

UMA ESTRATÉGIA DE *RANKING* BASEADA EM DIVERSIDADE EM ALGORITMOS GENÉTICOS

Marcus V. Oliveira¹, Alan R. R. Freitas², Frederico G. Guimarães³

¹ Programa de Pós-Graduação em Matemática
Universidade Federal de Minas Gerais

² Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica
Universidade Federal de Minas Gerais

³ Departamento de Engenharia Elétrica
Universidade Federal de Minas Gerais
Av. Antônio Carlos 6627, 31270-901, Belo Horizonte, MG, Brasil

marcusoliveira@ufmg.br, alandefreitas@gmail.com, fredericoguimaraes@ufmg.br

Resumo. *Este trabalho apresenta uma metodologia para promoção de diversidade em Algoritmos Genéticos através de ranking baseado em diversidade e qualidade das soluções. Esta estratégia pode evitar a convergência prematura, um dos principais problemas dos algoritmos genéticos que pode conduzir a ótimos locais não suficientemente bons. São apresentados os conceitos de implementação e resultados de experimentos com problemas multimodais. A solução apresentada trata o problema da perda de diversidade de forma intrínseca não através da manutenção de populações diversas, mas fornecendo condições estatísticas favoráveis à participação de indivíduos diversos que seriam menos aptos nos processos genéticos por ter baixa aptidão.*

PALAVRAS-CHAVE: *Algoritmos Genéticos, Computação Evolucionária, Escalonamento de Soluções*

Abstract. *This paper presents a methodology to promote diversity in Genetic Algorithms by scaling the population fitness according to the diversity and quality of solutions. The proposed strategy is meant to avoid premature convergence, which is one of the main problems in Genetic Algorithms as it may lead to the convergence towards non satisfactory local minima. We present implementation details and experiments on the method application for multimodal problems. Our solution addresses the loss of diversity in an intrinsic manner, not by keeping diverse solutions but by providing conditions for the participation of less fit diverse individuals in the genetic processes.*

KEYWORDS: *Genetic Algorithms, Evolutionary Computation, Diversity*

1 INTRODUÇÃO

Pela definição de Goldberg (1989), Algoritmos Genéticos, AGs, são técnicas de busca baseadas em Genética e Evolução. As variáveis do problema são analisadas como cromossomos e são submetidas a operadores que correspondem em analogia aos processos biológicos de cruzamento, mutação, sendo os portadores desses cromossomos, os indivíduos, submetidos à seleção natural. Conceitos como a sobrevivência e reprodução de seres mais aptos são adaptadas à modelagem do problema, de forma que um conjunto de pontos pertencente ao conjunto viável, comumente denominado população, evolui, melhorando suas características no que se refere à avaliação da função objetivo.

Existem diferentes implementações de AGs, cada uma apresentando características de seleção de indivíduos para a reprodução, eliminação dos menos aptos, quantidade de indivíduos substituídos entre duas gerações e diferentes formas de implementação dos operadores genéticos. É invariante, porém, que o valor da função objetivo em cada membro da população seja um critério altamente relevante no processo de seleção e por vezes o critério principal dessa, atribuindo maior probabilidade de seleção ao indivíduo que apresenta melhor valor da função objetivo. No entanto, essa técnica pode conduzir a uma rápida perda de diversidade, e conseqüentemente à convergência prematura do algoritmo para um ótimo local, problema descrito na seção 2, impedindo a exploração de potenciais soluções de maior qualidade pelos algoritmos genéticos.

A técnica de escalonamento por *ranking* como a descrita em Gupta (2009) aplicada a funções multimodais, pode fazer com que a população fique aprisionada na bacia de um ótimo local, não atingindo o ótimo global. Este trabalho apresenta uma nova metodologia de escalonamento *ranking* para evitar este problema, cuja ideia central está descrita na seção 3. É bastante comum associar a tarefa de evitar a convergência prematura de AGs à manutenção de populações diversas ao longo da execução do algoritmo. Neste trabalho será apresentada uma metodologia alternativa, que reduz a probabilidade de convergência prematura. A técnica proposta promove diversidade na medida em que aumenta consideravelmente a probabilidade de que indivíduos menos aptos eventualmente próximos do ótimo local possam participar das operações genéticas. Os detalhes da implementação do método para problemas em codificação binária e real são apresentados na seção 4.

