



UM MODELO HÍBRIDO DE DISTRIBUIÇÃO POPULACIONAL PARA O ALGORITMO DE EVOLUÇÃO DIFERENCIAL

Rodolfo Ayala Lopes

Universidade Federal de Ouro Preto
Ouro Preto, Minas Gerais - Brasil
rodolfo.ufop@gmail.com

Alan Robert Resende Freitas

Universidade Federal de Ouro Preto
Ouro Preto, Minas Gerais - Brasil
alandefreitas@iceb.ufop.br

RESUMO

O Modelo Celular em Ilhas é uma importante abordagem híbrida de distribuição populacional para Algoritmos Evolutivos. Esta abordagem híbrida combina os modelos em ilhas e celulares em duas camadas hierárquicas e é uma eficiente maneira de implementar Algoritmos Evolutivos. Além de melhorar a capacidade de exploração do espaço de busca, o Modelo Celular em Ilhas promove aos Algoritmos Evolutivos alta escalabilidade e tolerância a falha. Embora o algoritmo de Evolução Diferencial tenha se mostrado um eficiente método de otimização, o aumento do tamanho e complexidade do problemas de otimização vem impondo novos desafios aos métodos evolutivos. Desta forma, este artigo propõe a implementação de um Modelo Celular em Ilhas para o algoritmo de Evolução Diferencial e avaliação do seu desempenho. Os resultados experimentais sobre um conjunto de problemas de otimização em larga escala demonstram melhora significativa do desempenho do algoritmo de Evolução Diferencial implementando o Modelo Celular em Ilhas. Os resultados também demonstram um compromisso entre encontrar boas soluções e convergir rapidamente para as diferentes configurações estudadas do Modelo Celular em Ilhas.

PALAVRAS CHAVE. Modelo Celular em Ilhas, Evolução Diferencial, Algoritmos Evolutivos.

ABSTRACT

The Island-Cellular Model is an important hybrid approach of population distribution for Evolutionary Algorithms. This hybrid approach combines the Island Model and Cellular Model in a two-layer hierarchical model. The Island-Cellular Model improves the exploration of the solution space and it also provides high scalability and fault-tolerance. Although the Differential Evolution algorithm has been shown to be an efficient optimization method, the increasing of number of decision variables and complexity of optimization problems have imposed new challenges to Differential Evolution. Thus, this paper proposes to implement the Island-Cellular Model using the Differential Evolution algorithm. It also proposes an experimental analysis on large-scale global optimization benchmark functions by investigating its performance. The results show that the Island-Cellular Model improves the Differential Evolution performance and that there is a trade-off between solution quality and convergence speed.

KEYWORDS. Island-Cellular Model, Differential Evolution, Evolutionary Algorithms.



1. Introdução

O Modelo Celular em Ilhas (ICM - Island-Cellular Model) é uma abordagem híbrida para implementação de Algoritmos Evolutivos (EAs - Evolutionary Algorithms) [Folino e Spezzano, 2006; Gong et al., 2015]. Os modelos híbridos de distribuição populacional são capazes de melhorar a escalabilidade e capacidade de resolução de problemas dos EAs [Folino e Spezzano, 2006]. Uma variedade de estudos já aplicaram com sucesso diversos modelos híbridos para diferentes EAs [Burczynski e Kus, 2004; Burczynski et al., 2004; Herrera et al., 1999; Lim et al., 2007]. Em especial, trabalhos relacionados sobre o ICM demonstraram seu bom desempenho aplicados à algoritmos de Programação Genética (GP - Genetic Programming) [Folino et al., 2008; Folino e Spezzano, 2006].

De uma forma genérica, o conceito da abordagem ICM é projetar uma hibridização dos modelos de distribuição populacional em *ilhas* e *celular*. Assim, esta abordagem de hibridização propõe o acomplamento dos modelos citados em camadas hierárquicas. A camada superior do ICM é composta pelo Modelo em Ilhas (IM - Island Model) [Cantú-Paz, 1998] onde sua principal função é dividir a população de soluções candidatas (também conhecidas como indivíduos) em subpopulações. No IM, as subpopulações são mantidas relativamente isoladas e são também chamadas de ilhas. Cada ilha do modelo evolui sua população de soluções de forma independente. Periodicamente, o processo de migração ocorre e soluções são trocadas entre as ilhas. Em relação a camada inferior do ICM, um Modelo Celular (CM - Cellular Model) [Cantú-Paz, 1998] é implementado para cada ilha do modelo. O CM propõe a distribuição espacial das soluções em uma grade de formato toroidal onde os indivíduos só podem se reproduzir com os seus vizinhos pré-definidos.

