

***Saccharomyces cerevisia* Maya Hücresinin Büyüme Eğrisinin ANFIS ile Modellenmesi**

*¹Eyyüp Gülbandılar ve ²Aysel Gülbandılar

*¹Mühendislik-Mimarlık Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Eskişehir, Türkiye

²Gıda İşleme Bölümü, Dumlupınar Üniversitesi, Kütahya, Türkiye

Özet

Bu çalışmada gıda sektöründe yaygın bir şekilde kullanılan *Saccharomyces cerevisiae* maya hücresinin üreme uyarlamalı sinirsel bulanık çıkarım (ANFIS) kullanılarak matematiksel modelini gerçekleştirmeyi amaçlanmıştır. ANFIS modelinin tasarımı aşamasında üreme zamanı giriş değişkeni olarak belirlenirken, saatlik hücre sayıları çıkış değişkeni olarak belirlenmiştir. Deneysel verilerin 192 tanesi modelin eğimi için kullanılırken, 72 tanesi eğitilmiş modelin test edilmesi için kullanıldı. Geliştirilen model hem eğitim hem de test verileri için yüksek uyum göstermiştir ($R^2_{test}=0,9994$). Ayrıca modelde kullanılan matematiksel sabitlerde ortaya konularak, matematiksel model parametreleri yazılmıştır.

Anahtar kelimeler: *Saccharomyces cerevisiae*, üreme eğrisi, ANFIS

Modelling of The Growth Curve of *Saccharomyces cerevisia* Yeast Cells with ANFIS

Abstract

In this study was aimed that a mathematical model by used the Adaptive Neural Fuzzy Inference Systems (ANFIS) was designed for growth curve of *Saccharomyces cerevisiae* yeast cell which widely used in the food industry. During the design phase of ANFIS model, while the time were determined as input variable, the cell count per hour were identified as the output variable. For the training of the model were used 120 of the experimental data and 72 of these experimental data results were used for testing the trained model. The developed model showed a high concordance for both training and test data ($R^2_{test}=0,9994$). Additionally, mathematical constant used in the model are disclosed and the parameters of the mathematical model were written.

Key words: *Saccharomyces cerevisiae*, growth curve, ANFIS

1. Giriş

Saccharomyces cerevisiae şarap, bira ve ekmek mayası olarak bilinmektedir. Bu maya funguslar âleminin Ascomycetes şubesinin Saccharomycetaceae alt şubesinin bir üyesidir. *S. cerevisiae* gıda endüstrisinde yaygın bir kullanım alanına sahiptir. *S. cerevisiae* uygun besin ortamında

*İletişim Adresi: Adres: Mühendislik-Mimarlık Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Eskişehir TÜRKİYE. E-posta: egul50@gmail.com, Tel: +902222393750

tomurcuklanarak büyümesi ve kültürlenmesinin kolay olmasından dolayı hücre döngüsü araştırmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır [1,2]. *S. cerevisiae* maya hücrelerinin yaşam döngüsü haploid ve diploid olmak üzere iki formdadır. Diploid hücreler stres şartlarında mayoz bölünmeye girerken haploid hücreler ise normal şartlardaki yaşam döngüsünde görülür [2].

Yaşam döngüsü içinde maya hücrelerinin zamana göre grafiği çizilebilir. Bu grafiğe büyüme eğrisi adı verilir. Maya hücrelerinin bu büyüme eğrisi matematiksel model denklemlerle ifade edilebilir. S-şeklindeki bu büyüme eğrisinin matematiksel modelinin ilk tanımlaması Verhulst tarafından yapılmıştır. Bu matematiksel form Verhulst lojistik denklemi olarak adlandırılır ve

$$N(t) = \frac{N_s}{1 + k.e^{-\mu.t}} \quad (1)$$

şeklinde yazılabilir. Burada N_s denge durumundaki hücre sayısını, μ büyüme oranını, t zamanı, N_0 ekilen hücre sayısını ve $k = \frac{N_s - N_0}{N_0}$ sabit bir değeri göstermektedir [1,3]. Farklı bir matematiksel model bakış açısı da Zwietering ve arkadaşları tarafından düzenlenen Gompertz denklemidir ve

$$N(t) = A + C.exp[-exp[-B(t - M)]] \quad (2)$$

şeklinde. Burada A zamanın eksi sonsuza gittiği durumdaki sabiti, C logaritmik fazın sonundaki bakteri sayısını, M mikroorganizmaların maksimum büyüme oranına ulaştığı zamanı, B ise M zamanındaki rölatif büyüme oranını göstermektedir [4, 5].