A Seção 2 apresenta o problema a ser tratado, comentários sobre as técnicas clássicas de seleção e a questão da diversidade em AGs. Na Seção 3 são apresentadas as ideias centrais da metodologia utilizada na implementação do algoritmo, bem como suas diferenças das técnicas tradicionais. A Seção 4 contempla os detalhes de implementação do método, os passos necessários para sua utilização tanto em problemas com codificação real quanto codificação binária. A Seção 5 apresenta os resultados obtidos através de testes do método em problemas relevantes, a Seção 6 apresenta trabalhos relacionados ao tema, bem como sua conexão com o método proposto e comparações com resultados presentes na literatura. A Seção 7 apresenta as conclusões finais do trabalho.

As principais contribuições deste trabalho são:

1. Apresentação de uma técnica de *ranking* baseada em diversidade de fácil implementação e sem alteração na quantidade de avaliações da função objetivo em relação à metodologia de escalonamento *ranking* tradicional;
2. Avaliação do impacto da técnica proposta em problemas com codificação binária e real e suas diferentes aplicações na seção 5;

3. Proposição de metodologia básica para a implementação da técnica, denominada neste trabalho de *Ranking com diversidade* na seção 4.

2 DIVERSIDADE EM ALGORITMOS GENÉTICOS

O objetivo de um AG é a convergência para um ótimo global, embora possa ser grande a quantidade de ótimos locais de funções multimodais. Frequentemente, no entanto, os algoritmos ficam aprisionados a soluções subótimas, o que ocorre mais à medida em que a diversidade genética dentro da população diminui, sendo necessário que o algoritmo contenha algum método capaz de restaurar a diversidade da população ao longo de sua execução. Mesmo sem pressão seletiva alguma, os indivíduos tendem a se concentrar em algum ponto devido ao processo de deriva genética (Freitas (2011)). Deve-se ressaltar, no entanto, que a tendência natural do AG em perder diversidade é intrínseca, uma vez que o processo de deriva genética força o aumento de ocorrência de alguns valores de gene em detrimento de outros. O AG deve garantir, porém, que o espaço de soluções seja explorado de forma bastante uniforme antes da redução da diversidade, de forma que um indivíduo que não apresente boa aptidão não seja imediatamente aniquilado, uma vez que esse pode carregar características importantes para a obtenção do ótimo global não presentes em outros indivíduos da população.

Trata-se de um problema relevante, na medida em que a existência de funções multimodais é bastante comum num contexto aplicado. Neste trabalho os problemas tratados são funções não lineares clássicas como a função *Rastrigin* e o Problema da Mochila, sendo a primeira uma função multimodal de difícil resolução através de AGs, e o segundo um problema combinatório bastante difundido na literatura. As funções de teste correspondem a situações complicadas em termos de convergência, de forma que o bom desempenho da técnica para estes problemas subsidie de forma confiável a validade do método para aplicações nos mais diversos problemas. Algumas técnicas de controle e medida de diversidade são apresentadas em Mattiussi (2004).

3 ESCALONAMENTO *RANKING* BASEADO EM DIVERSIDADE

Métodos de controle de diversidade em AGs são bastante difundidos na literatura atual, alguns dos quais apresentados em trabalhos como (Gustafson (2004)), e o conhecido método dos Imigrantes aleatórios, apresentado por Cobb (1993), em que em cada geração alguns indivíduos são selecionados aleatoriamente, além daqueles selecionados de forma sistemática, para compor a nova geração, de modo a manter uma certa diversidade. No entanto o objetivo do método proposto neste trabalho não é guiado por uma medida de diversidade, mas sim permitir que indivíduos diversos com menor aptidão tenham maior chance de participar dos processos reprodutivos.

Dessa forma, será utilizada uma metodologia de escalonamento *ranking* modificada, evitando que vários indivíduos presentes na bacia de um ótimo local sejam redundantemente bem avaliados, gerando indivíduos exclusivamente presentes na mesma bacia, o que pode fazer com que ocorra convergência em uma bacia já explorada. A Figura 1 apresenta o esquema de funcionamento da técnica para uma população de oito indivíduos.