Embora os EAs tenham se mostrado poderosos métodos para resolução de problemas de otimização, o aumento do tamanho e complexidade destes problemas vem provocando novos desafios a esta área de pesquisa. Em resposta a estes novos desafios, modelos híbridos para distribuição populacional de EAs tem sido propostos. O sucesso do ICM se explica por sua facilidade de paralelização e exploração do espaço de buscas. Desta forma, os principais objetivos deste trabalho são a implementação do ICM para o algoritmo de Evolução Diferencial (DE - Differential Evolution) e a avaliação do seu desempenho. A escolha do método de otimização DE é devida ao seu bom desempenho, confiabilidade, simplicidade e facilidade de implementação [Weber et al., 2010].

Visando alcançar os objetivos desejados, este artigo apresenta uma análise experimental do desempenho do ICM. Para realização desta análise, versões do ICM utilizando o algoritmo de Evolução Diferencial foram implementadas. Experimentos computacionais foram conduzidos utilizando um conjunto de funções de otimização global em larga escala [Li et al., 2013]. Os resultados dos experimentos computacionais realizados demonstram que existe um compromisso entre alcançar rápida convergência e soluções de boa qualidade. Além disso, de uma forma geral, a abordagem ICM melhora significativamente o desempenho dos EAs.

O restante deste artigo está organizado da seguinte forma: a Seção 2 descreve o algoritmo de Evolução Diferencial e uma revisão do Modelo em Ilhas e Modelo Celular; a Seção 3 apresenta o Modelo em Ilhas Celular para o algoritmo de Evolução Diferencial; a Seção 4 descreve detalhes dos experimentos computacionais, testes estatísticos e os resultados alcançados utilizando o conjunto de funções de otimização global em larga escala; por fim, a Seção 5 apresenta as considerações finais deste estudo.

2. Revisão Bibliográfica

2.1. Algoritmo de Evolução Diferencial

Proposto por Storn e Price [1997], a Evolução Diferencial (DE - Differential Evolution) é um dos mais importantes Algoritmos Evolutivos (EAs) encontrados na literatura. Inicialmente projetado para problemas de otimização global sobre espaço contínuos, o DE também tem sido aplicado com sucesso à problemas de otimização com domínio discreto [Onwubolu e Davendra, 2009;



Prado et al., 2010]. Além do mais, o DE é um método de otimização considerado muito confiável e versátil [Weber et al., 2010].

Similar à outros EAs, o DE é um método de otimização baseado em uma população de soluções candidatas (também conhecidas como indivíduos) e sua ideia principal é evoluir iterativamente a população de soluções. Nesta evolução iterativa da população de indivíduos, novas soluções são geradas combinando indivíduos da população atual. Assim, se os novos indivíduos gerados possuírem melhor aptidão ao problema de otimização, eles substituem seus pais na próxima geração. A versão clássica do DE apresenta três parâmetros de controle: (1) NP , define o tamanho da população de soluções candidatas; (2) F define o fator de escala de perturbação gerada pelo operador de mutação; (3) CR define a constante de cruzamento. Mais detalhes sobre o DE são descritos no Algoritmo 1, além disso, outras informações podem ser encontradas em [Storn e Price, 1997; Weber et al., 2010].

Algorithm 1: Evolução Diferencial

```
1  $F \leftarrow$  InicializaParâmetroF();
2  $CR \leftarrow$  InicializaParâmetroCR();
3  $NP \leftarrow$  InicializaParâmetroNP();
4  $pop \leftarrow$  InicializaPopulaçãoInicial( $NP$ );
5 while not CritérioDeParada() do
6    $pop\_aux \leftarrow \emptyset$ ;
7   for para cada indivíduo  $x$  de  $pop$  do
8     Selecione aleatoriamente 3 outros indivíduos  $a$ ,  $b$  e  $c$  de  $pop$  onde
9      $a \neq b \neq c \neq x$ ;
10    Selecione aleatoriamente um índice  $j$  entre 1 e o número de variáveis do
11    problema;
12    for para cada posição  $i$  do indivíduo  $x$  do
13       $r \leftarrow$  valor real com distribuição uniforme entre 0 e 1;
14      if  $r \leq CR$  or  $i = j$  then
15         $y_i \leftarrow a_i + F * (b_i - c_i)$ ;
16      else
17         $y_i \leftarrow x_i$ ;
18    if  $y$  é melhor que  $x$  then
19      Incluir  $y$  em  $pop\_aux$ ;
20    else
21      Incluir  $x$  em  $pop\_aux$ ;
22   $pop \leftarrow pop\_aux$ ;
23 Retorne a melhor solução encontrada;
```