Son yıllarda bu alanda yapılan çalışmalarda uzman sistemlerin kullanımı yaygınlaşmaktadır. Simon, ve Kariml, *Bacillus subtilis* mikroorganizmasının büyüme döngüsündeki büyüme fazlarının olasılıksal yapay sinir ağları (Probabilistic neural networks) yardımıyla tahmin çalışması gerçekleştirmişleridir. [4]. Yine olasılıksal yapay sinir ağları tekniği kullanılarak *Escherichia coli*, *Aeromonas hydrophila*, *Shigella flexneri*, ve *Brochothrix thermosphacta* mikroorganizmalarının döngüsünün tahmini üzerine çalışılmıştır [6,7]. Garcia-Gimeno ve arkadaşları yaptıkları çalışmalarında gıdalardaki mikrobiyal büyüme döngüsünün belirlenmesinde hem yapay sinir ağları hem de genetik algoritma yöntemini kullanmışlardır [8]. Hajmeer ve arkadaşları farklı bir bakış açısıyla *Escherichia coli* bakterisinin üreme eğrisinin yapay sinir ağları ile modellenmesi üzerine bir çalışma gerçekleştirmişlerdir [9]. Gıda sektöründe yaygın bir şekilde kullanılan *Saccharomyces cerevisiae* maya hücresinin üreme modelinin gerçekleştirilmesi hem akademik hem de sanayi uygulamalarında deneyler planlanmadan model üzerinden yapılabilmesi hem deney maliyetlerini hem de işçilik maliyetlerini ortadan kaldıracaktır. Bizde bu çalışmamızda *Saccharomyces cerevisiae* maya hücresinin üreme eğrisinin matematiksel modelleme çalışmalarına farklı bir bakış açısı ortaya koymak amaçlanmıştır. Yukarıda bahsettiğimiz gibi bu alanda yaygın olarak kullanılan bir uzman modelleme yöntemi olan ANFIS tercih edilmiştir.

Uyarlamalı Sinirsel Bulanık Çıkarım Sistemleri

Uyarlamalı sinirsel bulanık çıkarım sistemleri (Adaptive Neural Fuzzy Inference Systems: ANFIS) hem sinir ağlarını hem de bulanık çıkarım sistemlerini içeren bir karma sistem olarak ifade edilmektedir. Bu karma sistemlerde; bulanık çıkarım, belirsizlik ve karasızlık durumlarını irdelerken, sinirsel ağ uyarlanabilirliği irdelenmektedir. Karma sistemler genellikle Sugeno bulanık

model olarak adlandırılmaktadır. Takagi, Sugeno ve Kang, giriş-çıkış veri kümelerinden bulanık kurallar üretebilen bu modeli önermişlerdir. Tipik bir bulanık kural formatı aşağıdaki gibidir.

$$\text{Eğer } x=A \text{ ve } y=B \text{ ise } z = f(x,y)$$

Burada A ve B bulanık önerme kümelerini, $z=f(x,y)$ ise çıkarımdaki ham fonksiyonunu göstermektedir. Genellikle $f(x,y)$, x ve y giriş değişkenlerini göstermek üzere bir polinom fonksiyonudur. Eğer $f(x,y)$ birinci dereceden bir polinom ise bu model, birinci derece Sugeno bulanık model olarak tanımlanır. Eğer f sabit ise, sıfırıncı derece Sugeno bulanık model denir. Birinci derece Sugeno bulanık çıkarım sistemi için aşağıdaki gibi iki bulanık çıkarım If-then kuralları ile örneklenebilir.

$$\text{Kural 1: Eğer } x=A1 \text{ ve } y=B1, \text{ ise } f1 = p1 x + q1 y + r1$$

$$\text{Kural 2: Eğer } x=A2 \text{ ve } y=B2, \text{ ise } f2 = p2 x + q2 y + r2$$

Bu çıkarım sisteminde her bir kuralın çıkışı, sabit termin eklenmesi ile giriş değişkenlerinin doğrusal bir kombinasyonudur. Son çıkış, her bir kuralın çıkışının ağırlık ortalamasıdır (\bar{w}_i) [10,11].

