

1. O pacote RNA auto-configurável possui os seguintes arquivos/diretórios:

- ./dados: aqui ficam os dados de entrada da RNA e os resultados gerados;
- ./dados/entrada.txt: são especificados os parâmetros para a RNA (são explicados no item 3.a);
- ./dados/entrada_gen.txt: neste arquivo são especificados os parâmetros para a fase de generalização (são explicados no item 3.b);
- ./dados/limEntradas: são especificados os parâmetros para o MPCA (item 3.c);
- ./Makefile
- ./estat.f90
- ./funcoes.f90
- ./mpca.f90
- ./ModuloRNA.f90
- ./treinamento.f90
- ./ModuloRNA_gen.f90
- ./generalizacao.f90
- ./LEIA-ME
- ./libnr2f90

2. Para rodar RNA auto-configurável é necessário fazer as seguintes alterações:

- a. Descompactar o pacote matemático: nr2f90.tar
- b. Verificar no arquivo Makefile o caminho para o pacote nr2f90.
- c. No programa ModuloRNA.f90 alterar as seguintes linhas.

Definindo os nomes dos arquivos de entrada, saída e resultados:

- arq_ent = 'x.txt'
- arq_sai = 'yd.txt'
- arq_sai_valid = 'yd_valid.txt'
- arq_ent_valid = 'x_valid.txt'
- arq_wh1 = 'wh1.txt'
- arq_wh2 = 'wh2.txt'
- arq_wh3 = 'wh3.txt'
- arq_ws = 'ws.txt'
- arq_bh1 = 'bh1.txt'
- arq_bh2 = 'bh2.txt'
- arq_bh3 = 'bh3.txt'
- arq_bs = 'bs.txt'
- arq_result = 'compara.txt'

Definindo o caminho (path)

- caminho = './dados/'
- path_ent = TRIM(caminho)//TRIM(arq_ent)
- path_sai = TRIM(caminho)//TRIM(arq_sai)
- path_sai_valid = TRIM(caminho)//TRIM(arq_sai_valid)
- path_ent_valid = TRIM(caminho)//TRIM(arq_ent_valid)
- path_wh1 = TRIM(caminho)//TRIM(arq_wh1)
- path_wh2 = TRIM(caminho)//TRIM(arq_wh2)
- path_wh3 = TRIM(caminho)//TRIM(arq_wh3)
- path_ws = TRIM(caminho)//TRIM(arq_ws)
- path_bh1 = TRIM(caminho)//TRIM(arq_bh1)
- path_bh2 = TRIM(caminho)//TRIM(arq_bh2)
- path_bh3 = TRIM(caminho)//TRIM(arq_bh3)
- path_bs = TRIM(caminho)//TRIM(arq_bs)
- path_result = TRIM(caminho)//TRIM(arq_result)

3. Verificar os arquivos: entrada.txt, entrada_gen.txt e limEntradas.

Cada pacote de dados possui uma determinada configuração, tais como: o numero de padrões, número de neurônios na(s) camada(s) escondida(s) e na camada saída, se a validação cruzada vai ser usada, entre outros. Essas informações estão nos arquivos abaixo.

a. *entrada.txt:

- Linha 01: numero de camadas, especifico para cada problema (intervalo: 1 - 3);
- Linha 02: numero de neurônios na primeira camada (intervalo: 1 - 32)(*);
- Linha 03: numero de neurônios na segunda camada (intervalo: 1 - 32)(*);
- Linha 04: numero de neurônios na terceira camada (intervalo: 1 - 32)(*);
- Linha 05: função de ativação: 1-> logística, 2-> tangente, 3-> gaussiana(*);
- Linha 06: taxa momentum alpha (intervalo: 0.1 - 0.9)(*);
- Linha 07: taxa de aprendizagem eta (intervalo: 0 - 1)(*);
- Linha 08: numero de padrões que serão apresentados para a RNA;
- Linha 09: numero de padrões usados na validação cruzada, caso seja utilizada;
- Linha 10: numero de entradas (vetor entrada);
- Linha 11: numero de saídas (vetor saída);
- Linha 12: erro desejado (critério de parada 1);
- Linha 13: numero máximo de épocas (critério de parada 2);
- Linha 14: controla a ativação do MPCA (mpca = 0 --> sequencial);
- Linha 15: peso, inicialização dos pesos (peso = 0 --> fixo, peso = 1 --> aleatório);
- Linha 16: validação (validação = 1--> com validação cruzada);
- (*) valor inicial determinado de forma empírica.

b. *entrada_gen.txt:

- Linha 01: numero de camadas (intervalo: 1 - 3);
- Linha 02: numero de neurônios na primeira camada (intervalo: 1 - 32);
- Linha 03: numero de neurônios na segunda camada (intervalo: 1 - 32);
- Linha 04: numero de neurônios na terceira camada (intervalo: 1 - 32);
- Linha 05: função de ativação: 1-> logística, 2-> tangente, 3-> gaussiana;
- Linha 06: numero de padrões de generalização;
- Linha 07: numero de entradas (vetor entrada);
- Linha 08: numero de saídas (vetor saída);

c. *limEntradas:

Este arquivo só será alterado quando os intervalos forem diferente, como por exemplo, quando se deseja uma RNA com apenas 1 camada, sendo necessário alterar o intervalo na linha 01.

- Linha 01: numero de camadas: 1 - 3
- Linha 02: numero de neurônios na primeira camada: 1 - 32
- Linha 03: numero de neurônios na primeira camada: 1 - 32
- Linha 04: numero de neurônios na primeira camada: 1 - 32
- Linha 05: função de ativação: 1 - 3
- Linha 06: taxa momentum alpha (intervalo: 0.1 - 0.9)
- Linha 07: taxa de aprendizagem eta (intervalo: 0 - 1)