2.2. Modelos de Distribuição para Algoritmos Evolutivos

Modelos de distribuição para EAs são populares e eficientes abordagens para implementação destes métodos. Estas abordagens de distribuição para EAs são especialmente recomendadas para resolver problemas de otimização com elevado custo computacional de avaliação da aptidão dos indivíduos e enorme número de ótimos locais [Gong et al., 2015]. Estudos anteriores demonstram que se comparado às versões clássicas dos EAs, estas abordagens de distribuição podem melhorar a capacidade de encontrar soluções satisfatórias dentro de um espaço de tempo computacional razoável [Gong et al., 2015].

De acordo com Gong et al. [2015], os modelos de distribuição para EAs podem ser classificados em *distribuição dimensional* e *distribuição populacional*. O primeiro modelo citado,



distribuição dimensional, propõe dividir o problema de otimização em porções menores. O modelo de Coevolução [Subbu e Sanderson, 2004] é um tradicional exemplo de distribuição dimensional e sua principal vantagem é a redução da dimensão do problema de otimização. Entretanto, estes modelos de distribuição dimensional não são sugeridos para resolução de problemas com complexas interdependências de variáveis. A proposta da segunda abordagem (distribuição populacional) é uma distribuição dos indivíduos da população de soluções candidatas. Modelos Celulares [Cantú-Paz, 1998], Modelo em Ilhas [Cantú-Paz, 1998] e Modelos Híbridos [Folino et al., 2008; Folino e Spezzano, 2006; Gong et al., 2015] são exemplos de abordagens de distribuição populacional. Nos últimos anos, os modelos de distribuição populacional tem sido aplicado com bastante sucesso aos EAs e isso se deve a eficiência e escalabilidade dos modelos [Gong et al., 2015].

Conforme mencionado anteriormente, os modelos de distribuição populacional beneficiam o processo de pesquisa evolucionária melhorando a diversidade populacional. Esta característica evita que os EAs permaneçam em ótimos locais facilitando a busca em todo o espaço de solução [Gong et al., 2015].

2.2.1. Modelo Celular

O Modelo Celular (CM - Cellular Model) é uma importante abordagem de distribuição populacional para EAs [Cantú-Paz, 1998; Gong et al., 2015]. Nesta abordagem, a população de indivíduos é espacialmente distribuída em uma grade onde cada indivíduo pode somente interagir para reprodução com um conjunto de indivíduos vizinhos. Comumente, a abordagem CM distribui os indivíduos de sua população em uma grade bidimensional em formato toroidal. As Figuras 1(a) e 1(b) ilustram exemplos da abordagem CM distribuindo 25 indivíduos (representados por círculos) sobre uma grade bidimensional (5x5) onde um indivíduo *pai* (representado por um círculo cinza) se relaciona para reprodução somente com 8 outros indivíduos (representados por círculos pretos).

Neste modelo, quatro importantes parâmetros devem ser definidos durante o seu projeto:

- **Dimensões da grade:** define o número de dimensões da grade do CM;
- **Tamanho da grade:** define o número máximo de coordenadas da grade do CM;
- **Estrutura de vizinhança:** descreve o conjunto de indivíduos vizinhos para cada indivíduo da população;
- **Tipo de sincronização:** define quais indivíduos e quando serão substituídos da população atual.

A Figura 1 além de demonstrar como a distribuição populacional dos indivíduos ocorre na grade do CM, também apresenta tradicionais configurações de estruturas de vizinhança. Nos exemplos apresentados na Figura 1, as configurações de estruturas de vizinhança Linear - 9 (Figura 1(a)) e Compacto - 9 (Figura 1(b)) são ilustradas. Em ambas as estruturas de vizinhança ilustradas, a quantidade de vizinhos habilitados para reprodução é a mesma, contudo, seus formatos de vizinhança são distintos e podem impactar no desempenho dos EAs.