ANFIS mimarisinin temel yapısı Şekil 1'de görülmektedir. Aşağıda aynı katmandaki düğüm fonksiyonunun davranışları ayrıntılı olarak ifade edilmektedir (Not: O_i^j , j-inci tabakadaki i-inci düğümün çıkışını göstermektedir).

Katman 1 (Bulanıklaştırma katmanı): Bu katmandaki her i düğüm, düğüm fonksiyonuyla uyumlu davranış gösterir ve çıkışı aşağıdaki gibidir.

$$O_i^1 = A_i(x), \quad \text{icin } i = 1,2, \text{ veya}$$

$$O_i^1 = B_{i-2}(y), \quad \text{icin } i = 3,4$$

Burada x veya y i-inci düğüm için girişleri ve A_i veya B_{i-2} ise uzun, kısa gibi dilsel ifadeleri göstermektedir. Diğer bir ifadeyle O_i^j , A veya B bulanık kümelerinin üyelik derecelerini göstermektedir ve

$$O_i^1 = \mu_{A_i}(x) = \frac{1}{1 + [(x - c_i) / a_i]^{2b_i}} \quad (3)$$

şeklinde gösterilmektedir. Burada $\{a_i, b_i, c_i\}$ küme parametrelerini göstermektedir. Genelleştirilmiş çan eğrisi üyelik fonksiyonu için bu parametrelerin değerleri A_i dilsel etiketin üyelik derecesini

verir. Bu üyelik derecesi fonksiyonlarının değişik tipleri bulunmaktadır ve üyelik fonksiyonuna tipine göre Denklem 3 değişiklik göstermektedir. Bu katmandaki parametreler öncül parametreler olarak tanımlanmaktadır. Bu katmanın çıkışı öncül kısmın üyelik derecesinin değeridir.

Katman 2 (Çıkarım kuralı katmanı): Bu katmandaki her bir düğüm cebirsel çarpma operatörü yardımıyla bir kuralın bulanık çıkarımı ile hesaplanmaktadır (Genellikle T-norm dönüşümü için mantıksal VE işlemi tercih edilebilir).

$$O_i^2 = w_i = \mu A_i(x) \cdot \mu B_i(y) \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (4)$$

Katman 3 (Normalizasyon katmanı): Bu katmandaki i-inci düğümün bulanık çıkarımının bütün düğümlerin bulanık çıkarımlarının toplamının oranlanmasıyla hesaplanmaktadır.

$$O_i^3 = \bar{w}_i = \frac{w_i}{w_1 + w_2 + \dots + w_n} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (5)$$

Bu katmanın çıkışları normalize edilmiş olarak adlandırılır.

Katman 4 (Sonuç katmanı): Bu tabakadaki i-inci düğüm, düğüm fonksiyonunun ile normalize çıkışın çarpılması ile hesaplanmaktadır.

$$O_i^4 = \bar{w}_i \cdot f_i = \bar{w}_i \cdot (p_i \cdot x + q_i \cdot y + r_i) \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (6)$$

Burada \bar{w}_i , 3-üncü katmanın i-inci düğümün çıkışını ve $\{p_i, q_i, r_i\}$ ise parametre kümesini göstermektedir. Bu katmandaki parametreler ardıl parametreler olarak tanımlanmaktadır.

Katman 5 (Çıkış katmanı): Bu katmanın tek sabit düğümündeki Σ etiketi bütün gelen işaretlerin toplamı olan son çıkış olarak hesaplanmaktadır.

$$O_i^5 = \text{toplamicikis} = \sum_i \bar{w}_i \cdot f_i = \frac{\sum_i w_i \cdot f_i}{\sum_i w_i} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (7)$$

ANFIS'in temel öğrenme kuralı olarak "backpropagation gradient descent" kullanılmakta ve giriş düğümüne çıkış katmanı tekrar geri verilmekte ve hata işaretleri kendi kendini çağırarak (rekürsif) hesaplanmaktadır (Her düğümün çıkışı ile ilgili kare hata türevidir). Bu öğrenme kuralı tam olarak ortak ileri beslemeli sinir ağlarında kullanılan geri yayılım öğrenme kuralı aynıdır [10].

