25,0
2	30	25,0
3	25	30,0
4	35	20,0
5	25	20,0

Tabela 1 – Número do experimento e suas respectivas condições.

A arquitetura da RNA incluiu duas camadas ocultas, conforme ilustrado na Figura 1. Cada ligação entre as camadas apresenta um peso, responsável por definir a influência de cada entrada sobre os neurônios subsequentes. Esses pesos ajustados durante o treinamento são responsáveis por capturar a complexa relação entre as variáveis de entrada e de saída. Na camada final, o modelo calcula os valores das concentrações das três variáveis-alvo, tornando possível o monitoramento do processo fermentativo em tempo real com precisão.

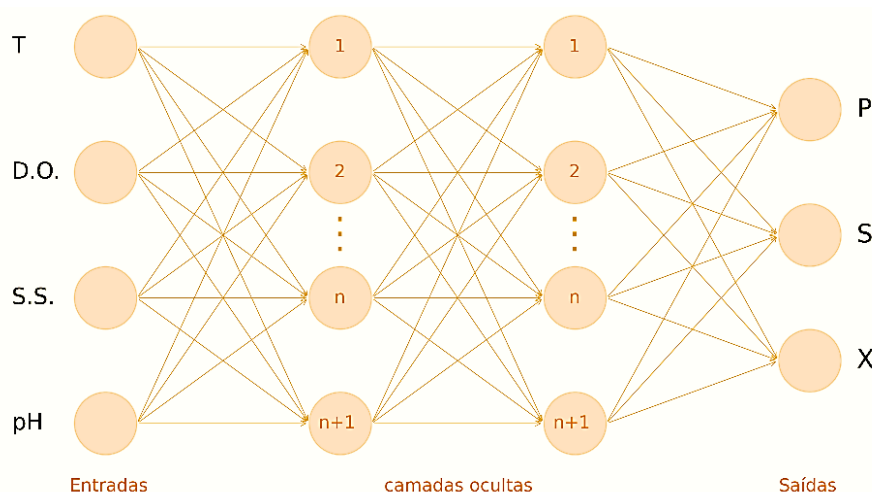


Figura 1 – Rede neural que simboliza o processo.

2.2 Configuração das RNAs

A fase inicial envolveu a preparação e o tratamento dos dados experimentais, com o auxílio do software *Microsoft Excel*, empregado para a análise do comportamento de cada variável ao longo do tempo de fermentação. Esse processo foi fundamental garantir que os dados coletados estivessem organizados e para preservar a integridade dos resultados e maximizar a confiabilidade das etapas subsequentes (GOODFELLOW *et al.*, 2015).

As etapas de obtenção (treinamento, teste e validação interna) e simulação foram conduzidas no software Mathworks Matlab® R2025a.

A definição da melhor estrutura se deu alternando-se três configurações fundamentais das RNAs:

- Algoritmos de otimização;
- Funções de ativação nas camadas ocultas e de saída;
- Número de neurônios nas camadas ocultas;

Ao todo foram considerados nove algoritmos de otimização, cinco funções de ativação e variou-se os neurônios das camadas ocultas entre 5 e 40.

A Tabela 2 resume as opções das diversas configurações testadas durante o estudo, abrangendo as variações nos algoritmos de treinamento, nas funções de transferência e na estrutura geral das RNAs.

Algoritmos de otimização	Funções de ativação das camadas ocultas (1ª camada intermediária)	Funções de ativação (saída)	Neurônios (1ª e 2ª camada)
Resilient-Backpropagation (rp)			
Scaled Conjugate Gradient (scg)			
Levenberg-Marquardt (lm)			
Levenberg-Marquardt com Regularização Bayesiana (br)	tangente hiperbólica (tansig)	tangente hiperbólica (tansig)	
Powell-Beale (cgb)	linear (purelin)	linear (purelin)	
Broyden-Fletcher-Goldfarb-Shanno (bfg)	softmax	sigmoidal (logsig)	5 – 40 (intervalo de cinco)
Gradiente Descendente com Momentum e Taxa de Aprendizagem Adaptativa (gdx)	sigmoidal (logsig)		
One Step Secant (oss)	positivo linear (poslin)		
Gradiente descendente simples (gd)			

Tabela 2 – Configuração geral de treinamento.