O escalonamento de *ranking* tradicional é utilizado para classificar os indivíduos de acordo com a avaliação de sua função objetivo em forma de *ranking*, evitando a formação de super indivíduos como apresentado em Gustafson (2004). No entanto, é possível separar os indivíduos segundo uma relação de equivalência em que o indivíduo x_i é equivalente



Figura 1. Esquema do funcionamento do ranking com diversidade

a x_j se e somente se $\|x_i - x_j\| < \epsilon$ para algum $\epsilon > 0$ especificado. Deve-se ressaltar, porém, que é possível definir outras formas de identificação de diversidade entre indivíduos, sendo a descrita a utilizada neste trabalho. Uma vez que os indivíduos são muito próximos no espaço de soluções, os filhos gerados pelo cruzamento de ambos não favoreceriam a diversidade do algoritmo, e os filhos substituiriam indivíduos menos aptos mas que por estarem em outras bacias, poderiam ser mais úteis na exploração de soluções.

Utilizando-se uma relação de equivalência definida, divide-se o espaço de busca em regiões de modo que indivíduos muito próximos sejam considerados pertencentes à mesma região. Uma vez determinada a região a que pertence cada indivíduo, o procedimento é atribuir a melhor posição no *ranking*, e conseqüentemente a maior probabilidade de reprodução, ao indivíduo mais apto da população. A segunda posição no *ranking* é atribuída ao melhor indivíduo dentre os restantes que não estejam na mesma região do primeiro indivíduo selecionado. O terceiro indivíduo será o mais apto dentre aqueles não pertencentes às regiões dos indivíduos já escolhidos. Esse procedimento continua até que o número de regiões seja atingido, quando então o procedimento recomeça.

Tendo sido determinada qual é a posição no *ranking* de cada indivíduo, procede-se à escolha daqueles que participarão da etapa de reprodução e poderão então passar suas características aos descendentes. Deve-se ressaltar que uma vez que esse procedimento seja realizado desde a população inicial do AG, há uma tendência de que mesmo os indivíduos menos aptos tenham uma probabilidade considerável de passar suas características para indivíduos integrantes da próxima geração, caso estejam em regiões distintas, o que tende a gerar diversidade na população. Por exemplo, o indivíduo que anteriormente ocupava a posição 3 no *ranking* da Figura 1, após o escalamento ocupará a posição 6, a terceira com maior probabilidade de reprodução. É importante ressaltar que o indivíduo com maior probabilidade de reprodução continua ocupando sempre a melhor posição no *ranking*. Uma vez que caso os indivíduos pouco aptos que obtiveram melhores posições no *ranking* realmente pertençam a uma região pouco promissora em termos de ótimo global, eles com grande probabilidade serão eventualmente eliminados. Como as populações evoluem em cada iteração, já que os indivíduos menos aptos são substituídos por outros gerados por pais melhor posicionados no *ranking*, a convergência não será comprometida e a diversidade favorecida.

4 METODOLOGIA

Nesta seção serão apresentados os detalhes mais relevantes da implementação do método e os resultados de testes realizados com funções multimodais para codificação real e binária.

4.1 Implementação do Algoritmo

Um ponto importante da implementação do algoritmo é a determinação das regiões. Como foi mencionado, dois indivíduos estarão na mesma região se estiverem suficientemente próximos. Ocorre que essa relação não é uma relação de equivalência, por não ser transitiva. Um contraexemplo seria um conjunto de pontos $(x_j)_{j \in \mathbb{N}}$, tais que $\|x_i - x_{i+1}\| = \frac{\epsilon}{2}$, em que ϵ seria a distância limite para que dois pontos estejam na mesma região. Dessa forma, $\|x_i - x_{i+n}\| = \frac{n\epsilon}{2}$, e por transitividade teríamos um ponto suficientemente distante de x_i na mesma região de x_i . Dessa forma a relação definida não é transitiva, i.e., não vale a propriedade de que se x_i é equivalente a x_j e x_j é equivalente a x_k então x_i é equivalente a x_k .

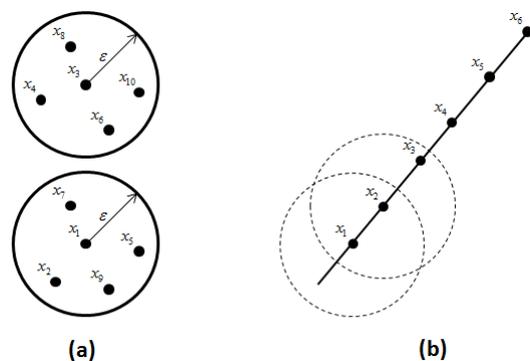


Figura 2. (a) Definição do centro da região. (b) Demonstração do fato de que a relação definida não é uma relação transitiva