2. Materials and Method

2.1. Hücre Ekimi ve Sayımı

Bu çalışmada, *Saccharomyces cerevisiae* (Baker's) maya hücrelerinin üremesini sağlamak üzere Sabouraud's dextrose (SD) agar (Oxoid CM41) ile Sabouraud's liquid medium (Oxoid CM147) besiyerlerinden yararlanılmıştır. Hazırlanan tüm besiyerleri önce 121⁰C' da 15 dakika otoklavda sterilize edilmiş ve ortam pH değeri 5.6±0.2 olarak seçilmiştir.

Başlangıçta katı besiyerine ekilen kuru maya hücreleri 30⁰C sıcaklıkta 24 saat süre ile inkübe edilerek burada üretilmiş, daha sonra bu hücreler pasajlama yapılarak sıvı Sabouraud's besiyerine aktarılmıştır. Elde edilen bu stok hücre kültüründen eşit sayıda (5.48 ± 0.09)x10⁵ hücreler alınarak içinde sıvı besiyeri (6ml) bulunan tüplere steril koşullarda pasajlama yapılmıştır. Kültürlerde üretilen *S. cerevisiae* maya hücreleri kültür saflığı ve morfoloji açısından gram boyama ile test edilmiştir.

Eşit sayıda hücre içeren tüpler belirli sürelerin sonunda deney gruplarının hücre sayıları saptanmıştır. Deney sürelerinin belirlenmesinde hücrelerin uyum dönemi (deneye başlanmasının ardından geçen altı saat) dikkate alınmıştır. Sınırlı besin maddesine sahip bir ortamdaki populasyon artışının zamanla değişimini belirlemek üzere, deney süresi, 6. saatten itibaren birer saatlik aralar ile 29. saate kadar arttırılmıştır ve saatte bir tüp alınarak hücre sayımı yapılmıştır (24 tüp ekim yapılmıştır). Deney aynı şartlarda sekiz kez tekrarlanmıştır.

Bir popülasyonu oluşturan hücrelerin sayısı mikroskopik sayım yöntemiyle doğrudan belirlenebilir. Hücre sayısı, sıvı örnekler için özel sayım alanlarına sahip Thoma lamı kullanılarak saptanmıştır. Thoma lamı kare biçiminde bölgelere sahiptir ve sayımlarda bu bölgeler kullanılmaktadır. Böyle bir sistemle bulunan hücre sayısı,

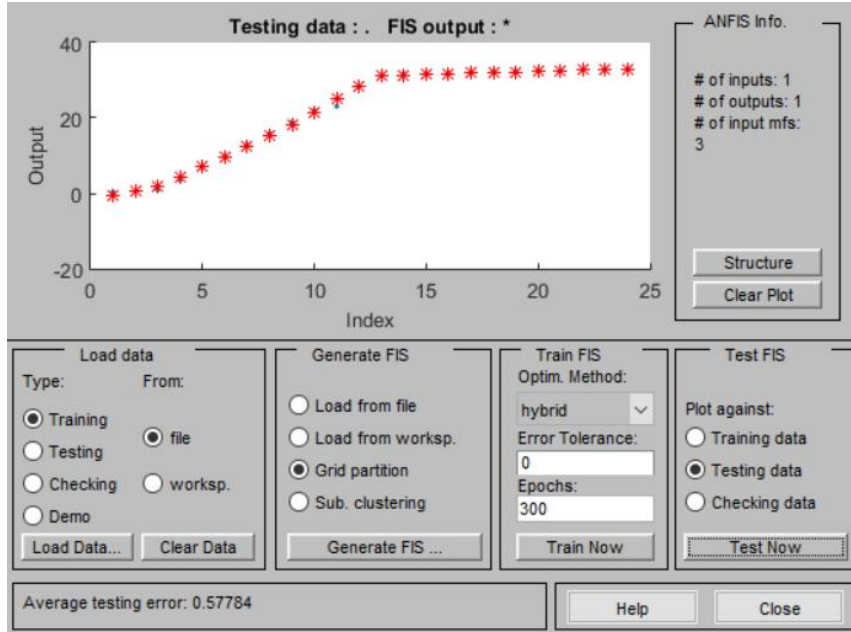
$$\text{Millimetre deki hücre sayısı} = A \times S \times F \times 10000 \quad (8)$$

formülü ile hesaplanmaktadır. Burada A, ilgilenilen sayım alanındaki maya hücresi sayısını, SF, seyreltme faktörünü, 10.000 ise 0.1 mm³ deki sayım sonucunu 1 ml deki sayıya dönüştürmek ve standart sonucu elde etmek için kullanılan bir sabiti göstermektedir [1, 3].