Cada configuração de rede foi submetida a cinco repetições de treinamento, a fim de reduzir a influência de fatores estocásticos e assegurar a reprodutibilidade dos resultados.

Adicionalmente, sempre que uma configuração apresentava erro médio inferior a 10% na etapa de simulação, para qualquer variável de saída, ela era submetida a um novo treinamento, a fim de reduzir o erro ao máximo. Considerando esses testes adicionais, o total de configurações analisadas ao longo do estudo ultrapassou 860 mil, evidenciando a robustez e a profundidade da abordagem empregada.

2.3 Definição dos Parâmetros Estatísticos de Análise

Para avaliar a qualidade do ajuste da rede neural, foram utilizados três parâmetros: a função objetivo (F_{OBJ}), o erro médio percentual absoluto (MAPE) e o coeficiente de correlação de Pearson (ρ). Com isso, na finalização de todas as etapas (obtenção e simulação), os valores desses parâmetros foram armazenados para uma análise abrangente do desempenho da rede (SILVA et al., 2021).

A função objetivo escolhida para o processo foi a média da diferença quadrática entre os valores calculados pela RNA e os valores experimentais reais, ou Erro quadrático médio (*Mean Squared Error* ou MSE), conforme expresso na Equação 1:

$$F_{OBJ} = MSE = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (h_{j,exp} - h_{j,rede})^2 \quad (1)$$

em que: n representa o número de amostras, $h_{j,rede}$ e $h_{j,exp}$ são os valores calculados pela RNA e o valor real para o ponto experimental j , respectivamente.

O erro médio percentual absoluto (*Mean Absolut Percentual Error* ou MAPE) foi calculado com base na Equação 2:

$$MAPE = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \frac{|h_{j,exp} - h_{j,rede}|}{h_{j,exp}} \quad (2)$$

Por sua vez, o coeficiente de correlação de Pearson, é um parâmetro que avalia a intensidade e a direção da correlação entre duas variáveis, variando de -1,0 a 1,0 (SILVA et al., 2021). Dado o contexto fornecido, a equação para o coeficiente (ρ) é representado pela Equação 3:

$$\rho = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \cdot \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} \quad (3)$$

em que: x_i é o valor da variável x para o ponto experimental i ; y_i é o valor previsto pela RNA para o ponto experimental i ; \bar{x} é a média aritmética dos valores de x ; \bar{y} é a média aritmética dos valores de y .

Esses parâmetros fornecem uma visão abrangente da precisão da RNA, permitindo avaliar a concordância entre os resultados a serem previstos e os dados experimentais reais. Quanto menor o MSE e o MAPE, e quanto mais próximo de 1 for ρ , melhor será o desempenho da rede neural no processo de modelagem e simulação (AWANG, 2018).

2.4 Obtenção da RNA e Validação Externa

O termo “obtenção da rede” foi compreendido pela estruturação das etapas de treinamento, teste e validação interna, para a qual foram fornecidos 4 experimentos. Foram disponibilizados 800 dados (200 para cada experimento) para a obtenção da rede, dos quais 70% foram destinados para treinamento (560 dados), 15% para validação interna (120 dados) e 15% para teste (120 dados). Um experimento completo (200 dados, escolhido aleatoriamente) foi reservado exclusivamente para a validação externa da rede. Nesse caso, o Experimento 2 foi escolhido aleatoriamente.

A primeira condição de parada baseou-se no acompanhamento em tempo real da F_{OBJ} ao longo do processo de validação. Caso a F_{OBJ} apresentasse aumentos consecutivos, o processo era interrompido após 20 ocorrências, pois esse comportamento indicava uma possível divergência.

A segunda condição de parada estava relacionada à tolerância imposta ao modelo, definida como 1.10^{-8} . A terceira condição estabelecia um limite de 1000 iterações como máximo permitido. Por fim, a quarta condição de parada determina que o tempo total para o treinamento individual não deveria exceder 3 minutos.

A escolha da melhor RNA considerou a média do MAPE e o valor de ρ para a etapa de obtenção e o número de parâmetros do modelo.

3. Resultados e Discussão

3.1 Análise das Redes Obtidas e Classificação Geral

A Tabela 3 mostra o melhor resultado obtido para cada algoritmo considerado, apresentando a estrutura e as funções de ativação utilizadas. As RNAs presentes na

Tabela 3 estão classificadas em ordem crescente de valores da média dos MAPEs das variáveis P, X e S da etapa de obtenção.