A Figura 2(b) apresenta o caso descrito, em que a relação definida não é transitiva. Uma implementação possível que torna a relação transitiva é definir apenas o melhor elemento como centro da região. Como cada população é um conjunto finito de indivíduos indexados por índices $i \in \mathbb{N}$, considere o indivíduo x_1 , a região Ψ_1 é definida por $\Psi_1 = \{x \in \mathbb{R}^n; \|x - x_1\| < \epsilon\}$, ou seja Ψ_1 é a círculo aberto de centro x_1 e raio ϵ . O Algoritmo 1 apresenta a implementação utilizada para a determinação das regiões de cada indivíduo. O parâmetro ϵ foi escolhido como 1×10^{-3} neste trabalho para a codificação real e igual a 1 para codificação binária, o que significa que dois indivíduos não serão equivalentes se diferirem por mais de um bit.

O Algoritmo 2 apresenta o pseudocódigo utilizado para implementar a metodologia de *ranking* com diversidade, de acordo com a idéia proposta.

Foram implementadas duas versões de AG, com codificação real e binária. Para a codificação real foram utilizadas as técnicas de cruzamento real polarizado e mutação gaussiana como descrito em Davis (1990). Já para a codificação binária foi utilizada a técnica de cruzamento com dois pontos de corte e mutação do tipo *bit-flip*. A técnica de substituição empregada consiste em formar a nova geração através dos filhos da geração anterior utilizando como técnica de seleção a mesma regra utilizada para a seleção dos indivíduos para reprodução, mantendo-se os demais. O critério de parada utilizado foi o critério de pequena variação dos valores de aptidão, que no presente trabalho significa uma variação de 10^{-5} .

Algoritmo 1: Algoritmo para dividir os indivíduos em regiões

```

início
  Regioes  $\leftarrow$  zeros;
  Regioes(1)  $\leftarrow$  1;
  CentroRegioes(1)  $\leftarrow$   $x_1$ ;
  para  $i = 2 \rightarrow$  tamanho da população faça
    para  $j = 1 \rightarrow$  tamanho de CentroRegioes faça
      se  $\|x_i - \text{Centro}_{\text{Regioes}}(j)\| < \epsilon$  então
        Regioes( $i$ )  $\leftarrow$   $j$ ;
        sai do loop;
      fim
    fim
    se Regioes( $i$ ) = 0 então
      Regioes( $i$ )  $\leftarrow$   $\max(\text{Regioes}) + 1$ ;
    fim
  fim
fim

```

Algoritmo 2: Algoritmo de Ranking com diversidade

```

início
  aptidao  $\leftarrow$  Populacao.aptidao;
  bacias  $\leftarrow$  Populacao.bacias;
  [aptidaoord, indice]  $\leftarrow$  ordena(aptidao);
  para  $i = 1 \rightarrow$  lengthaptidao faça
    baciaord( $i$ )  $\leftarrow$  bacias(indiceord( $i$ ));
  fim
  Rank(indice(1))  $\leftarrow$  tamanho(aptidao);
  prox  $\leftarrow$  tamanho(aptidao) - 1;
  baciasaux = baciasordenadas;
  enquanto prox  $\neq$  0 faça
    baciasordenadas  $\leftarrow$  baciasaux;
    baciasaux(1)  $\leftarrow$  0;
    para  $i = 2 \rightarrow$  tamanho(aptidao) faça
      se isempty(find(baciasordenadas(1 :  $i - 1$ ) = baciasordenadas( $i$ )))
        então
          Rank(indice( $i$ ))  $\leftarrow$  prox;
          baciasaux( $i$ )  $\leftarrow$  0;
          prox  $\leftarrow$  prox - 1;
      fim
    fim
  fim
fim

```

5 Resultados

Nesta seção serão apresentados os resultados obtidos para testes na função Rastrigin em dimensão 2, definida em \mathbb{R}^2 para versão real e para o Problema da Mochila para versão

binária. A função Rastrigin é multimodal com alta densidade de mínimos e apenas um mínimo global. A Figura 3 apresenta as curvas de nível da função Rastrigin, definida pela Equação 1.