Além de ser uma interessante forma de implementação paralela de EAs, o CM tem se provado uma interessante estratégia de manutenção da diversidade populacional. Esta abordagem de distribuição populacional promove uma difusão mais lenta das soluções durante as iterações do EAs. O CM também é capaz de melhorar a exploração do espaço de soluções e estudos relacionados demonstraram que o CM melhora a acurácia e convergência dos EAs [de Vega, 2016; Dorronsoro e Bouvry, 2010].

2.2.2. Modelo em Ilhas

O Modelo em Ilhas (IM - Island Model) é também classificado com uma tradicional abordagem de distribuição populacional para EAs [Cantú-Paz, 1998; Gong et al., 2015]. O conceito principal do IM é dividir a população de soluções candidatas em subpopulações conhecidas como

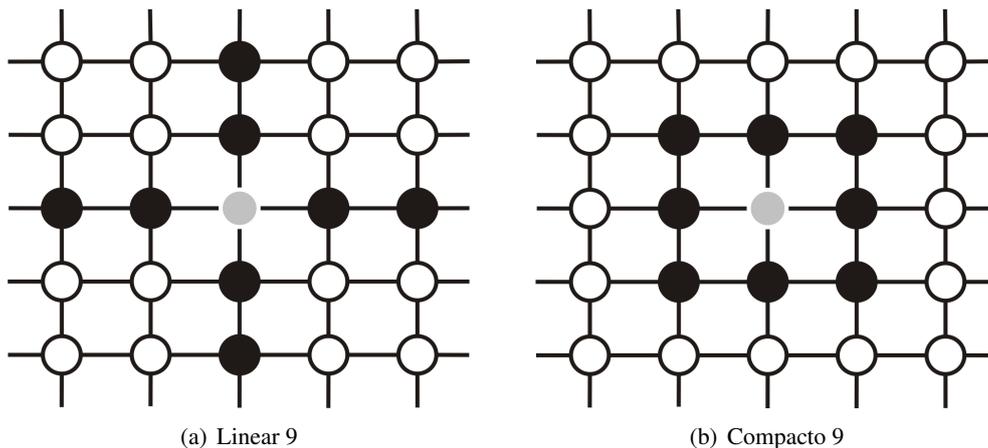


Figura 1: Exemplos de estrutura de vizinhança para o Modelo Celular.

ilhas. Durante o processo evolucionário, as subpopulações permanecem relativamente isoladas e evoluem independentemente executando o seu próprio EA por um intervalo de tempo. Periodicamente, soluções podem ser trocadas entre as ilhas em um processo conhecido como migração. Este ciclo se repete até que o critério de parada do EA seja atendido.

A independência das ilhas do modelo tende a manter a diversidade populacional, desta forma, melhorando o processo evolucionário dos EAs. Não obstante, o processo de colaboração realizado através da migração é outra importante característica do IM. A introdução de novas informações nas subpopulações aplicando o processo de migração permitem a evolução das subpopulações do modelo [Lopes et al., 2014].

No IM alguns parâmetros necessitam de configuração durante a definição do seu projeto. Conforme reportado por Lopes et al. [2014], estes parâmetros impactam diretamente no desempenho (qualidade das soluções encontradas e velocidade de convergência) dos EAs. A seguir, os parâmetros do IM são apresentados:

- **Número de ilhas:** define o número de subpopulações do modelo;
- **Topologia de migração:** descreve a estrutura de comunicação do IM;
- **Fluxo migratório:** descreve o caminho dos indivíduos emigrantes (durante o processo de migração) dentro da estrutura de comunicação do IM;
- **Frequência de migração:** define a periodicidade do processo de migração;
- **Taxa de migração:** define a quantidade de indivíduos que migrarão de uma ilha para a outra;
- **Política de migração:** descreve quais indivíduos serão copiados e substituídos durante o processo de migração;
- **Tipo de sincronização:** define o tipo de sincronização (síncrono ou assíncrono) que o processo de migração será aplicado.