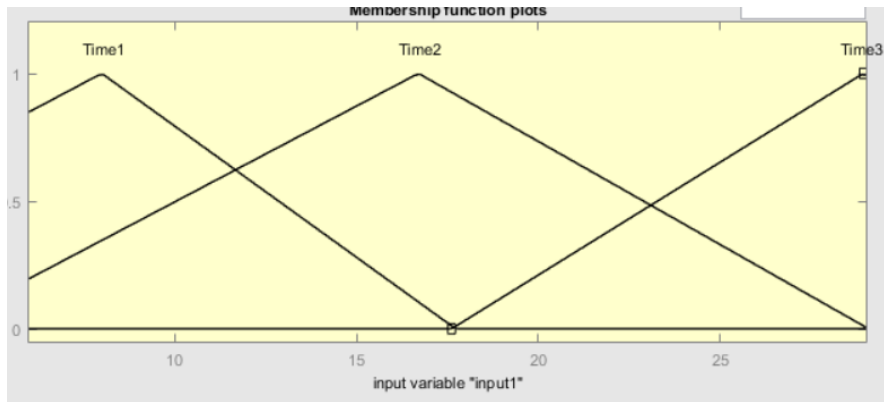
2.2. ANFIS Tasarımı

ANFIS modelin tasarlanmasında MatLab Toolbox tercih edilmiştir. YSA modelinin eğitim ve test için zaman giriş değişkeni olarak, bu zaman dilimine karşılık gelen hücre sayıları çıkış değişkeni olarak belirlenmiştir.

Toplam 192 hücre sayımı verisinin, modelin eğitimi için 120 adet (5 deneysel tekrar, her deneyde 24 ölçüm) veri kullanılırken, 72 adet (3 deneysel tekrar, her deneyde 24 ölçüm) veri modelin doğruluğunun testi için ayrılmıştır. Bu modelde farklı epochlarla farklı öğrenme algoritmaları denedikten sonra en iyi korelasyonun 300 epoch, ortalama hata 0,5778 ve hibrit öğrenme algoritmasında olduğunu belirlenmiştir (Şekil 1). Modelimizde tüm giriş değişkenleri için “trimf” (üçgen) üyelik fonksiyonu seçilmiştir. Ayrıca giriş ve çıkış tabakalarındaki nöron sayısı üç olarak belirlenmiştir. Giriş değişkenlerinin üyelik fonksiyonları Şekil 2’de görülmektedir.