$$f(x) = An + \sum_{i=1}^n [x_i^2 - A \cos(2\pi x_i)] \tag{1}$$

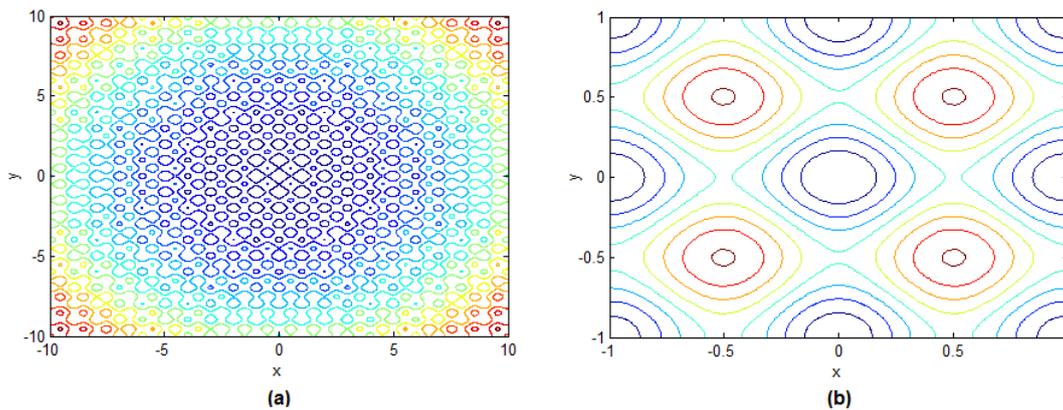


Figura 3. (a) Curvas de nível da função Rastrigin. (b) Detalhe das curvas de nível da função Rastrigin

Os resultados apresentados na tabela 1 foram obtidos através da implementação realizada para a função Rastrigin de dimensão 2 considerando os limites inferiores e superiores para indivíduos como $X_{min} = [-10; -10]$ e $X_{max} = [10; 10]$, respectivamente. Foram realizados 20 testes dos algoritmos implementados com escalonamento *ranking* e escalonamento *ranking* baseado em diversidade. Verifica-se que a metodologia de *ranking* com diversidade proposta apresentou melhor desempenho em relação à taxa de acerto do mínimo global. Não foi verificada divergência do método, sendo que o percentual em que ocorreu convergência para o mínimo global foi bastante elevado. Reduzindo o espaço de busca para $X_{min} = [-1; -1]$ e $X_{max} = [1; 1]$ ambos os métodos apresentaram convergência para o mínimo global, sendo que o algoritmo implementado com a metodologia de *ranking* proposta apresentou convergência mais rápida, como pode ser verificado na Figura 4.

Comportamento	<i>Ranking</i> com diversidade	<i>Ranking</i> convencional
Acerta o mínimo global	17 (85%)	4 (20%)
Acerta mínimo local	3 (15%)	2 (10%)
Diverge	0 (0%)	14 (70%)
Total	20 (100%)	20 (100%)

Tabela 1. Resultados para a Função rastrigin de dimensão 2 com $X_{min} = [-10; -10]$ e $X_{max} = [10; 10]$

Como todo método de escalonamento, não houve diferença em relação ao número de avaliações da função objetivo entre o *ranking* convencional e o *ranking* baseado em

diversidade proposto, na medida em que determinar a configuração do *ranking* convencional em uma população requer a avaliação da função objetivo em todos os indivíduos que a compõe, mesma informação necessária para determinar o *ranking* com diversidade. A rotina de determinação de regiões não envolve a avaliação da função objetivo, apenas a configuração dos indivíduos no espaço de busca. Em problemas não lineares, é comum utilizar o número de avaliações da função objetivo como medida de custo computacional de uma rotina.