ID ^[0]	Estrutura ^[1]	Algoritmo de Otimização ^[2]	Funções de Ativação ^[3]	Média dos MAPEs das três variáveis de saída ^[4]	NP ^[5]	ρ ^[6]
1	4-40-25-3	<i>br</i>	<i>poslin-softmax-tansig</i>	9,34	1303	0,92
2	4-30-20-3	<i>lm</i>	<i>softmax-poslin-purelin</i>	11,36	833	0,92
3	4-25-20-3	<i>rp</i>	<i>softmax-softmax-purelin</i>	11,55	708	1,00
4	4-40-35-3	<i>scg</i>	<i>tansig-softmax-purelin</i>	13,74	1743	0,94
5	4-30-35-3	<i>bfg</i>	<i>softmax-softmax-purelin</i>	19,24	1343	1,00
6	4-25-20-3	<i>cgb</i>	<i>tansig-softmax-purelin</i>	21,47	708	0,93
7	4-35-25-3	<i>oss</i>	<i>tansig-logsig-purelin</i>	24,45	1153	0,79
8	4-35-30-3	<i>gdx</i>	<i>poslin-softmax-purelin</i>	31,56	1348	0,92
9	4-35-25-3	<i>gd</i>	<i>softmax-softmax-purelin</i>	170,73	1153	1,00

Tabela 3 – Desempenho para das melhores RNAs de cada algoritmo.

Legenda:

^[0] Código de identificação da RNA.

^[1] Arquitetura da RNA: neurônios na camada de entrada - oculta 1 e 2 - saída.

^[2] Método de otimização empregado durante o treinamento da RNA.

^[3] Função de ativação na camada oculta 1 e 2 - saída.

^[4] Somatório dos erros médios percentuais absolutos (MAPE) para as variáveis de saída da rede.

^[5] Número de parâmetros para a rede, totalizando número de pesos e vieses.

^[6] Coeficiente médio de correlação de Pearson entre as três variáveis de saída da rede.

Da Tabela 3, observa-se que o melhor resultado foi obtido com o algoritmo de Levenberg-Marquadt com regularização bayeasiana com a arquitetura 4-40-25-3. Essa configuração apresentou a menor média dos MAPEs (9,34%) e alto coeficiente de correlação médio ($\rho=0,92$). A arquitetura inclui 40 e 25 neurônios nas camadas intermediárias, totalizando 1303 parâmetros. A combinação de funções de ativação *poslin-softmax-tansig* demonstrou ser eficiente para modelar relações não-lineares nas camadas intermediárias e de saída.

A função *poslin*, aplicada na primeira camada com 40 neurônios, destaca-se por evitar problemas de saturação e por preservar informações relevantes associadas a valores positivos relevantes. Tal característica a torna particularmente eficaz na modelagem de relações não lineares, além de contribuir para uma propagação de gradientes mais estável durante o treinamento (INOE *et al.*, 2022). A segunda camada, com 25 neurônios e ativação *softmax*, transforma os sinais em probabilidades normalizadas, reduzindo a complexidade de forma estruturada e preservando informações essenciais. Essa função se mostrou recorrente nas melhores configurações, sendo eficaz para tratar variáveis interdependentes e promover estabilidade no treinamento (NGUYEN *et al.*, 2022). A camada de saída utilizou a função *tansig*, ideal para modelar saídas contínuas e suavizar relações não-lineares, com mapeamento simétrico no intervalo [-1, 1], o que auxilia no equilíbrio dos gradientes e melhora a precisão em variáveis previamente normalizadas.

3.2 Perfis de Concentração

As Figuras 2-6 ilustram o perfil cinético dos experimentos 1 a 5 e confirmam que a rede neural apresentou alta precisão na simulação, com os dados simulados alinhados de forma consistente aos dados experimentais. Os resultados destacam a capacidade da RNA de capturar padrões complexos e modelar os dados com desempenho superior ao ajuste tradicional.