O fluxo migratório é um crítico parâmetro para o projeto de um IM, conforme estudo realizado por Lopes et al. [2014]. Diversos procedimentos para configuração do fluxo migratório podem ser encontrados na literatura, como por exemplo: Aleatório [Tang et al., 2004], Anel [Cantú-Paz, 1998], Roleta [Lopes et al., 2013] e Torneio [Lopes et al., 2013]. Classificada como uma abordagem de configuração estática, a configuração em Anel é definida a priori e não se altera durante o processo evolutivo de buscas [Lopes et al., 2014]. A configuração em Anel é provavelmente a



mais popular abordagem de configuração e o seu formato é definido por um circuito fechado de ilhas conectadas. As abordagens de configuração de fluxo migratório Aleatória, Roleta e Torneio são classificadas como configurações dinâmicas [Lopes et al., 2014]. A ideia básica destas abordagens é a implementação de métodos de seleção para escolha dos indivíduos imigrantes [Lopes et al., 2014]. Assim, para cada subpopulação do IM, os métodos de seleção definem a origem dos indivíduos que serão recebidos e um indivíduo não pode ser enviado para a própria subpopulação.

Estudos relacionados demonstraram que o IM é capaz de melhorar a pesquisa evolucionária dos EAs através de um melhor balanceamento entre exploração e refinamento do espaço de soluções [Lopes et al., 2014]. Esta eficiência pode ser explicada pela manutenção da diversidade populacional, evolução independente e colaboração entre as ilhas do modelo. Além disso, o IM é uma popular forma de implementar EAs mesmo em arquiteturas seriais e trabalhos anteriores comprovaram seu bom desempenho [Cantú-Paz, 1998; Tasoulis et al., 2004].

3. Modelo Híbrido de Distribuição Populacional

O Modelo Celular em Ilhas (ICM - Island-Cellular Model) é uma abordagem híbrida de distribuição populacional baseado na combinação hierárquica de dois modelos de distribuição para EAs [Folino e Spezzano, 2006; Gong et al., 2015]. O ICM é capaz de obter vantagens de ambas as abordagens promovendo alta escalabilidade e tolerância a falha [Folino e Spezzano, 2006]. Os primeiros estudos sobre ICM conectam-os com o algoritmo de Programação Genética (GP - Genetic Programming) [Folino e Spezzano, 2006].

Basicamente, a ideia geral do ICM é projetar duas camadas de abordagens de distribuição populacional para EAs sendo uma camada superior e outra inferior. No ICM, os modelos IM e CM compõem sua estrutura hierárquica. Para a camada superior do ICM, a população de soluções candidatas é dividida em subpopulações. Posteriormente, o CM é aplicado para cada subpopulação previamente definida. Nesta abordagem ICM, parâmetros de ambos os modelos (IM e CM) são acumulados.

Desta forma, neste trabalho uma implementação da abordagem ICM utilizando o método de otimização de Evolução Diferencial (DE) é proposta. Assim, uma versão clássica do algoritmo DE foi adaptada na implementação do CM deste algoritmo. Nesta implementação proposta, a população de solução candidatas é espacialmente distribuída pela grade definida pelo CM. Além disso, a versão do algoritmo DE implementando o CM restringe o conjunto de indivíduos viáveis para geração de novas soluções pelo operador de mutação. Nesta versão, somente soluções do conjunto de indivíduos vizinhos podem ser selecionados para reprodução. Conforme já mencionado anteriormente, o conjunto de soluções vizinhas de um determinado indivíduo da população é definido pelo parâmetro de estrutura de vizinhança do CM, como ilustrado pelos exemplos apresentados na Figura 1.

4. Experimentos Computacionais

4.1. Configurações Experimentais

Com o intuito de alcançar os objetivos traçados, versões do ICM e do algoritmo clássico do DE foram implementadas. Nestes experimentos, os parâmetros do DE foram definidos como $CR = 0,9$ e F escolhido aleatoriamente entre o intervalo $[0, 5; 1, 0]$ para cada novo indivíduo gerado, conforme sugestão [Price et al., 2005]. Maiores detalhes sobre as configurações do ICM e do DE podem ser verificados na Tabela 1.