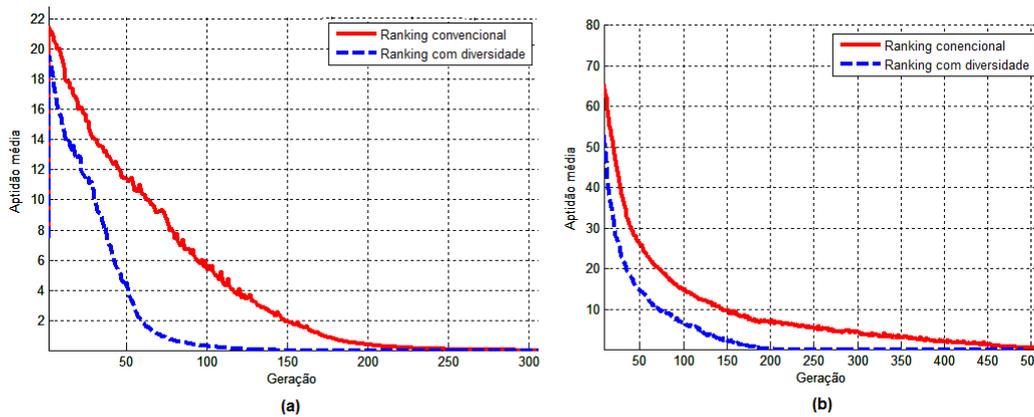


Figura 4. Melhor dos valores de função objetivo avaliadas até a população corrente para metodologia de *Ranking* convencional e *Ranking* com diversidade para função Rastrigin com (a) $X_{min} = [-1; -1]$, $X_{max} = [1; 1]$ e (b) $X_{min} = [-10; -10]$ e $X_{max} = [10; 10]$

Uma medida tradicional de diversidade pela aptidão é dada pela Equação (2), que representa o desvio absoluto médio entre as avaliações da função objetivo da população com relação à média dessas avaliações.

$$d = \frac{\sum_{i=1}^N |f(x_i) - f_{med}|}{N} \tag{2}$$

O trabalho de Mattiussi (2004) apresenta técnicas de medida de diversidade baseadas na distância entre os indivíduos da população, mais adequadas neste contexto do que (2). Deve-se ressaltar que a medida de diversidade definida pela Equação (2) considera apenas a diferença entre os valores de aptidão da população e não a diversidade efetiva em relação ao genótipo, que configura o foco do método proposto.

A Figura 5 apresenta a distância média entre os indivíduos da população. Verifica-se que a utilização do algoritmo mantém a diversidade da população durante a execução do algoritmo. Para os testes apresentados na figura 1 considerou-se uma população de 100 indivíduos, sendo que em cada iteração 20 % da população foi substituída por descendentes dessa geração, de forma a manter constante a população durante toda a execução do algoritmo.

Um problema importante da área de Otimização Inteira é o Problema da Mochila. Esse problema tem diversas versões, sendo uma comumente denominada Problema da Mochila multidimensional, que é formulado pela Equação 3.

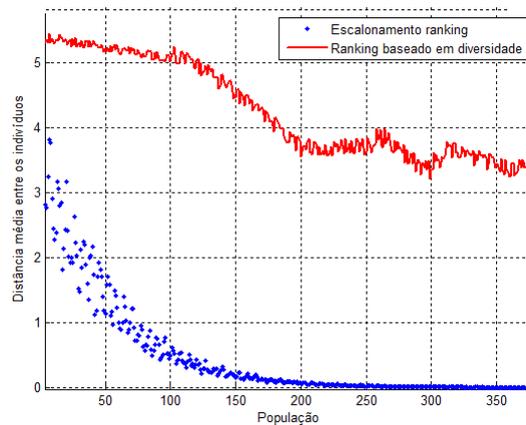


Figura 5. Distância média entre os indivíduos da população

$$\max \sum_{i=1}^N C_i x_i, x_i \in [0, M] \cap \mathbb{Z}; \text{ s.a. : } \sum_{i=1}^N D_{ji} x_i \leq b_j \quad (3)$$

Uma interpretação prática do problema é a seguinte: Maximizar a soma dos valores de um subconjunto do conjunto $\Delta = \{p_i; i = 1, 2, \dots, N\}$ em que o produto p_i tem valor C_i e volume D_i . Uma possível restrição é que o volume total do compartimento disponível para armazenar esses produtos seja igual a b . É possível definir outras restrições, mas neste trabalho será utilizado o problema com apenas uma restrição. As restrições podem ser modeladas como penalidades na função objetivo, ou seja $f(x) = \sum_{i=1}^N C_i x_i$ se as restrições

forem satisfeitas e $f(x) = \sum_{i=1}^N C_i x_i - \text{penalidade}$, em que $\text{penalidade} = 4,5036 \times 10^{15}$, de modo que indivíduos que não atendam às restrições sejam altamente penalizados, sendo substituídos na próxima geração.