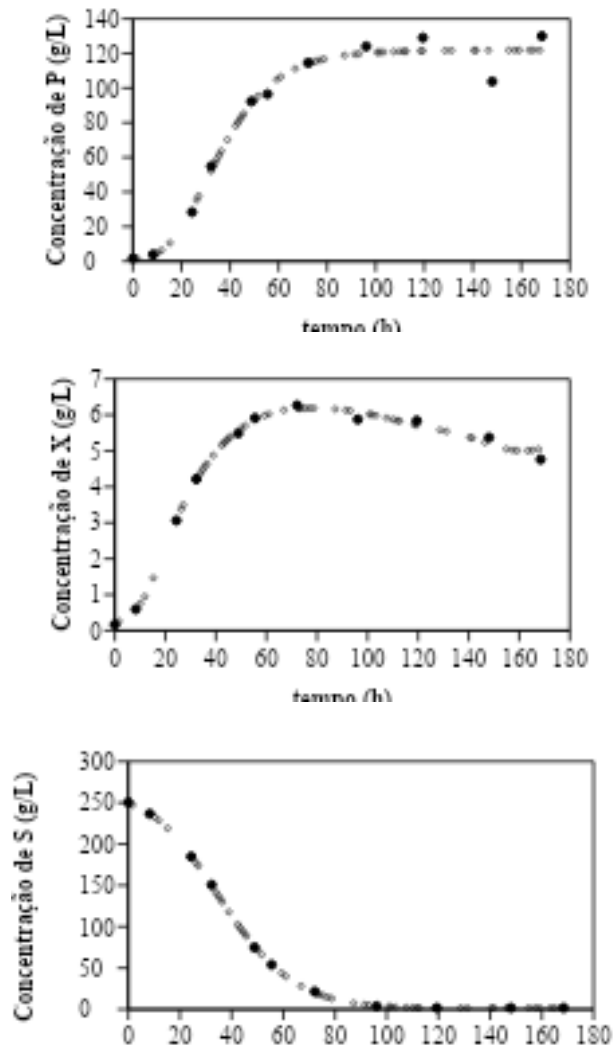


Figura 2 – Concentrações das variáveis de saída em função do tempo: comparativo do ajuste dos dados simulados em relação aos dados experimentais para o experimento 1. Os símbolos abertos representam os dados simulados e os preenchidos representam os dados experimentais.

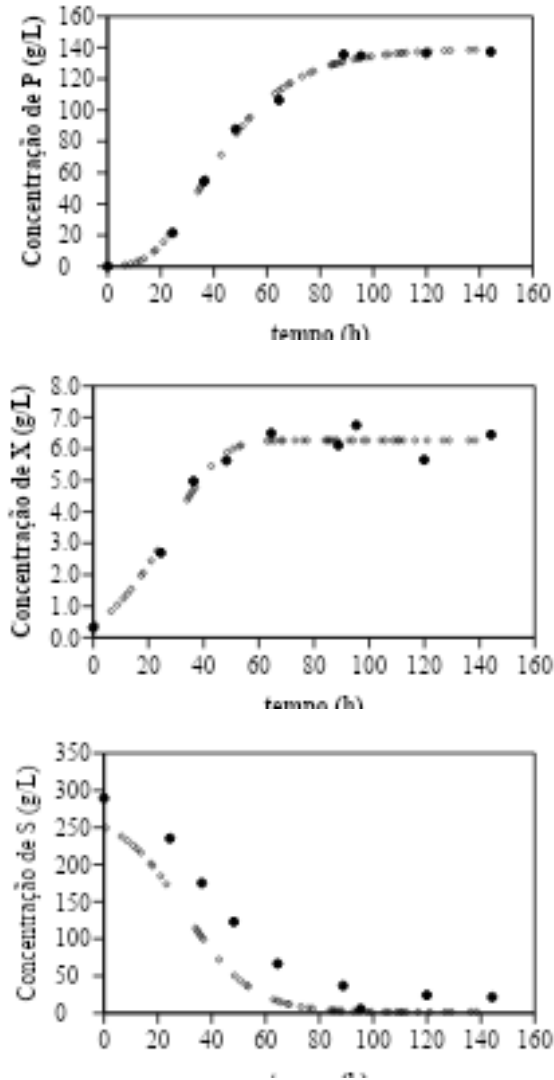


Figura 3 – Concentrações das variáveis de saída em função do tempo: comparativo do ajuste dos dados simulados em relação aos dados experimentais para o experimento 2. Os símbolos abertos representam os dados simulados e os preenchidos representam os dados experimentais.