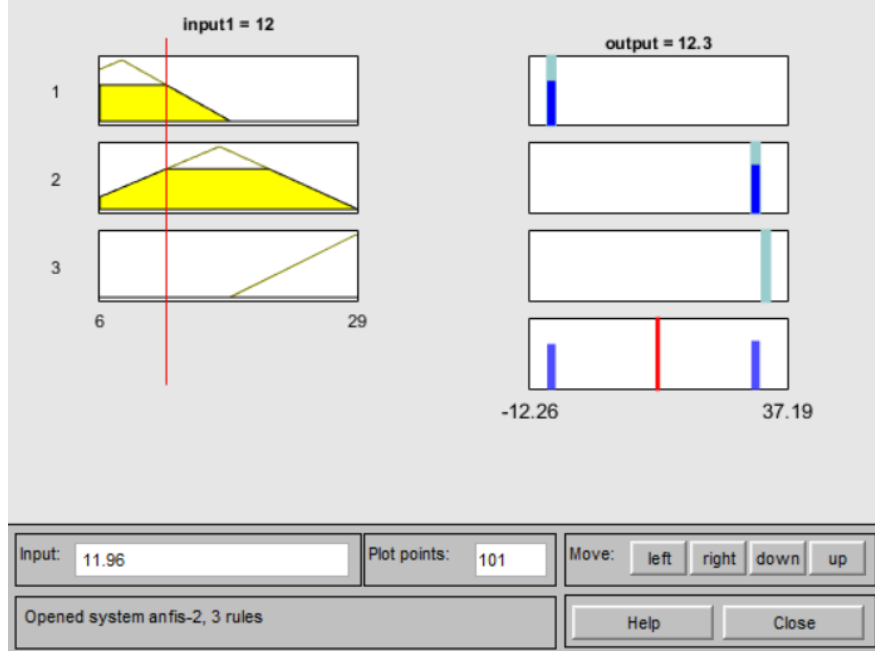


Şekil 1. ANFIS modelinin özellikleri ve eğitim sonucu elde edilen veriler



Şekil 2. Giriş değişkeni olan zamanın üyelik fonksiyonları

Tasarlanan ANFIS modelin eğitiminin sonucunda zaman değişkenininin 12 saat değeri giriş olarak uygulandığında elde edilen hücre sayısı $12,3 \times 10^6$ olarak bulunmuştur (Şekil 3). Benzer şekilde 72 test verisi uygulanarak sonuçlar elde edilmiştir.



Şekil 3. Tasarlanan ANFIS modeli

Eğitilmiş olan modele test için ayrılmış olan 72 adet veri sadece giriş olarak verildi ve modelin ortaya koyduğu çıkışlar ile deneysel olarak elde edilen sonuçlarla karşılaştırılmıştır.

3. Bulgular ve Tartışma

İki adet katman, bir giriş (zaman) ve bir çıkış değişkeni (hücre sayısı) içeren geliştirmiş olduğumuz ANFIS modeli güvenilir sonuçların ortaya koyabileceğini göstermiştir. Giriş değişkenin üyelik fonksiyon şekli üçgen üyelik fonksiyon yapısı seçilmiştir. Üçgen üyelik fonksiyonu değişimin doğrusal olduğu durumlarda tercih edilmektedir. ANFIS modellerinde iyi tahmin sonuçları elde etmek için tabaka sayısı ve bu tabakadaki nöron sayısının oldukça önemlidir. Bu sayıyı belirlemek için genel bir kural bulunmamaktadır. Ama genel olarak, birkaç nöron ile başlanılır, gizli katmandaki nöron sayısı yavaş yavaş artırılarak en iyi sonucu elde etmeye çalışılır. Her bir katman için bu işlem tekrarlanır. ANFIS modelinin kabul edilebilir hata aralığı içinde kalmak kaydıyla modelin yapısı oluşturulur. Bu çalışmada da benzer strateji uygulanarak iki katmanlı bir yapı belirlenmiştir. Giriş katmanda üç, çıkış katmanda üç nöron sayısına ulaşılmıştır.

ANFIS modelinin deneysel ve test verilerinin deneysel sonuçlar ile karşılaştırılmasında; belirleme katsayısı (R^2), ortalama mutlak yüzde hata (MAPE) ve karekök ortalama hata (RMS) kriterleri kullanılmıştır. Bu kriterler Denklem.(9), (10) ve (11) yardımıyla hesaplanabilir.

$$RMS = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |t_i - o_i|^2} \quad (9)$$

$$R^2 = 1 - \left(\frac{\sum_{i=1}^N (t_i - o_i)^2}{\sum_{i=1}^N (o_i)^2} \right) \quad (10)$$

$$MAPE = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \left| \frac{t_i - o_i}{o_i} \right| * 100 \quad (11)$$

burada t hedef değeri, o YSA'nın çıkış değerini ve N toplam örneklem sayısını göstermektedir [12].

ANFIS modelinde deneysel sonuçlarının 192 toplam verinin 120 âdeti modelin eğitimi için kullanılmışken 72 adet veri modelin testi kullanılmıştır. Eğitim ve test çalışmaları sonucunda elde edilen sonuçlar ile deneysel sonuçlar arasındaki dağılım grafiği Şekil 4'de verilmiştir. Ayrıca bu şekiller üzerinde Denklem 9, 10 ve 11'dan elde edilen istatistiksel sonuçlar görülmektedir. Test verileri istatistiksel karşılaştırma sonuçlarına bakıldığında dağılım grafiği verileri arasında yüksek bir ilişkinin olduğu görülmektedir ($R^2_{test}=0,9993$). Ayrıca veriler arasındaki hata oranının da hem eğitim hem de test grupları arasında çok düşük hatanın bulunduğu görülmektedir.

ANFIS modelinin testi için kullanılan 72 adet verinin deneysel sonuçları ile modelden elde edilen sonuçların zaman karşı ortalama hücre sayıları Şekil 5'de verilmiştir. Şekil 5'de test verilerinin ortalama hücre sayısı ve ortalama deneysel sonuçlarının zamana göre değişimleri arasındaki benzerlik grafik üzerinde de görülmektedir.