A aplicação da metodologia de *ranking* com diversidade para problemas de baixa dimensão faz com que a classificação dos indivíduos em regiões através da diferença por apenas um bit possa não ser adequada, uma vez que os indivíduos podem ser muito diferentes em termos de aptidão, mesmo quando diferindo apenas por um bit em casos em que a quantidade de bits é pequena, diferença que tende a diminuir à medida em que aumenta a dimensão do problema. Dessa forma, o desempenho do algoritmo implementado com a metodologia de *ranking* com diversidade é mais adequada para problemas de dimensão elevada. Foram realizados testes para $N = 5$ e $N = 10$ e em ambas as situações o algoritmo com *ranking* tradicional apresentou melhor desempenho em relação ao valor da função objetivo, enquanto para $N = 20$ a metodologia de *ranking* proposta resultou em um melhor desempenho, como pode ser verificado na Figura 6.

O máximo global do problema teste foi verificado através de cálculo exaustivo (avaliando a função objetivo em cada uma das possibilidades). Isso confirmou que o resultado obtido pelo algoritmo implementado com a metodologia proposta é de fato o máximo global, já o máximo obtido pelo algoritmo implementado com a metodologia de *ranking* tradicional é um máximo local em todas as execuções realizadas. Os resultados dos testes

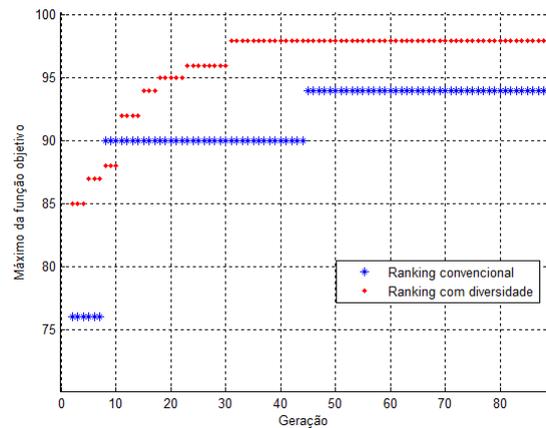


Figura 6. Máximo dos valores da função objetivo sobre as populações para multi-knapsack problem com 20 elementos e máximo de 4 exemplares de cada elemento, com uma restrição do tipo capacidade total disponível

realizados para o Problema da Mochila estão apresentados na tabela 2 e indicam o melhor desempenho do algoritmo utilizando a metodologia de *ranking* apresentada, que obteve o máximo global em todas as situações.

Comportamento	<i>Ranking</i> convencional	<i>Ranking</i> com diversidade
<i>Acerta o máximo global</i>	2 (20%)	10 (100%)
<i>Acerta máximo local</i>	8 (80%)	0 (0%)
<i>Diverge</i>	0 (0%)	0 (0%)
<i>Total</i>	10 (100%)	10 (100%)

Tabela 2. Resultados para o Problema da Mochila de dimensão 20

Considerando-se as execuções que obtiveram o ótimo global, a quantidade de avaliações da função objetivo é muito próxima para ambos os métodos, com uma pequena vantagem para o algoritmo utilizando a técnica de escalonamento *ranking* convencional. Deve-se considerar, no entanto que a metodologia de *ranking* tradicional apresenta uma dificuldade inerente no processo de convergência, dado que, por vezes ocorre a inserção de um indivíduo menos apto na população e em poucas iterações esse é excluído da população por não pertencer, de fato, a uma região de interesse para o problema de otimização.

Função de teste	<i>Ranking</i> com diversidade	<i>Ranking</i> convencional
<i>Rastrigin</i>	946,2	742,1
<i>Problema da Mochila</i>	252,8	196,6

Tabela 3. Comparações em termos de número necessário de avaliações da função objetivo até a convergência, quando o resultado foi o ótimo global

6 TRABALHOS RELACIONADOS

A metodologia apresentada por Mattiussi (2004) de medida de diversidade é mais adequada ao algoritmo implementado, uma vez que trata da distância entre os indivíduos da população, diferentemente da Equação (2), medida tradicional de diversidade.

O trabalho de Hutter (2002) apresenta uma estratégia de promoção de diversidade afim a este trabalho. A ideia proposta por este autor considera o sorteio uniforme de um valor entre os valores mínimo e máximo da aptidão na população corrente, sendo escolhido o indivíduo que apresenta a aptidão mais próxima do valor sorteado. Esta estratégia pode ainda ser utilizada com escalonamento *ranking* tradicional. No presente trabalho a ideia é bastante similar, mas deve-se considerar que há uma polarização em relação aos indivíduos melhor posicionados no *ranking* tradicional, sobretudo pela definição do primeiro elemento do *ranking* com diversidade como sendo o indivíduo mais apto da população corrente.