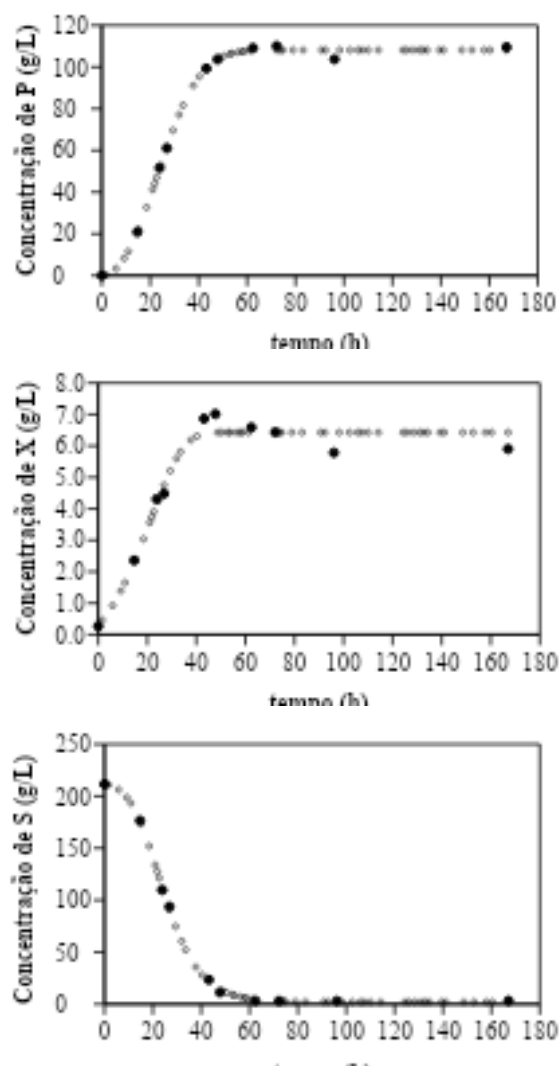


Figura 4 – Concentrações das variáveis de saída em função do tempo: comparativo do ajuste dos dados simulados em relação aos dados experimentais para o experimento 3. Os símbolos abertos representam os dados simulados e os preenchidos representam os dados experimentais.

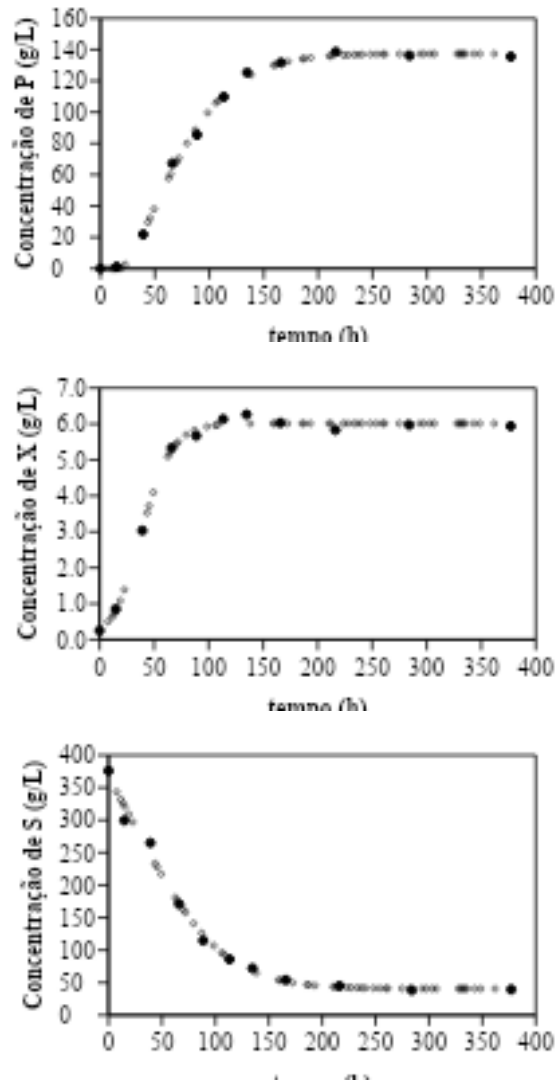


Figura 5 – Concentrações das variáveis de saída em função do tempo: comparativo do ajuste dos dados simulados em relação aos dados experimentais para o experimento 4. Os símbolos abertos representam os dados simulados e os preenchidos representam os dados experimentais.