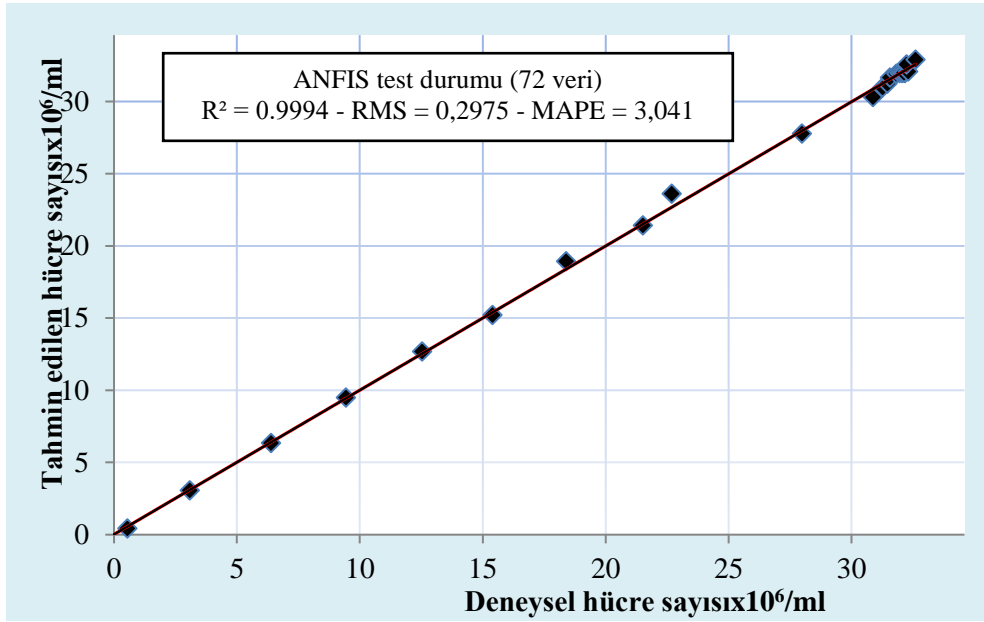
4. Sonuçlar

Çalışmamız sonucunda ortaya koyduğumuz ANFIS modeli sonuçları *Saccharomyces cerevisiae* üreme eğrisinin belirlenmesinde başarılı bir şekilde kullanılabileceğini göstermiştir. Kullanılan uzman sistemler önceden ortaya konulan matematiksel modeller kadar tahminde başarılı bir şekilde kullanılabilir. Uzman sistemlerden biri olan ANFIS matematiksel modellerden daha hızlı bir şekilde de kullanım ortaya koymaktadır ve sonuçlar daha doğruluğa sahiptir.

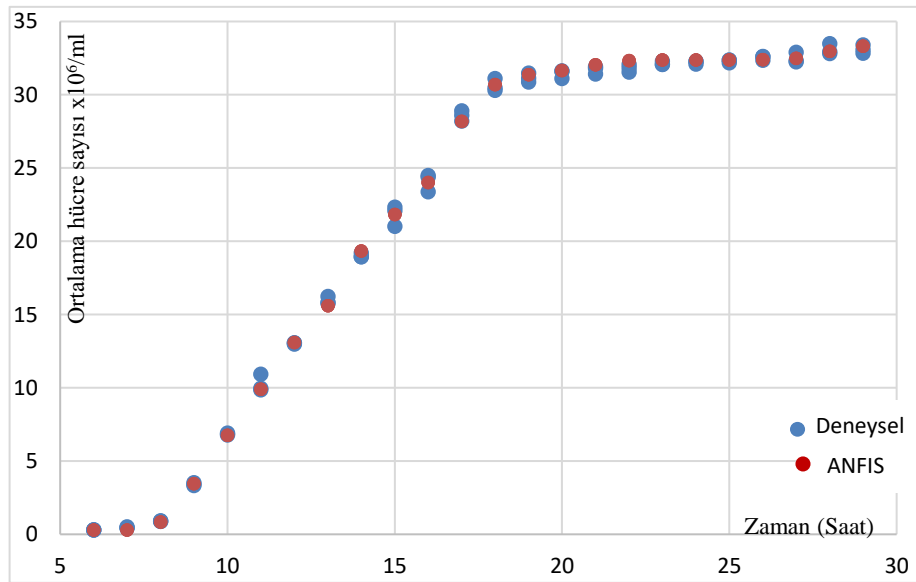
Yapmış olduğumuz deneysel çalışmalar, model çalışmamızın sınırlamalarını ortaya koymaktadır. Çalışmamız tek bir üreme sıcaklığında, tek pH değerinde ve belirli bir başlangıç hücre sayısındaki durumlarda deneysel çalışmalar yapılmıştır. Bundan sonra yapılacak çalışmalarda yukarıdaki