Embora as ideias sejam próximas, o trabalho de Hutter (2002) segue com maior veemência a metodologia de manutenção de populações que apresentem valores de aptidão diversos ao longo das populações, justamente pelo fato de que se utiliza uma distribuição uniforme entre o máximo e o mínimo de aptidão na população corrente, sem polarização para os indivíduos mais aptos. Deve-se considerar, porém que o presente trabalho, a obtenção da distribuição de probabilidades entre os indivíduos da população corrente não é tão simples como uma distribuição uniforme, pois depende fortemente da configuração do espaço de busca em cada geração.

O trabalho de Hutter (2002) contribuiu significativamente para a realização deste trabalho e interpretação dos resultados obtidos dos algoritmos implementados, na medida em que a estratégia para evitar a convergência prematura do algoritmo tem as mesmas características, embora implementadas de forma diferente.

7 CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS

Conclui-se que a seleção utilizando a metodologia de *ranking* proposta apresentou bom desempenho na solução de problemas multimodais, tanto para codificação real quanto binária. Houve uma grande melhoria no desempenho do algoritmo considerando o problema da convergência prematura, em comparação com a técnica de escalonamento *ranking* tradicional, sem a necessidade de uma quantidade maior de avaliações da função objetivo, considerada neste trabalho a medida de eficiência computacional do método. A metodologia de medida de diversidade por aptidão não se enquadra adequadamente à análise de eficiência desta técnica, uma vez que a convergência prematura é evitada não através da manutenção de populações que apresentem níveis de diversidade elevados no sentido apresentado na literatura, como simples variação de aptidão, mas de forma intrínseca, **como variações genotípicas**, possibilitando que indivíduos **mais diversos** tenham mais possibilidade de participar das operações genéticas, sem contudo prejudicar a convergência do algoritmo.

Um trabalho futuro interessante consiste em acelerar o processo de convergência quando as soluções já estiverem enclausuradas em uma bacia, uma vez que nessa situação a perda de diversidade é inevitável, sendo necessária para satisfazer os critérios de convergência do AG. Desse modo, será possível obter o ótimo global com mais precisão, sem perder o objetivo central deste trabalho, o aumento da diversidade do algoritmo. Uma vez que as soluções estejam em uma bacia obtida pela aplicação de sucessivas iterações do AG utilizando *ranking* com diversidade, acelerar a convergência na etapa final pode conduzir a uma melhor aproximação do ótimo global. Também pode ser interessante considerar uma variação no tamanho da população ao longo da execução do algoritmo, assim como outros parâmetros, valor que neste trabalho foi mantido constante, como estratégia para acelerar a convergência no estágio final do algoritmo. Outros trabalhos relevantes seriam

a análise mais aprofundada da complexidade dos algoritmo e potencialidades, testes com funções de maior dimensão e análise da própria diversidade através das gerações além da análise do *fitness*.

AGRADECIMENTOS

O presente trabalho foi realizado com o apoio financeiro da CAPES - Brasil.

Referências

- Cobb, H. G. (1993). Genetic algorithms for tracking changing environments. In *Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms*, pages 523–530. Morgan Kaufmann.
- Davis, L. (1990). *Handbook of Genetic Algorithms*. VNR Comp. Library.
- Freitas, A. and Guimarães, F. (2011). Originality and diversity in the artificial evolution of melodies. In *Proceedings of the 13th annual conference on Genetic and evolutionary computation*, pages 419–426. ACM.
- Goldberg, D. (1989). *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. Addison-Wesley.
- Gupta, S. (2009). Relative fitness scaling for improving efficiency of proportionate selection in genetic algorithms. In *Proceedings of the 11th Annual Conference Companion on Genetic and Evolutionary Computation Conference: Late Breaking Papers*, GECCO '09, pages 2741–2744, New York, NY, USA. ACM.
- Gustafson, S. M. (2004). *An Analysis of Diversity in Genetic Programming*. PhD thesis, University of Nottingham.
- Hutter, M. (2002). Fitness uniform selection to preserve genetic diversity. In *Evolutionary Computation, 2002. CEC '02. Proceedings of the 2002 Congress on*, volume 1, pages 783–788.
- Mattiussi, C., Waibel, M., and Floreano, D. (2004). Measures of diversity for populations and distances between individuals with highly reorganizable genomes. *Evol. Comput.*, 12(4):495–515.