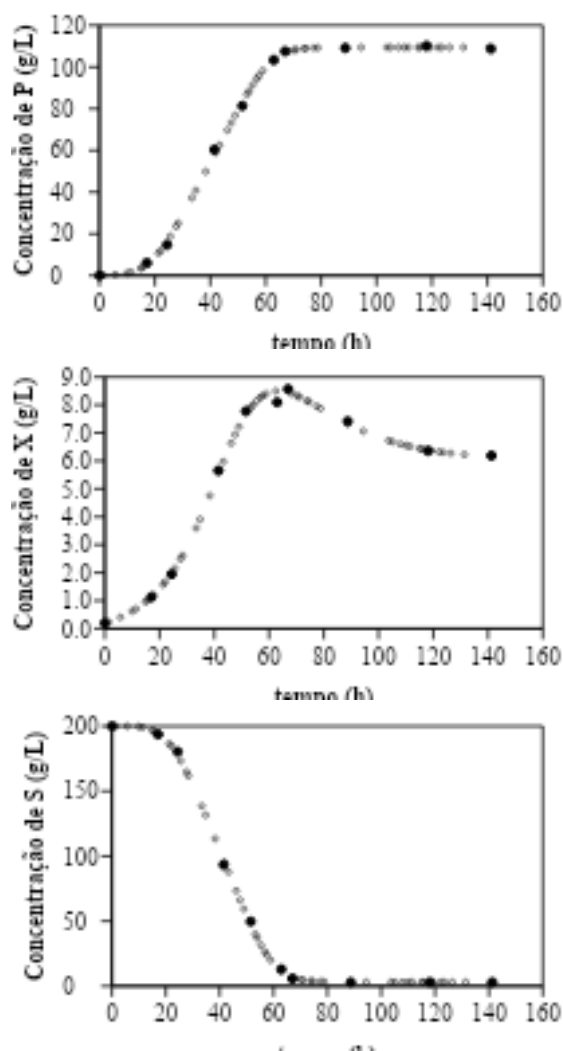


Figura 6 – Concentrações das variáveis de saída em função do tempo: comparativo do ajuste dos dados simulados em relação aos dados experimentais para o experimento 5. Os símbolos abertos representam os dados simulados e os preenchidos representam os dados experimentais.

3.4 Análise das Métricas Estatísticas

Para avaliar de forma mais abrangente o desempenho da rede na previsão das concentrações, é fundamental analisar os erros gerados ao longo de todo o processo de modelagem. Para isso, foram utilizadas métricas consolidadas, como o Erro médio percentual absoluto (MAPE), o erro quadrático médio (MSE), a raiz do erro quadrático médio (RMSE) e o coeficiente de determinação (R^2), que permitem quantificar a precisão e a qualidade do ajuste do modelo. A Tabela 4 mostra o resultado de todas as métricas:

Erros	P	X	S	Média
MAPE	5,92	0,24	4,18	3,45
MSE	102,27	0,11	71,01	57,80
RMSE	10,11	0,33	8,43	6,29
R^2	0,95	0,97	0,99	0,97

Tabela 4 – Métricas de erro para as variáveis de saída na fase de validação externa.

As métricas estatísticas apresentadas na Tabela 4 mostram que o modelo obtido apresenta uma precisão elevada pra X, enquanto que para S e P essa precisão é relativamente inferior, porém, com erros abaixo de 6 %. Provavelmente, isso se deve ao comportamento da variável X, que apresenta menor intervalo de valores, facilitando o aprendizado por parte da RNA. As saídas S e P apresentam uma variação de valores muito maiores, o que pode limitar a eficiência do modelo. Apesar disso, observa-se a partir das Figuras 2-6, que a RNA consegue representar satisfatoriamente o comportamento esperado. Cabe ressaltar que os sensores físicos apresentam precisão semelhante. Sendo assim, os resultados obtidos neste trabalho se mostram bastante relevantes dentro das condições avaliadas.