sınırlamalar daha da genişletilerek model oluşturmada kullanılan veri havuzumuz zenginleştirilerek modelin çalışma yelpazesi genişletilebilir.

Ayrıca *Saccharomyces cerevisiae* maya hücresinin üreme eğrisinin belirlenmesinin yanında büyüme döngüsü ve büyüme fazlarının da ANFIS ile tahmini konusunda çalışmalarında planlanmasının bu alanda değerli katkılarına olacağını düşünmekteyiz. Tabiki diğer uzman sistemlerde bu alanda kullanım imkanı bulabilecektir.



Şekil 4. Geliştirilen modelinin test durumu için gerçek ve tahmin sonuçlarının karşılaştırılması



Şekil 5. Deneyel ve ANFIS test değerlendirme sonuçlarının zamanla değişimi

Teşekkür

Çalışmada kullanmış olduğumuz veriler Yüksek Lisans tezim kapsamında elde edilmiştir. Yüksek Lisans çalışmamda katkılarından dolayı danışman hocam Prof.Dr. Hamza ESEN'e teşekkür ederim.

Kaynaklar

- [1] Gulbandilar E. Puslu Elektromayetik alanın *Saccharomyces cerevisiae* mayasının üremesi üzerine etkisi. Osmangazi Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, 1996, s.10-11.
- [2] https://en.wikipedia.org/wiki/Saccharomyces_cerevisiae.
- [3] Gulbandilar E. Effects of pulsing electromagnetic field on the growth of *saccharomyces cerevisiae*. Dumlupınar Üniversitesi en Bilimleri Enstitüsü Dergisi 2005, 9, 55-64.
- [4] Simon L. ve Kariml M. N. Probabilistic neural networks using Bayesian decision strategies and a modified Gompertz model for growth phase classification in the batch culture of *Bacillus subtilis*. *Biochemical Engineering Journal* 2001, 7, 41–48.
- [5] Garcia-Gimeno R. M., Hervas-Martinez C. ve Siloniz M. I. Improving artificial neural networks with a pruning methodology and genetic algorithms for their application in microbial growth prediction in food. *International Journal of Food Microbiology* 2002, 72, 19-30.
- [6] Hajmeera M. ve Basheer, I. A probabilistic neural network approach for modeling and classification of bacterial growth/no-growth data. *Journal of Microbiological Methods* 2002, 51, 217–226.
- [7] Jeyamkondan S, Jayas D.S, ve Holley R.A. Microbial growth modelling with artificial neural networks. *International Journal of Food Microbiology* 2001, 64, 343–354.
- [8] Garcia-Gimeno R. M., Hervas-Martinez C. ve de Siloniz M. I. Improving artificial neural networks with a pruning methodology and genetic algorithms for their application in microbial growth prediction in food. *International Journal of Food Microbiology* 2002, 72, 19–30.
- [9] Hajmeer M.N., Basheer L.A. Marsden J.L., ve Fung D.Y.C. New Approach for Modeling Generalized Microbial Growth Curves Using Artificial Neural Networks. *Journal of Rapid Methods and Automation in Microbiology* 2000, 8, 265-283.
- [10] Jang J–SR. Input selection for ANFIS learning, *Fuzzy Systems. Proceedings of the Fifth IEEE International Conference*, V012: s. 1493 –1499, 1996.
- [11] Aali KA, Parsinejad M, Rahmani B. Estimation of saturation percentage of soil using multiple regression, ANN, and ANFIS techniques *Comput. Inform. Sci.* 2009, 2(3), 127–136.
- [12] Ozcan F, Atis CD, Karahan O, Uncuoglu E, ve Tanyildizi H. Comparison of artificial neural network and fuzzy logic models for prediction of long–term compressive strength of silica fume concrete. *Advances in Engineering Software* 2009, 40, 856–863.