Assim, a RNA pode ser utilizada para prever o tempo de fermentação em diferentes temperaturas, permitindo programar melhor a produção e uso dos reatores. Além disso, permite que se obtenha com maior rapidez as concentrações de células e etanol, quando comparado a métodos tradicionais, como gravimetria, e cromatografia. Essas variáveis são importantes na detecção de lotes anormais no processo, e auxiliam na tomada de decisão. Uma limitação do modelo é fato do mesmo ser válido para as condições de processo que abrangem os valores das variáveis apresentados na Tabela 1.

4. Conclusão

Com base nos resultados apresentados, pode-se concluir que a RNA desenvolvida demonstrou alto potencial para estimar as concentrações de X, S e P durante o processo fermentativo do hidromel. A rede mais eficiente, composta por duas camadas intermediárias e treinada com o algoritmo, atingiu correlação de 0,92 e erros médios percentuais em torno de 3,4 %.

A RNA foi capaz de se ajustar bem aos dados experimentais, destacando sua robustez frente a variações não-lineares. Os resultados reforçam a viabilidade do uso de RNAs como ferramenta para monitoramento e otimização da produção artesanal de hidromel, com potencial de aplicação em outras bebidas fermentadas, diferentes condições de processo, ou composição do meio de fermentação, mediante retreinamento.

Futuras atualizações do modelo podem incluir experimentos em condições diferentes, visando ampliar o intervalo nos valores das variáveis de entrada, incluir novas variáveis de interesse (como a concentração de ácido acético, que é um parâmetro de qualidade importante para o hidromel) e, pode-se ainda considerar outros métodos de aprendizado de máquina.

Agradecimentos

Agradecemos à FAPESP pelo apoio financeiro. Processo: 19/24444-1

Referências

AWANG, M. K.; RAMLI, R.; ZAINUDDIN, Z.; AHMAD, N.; KASSIM, M. R. *Performance Comparison of Neural Network Training Algorithms for Modeling Customer Churn Prediction. International Journal of Engineering & Technology*, v.7, n.4.34, p.44–49, 2018.

CHOJI, T.T.; OTTAIANO, G.Y.; SEOLATTO, A.A.; DA SILVA, E.A. & MARTINS, T.D. *Cinética da biossorção da mistura Ni²⁺-Cr³⁺ via redes neurais artificiais*. REVISTA DE ENGENHARIA E TECNOLOGIA, Vol. 13, n. 1, 2021.

COSTA, B. S. G. *Produção de hidromel com adição de casca de jaboticaba: Influência dos parâmetros fermentativos, qualidade da bebida e concentração de antocianinas.* Trabalho de Conclusão de Curso – Universidade Federal de São Paulo, Diadema, 2021.

GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. *Deep Learning.* Cambridge: MIT Press, 2015.

GURIAN, G. F. *Bebidas fermentadas brasileiras: considerações histórico-semânticas sobre aluás.* *Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas*, v.18, n.1, p.1–20, 2023.

INOE, T. D.; NGUYEN, T. H.; WANG, Y. Comparative performance of activation functions in neural networks for modeling nonlinear systems. *Neural Processing Letters*, v.56, n.1, p.35–52, 2022. Acesso em: 11 abr. 2025.

KAWA-RYDLEWSKA, J.; STARZYK, K.; KOWALSKA, H.; KRÓL, B. *How Do Different Ingredients and Additives Affect the Production Steps and the Bioactive Potential of Mead? Food Technology and Biotechnology*, v.61, n.1, p.25–34, 2023.

MARTINS, T. D. *Predição da recorrência de tromboembolismo venoso via Redes Neurais Artificiais.* 2018. Tese (Doutorado em Ciências Médicas) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2018.

NAKADA, P. E.; SILVA, F. R.; MOURA, L. T. O renascimento do hidromel e sua relação com a cultura geek. *Revista de Bebidas e Cultura*, v.5, n.2, p.55–69, 2020.

NGUYEN, H. T.; TRAN, N. T.; PHAM, V. H. Analyzing activation function impacts on training deep neural networks in nonlinear process modeling. *International Journal of Computational Intelligence Systems*, v.15, n.2, p.215–228, 2022.

SILVA, I. N.; SPATTI, D. H.; FLAUZINO, R. A. *Redes neurais artificiais para engenharia e ciências aplicadas.* 2. ed. São Paulo: Artliber Editora, 2021.