Para comparar as diferentes versões do ICM e do DE clássico, um conjunto de funções de teste para problemas de otimização em larga escala foi utilizado [Li et al., 2013]. Todas as quinze funções deste conjunto foram definidas com 1.000 variáveis. Para cada configuração do ICM avaliada neste estudo, 10 execuções independentes foram realizadas para cada função de teste do conjunto. Os critérios de parada dos experimentos foram assim definidos:



- Número máximo de funções de avaliação (20×10^6) fosse atendido;
- $\Delta f = f_{\text{encontrado}} - f_{\text{ótimo}} \leq 10^{-3}$

onde $f_{\text{encontrado}}$ representa a melhor solução encontrada pelo algoritmo e $f_{\text{ótimo}}$ representa o valor ótimo conhecido para a função de teste.

Tabela 1: Conjunto de parâmetros definidos para os experimentos computacionais.

Parâmetros	Valores
Parâmetros do ICM	
Número de Ilhas	4, 8, 16
Tamanho da População	25 indivíduos por ilha
Fluxo Migratório	Aleatório [Tang et al., 2004], Anel [Cantú-Paz, 1998], Roleta [Lopes et al., 2013], Torneio ¹ [Lopes et al., 2013]
Frequência de Migração	5, 15, 25 gerações
Taxa de Migração	1 indivíduo
Política de Migração	melhores substituem aleatórios
Sincronização do IM	síncrono
Dimensões da Grade	bidimensional
Tamanho da Grade	5x5
Estrutura de Vizinhança	Linear 9, Compacto 9
Sincronização do CM	síncrono ²
Parâmetro da Versão Clássica do DE	
Tamanho da População	25 indivíduos

Durante os experimentos realizados, duas variáveis de saída foram coletadas e analisadas: (i) número de funções de avaliação gastas durante o experimento; (ii) o valor Δf alcançado. O número de funções de avaliação mensuram a velocidade de convergência do EAs avaliado. Por outro lado, o valor Δf representa a qualidade das soluções encontradas nos experimentos.

Dada a refutação da hipótese de normalidade dos resultados, o teste não-paramétrico de múltiplo contraste (função `mctp` do pacote `nparcomp` do software estatístico R) foi aplicado para análise estatística da velocidade de convergência e a qualidade das soluções. Detalhes do teste não-paramétrico de múltiplo contraste encontram-se disponíveis em [Konietschke et al., 2012]. O modelo estatístico considerado nesta análise é modelo de planejamento balanceado [Montgomery, 2006] onde a configuração do ICM foi definida como um fator experimental. Para todos os testes estatísticos, o nível de significância foi previamente definido como 0,05.

4.2. Resultados

Ao longo dessa subseção, os resultados e análises dos experimentos computacionais são apresentados. Estes resultados comparam o desempenho de todas as diferentes possibilidades de configuração do ICM descritas na Tabela 1, bem como, o desempenho da versão clássica do algoritmo DE. Para esta comparação de desempenho das abordagens, a velocidade de convergência e qualidade das soluções encontradas (Δf) são consideradas.

Preliminarmente, na Figura 2 uma comparação geral das configurações do ICM é apresentada. Nesta comparação os resultados foram agrupados pelo número de ilhas definido para o modelo observando o número de funções de avaliação (velocidade de convergência) e qualidade da

¹O tamanho do torneio foi definido como 3 e o parâmetro kt igual à 1.0, de acordo com [Lopes et al., 2013].

²Conforme sugerido por Alba et al. [2002], a política síncrona de atualização do CM é melhor em relação ao número de acessos do que as políticas de atualizações assíncronas.



solução encontradas. Conforme observado na Figura 2, nota-se que modelos com menor número de subpopulações tendem a melhorar a qualidade das soluções encontradas.

Em relação aos resultados gerais apresentados na Figura 2, destaca-se o compromisso entre a qualidade das soluções encontradas e a velocidade de convergência dos EAs para as diferentes configurações do ICM. Para identificação das melhores configurações do modelo considerando ambas as variáveis de resposta avaliadas, as configurações do ICM que possuem desempenhos que não são superados por outras configurações foram encontradas por meio do conceito de relação de dominância³. Desta forma, utilizando-se deste conceito de relação de dominância, o conjunto de todas as soluções não dominadas dentre as soluções factíveis (conjunto Pareto-ótimo) foi identificado e usualmente é ilustrado sob a Fronteira de Pareto⁴. Nesta Figura 2, a Fronteira de Pareto foi ilustrada por uma linha vermelha tracejada e detalhes das soluções pertencentes ao conjunto Pareto-ótimo são descritos na Tabela 2.

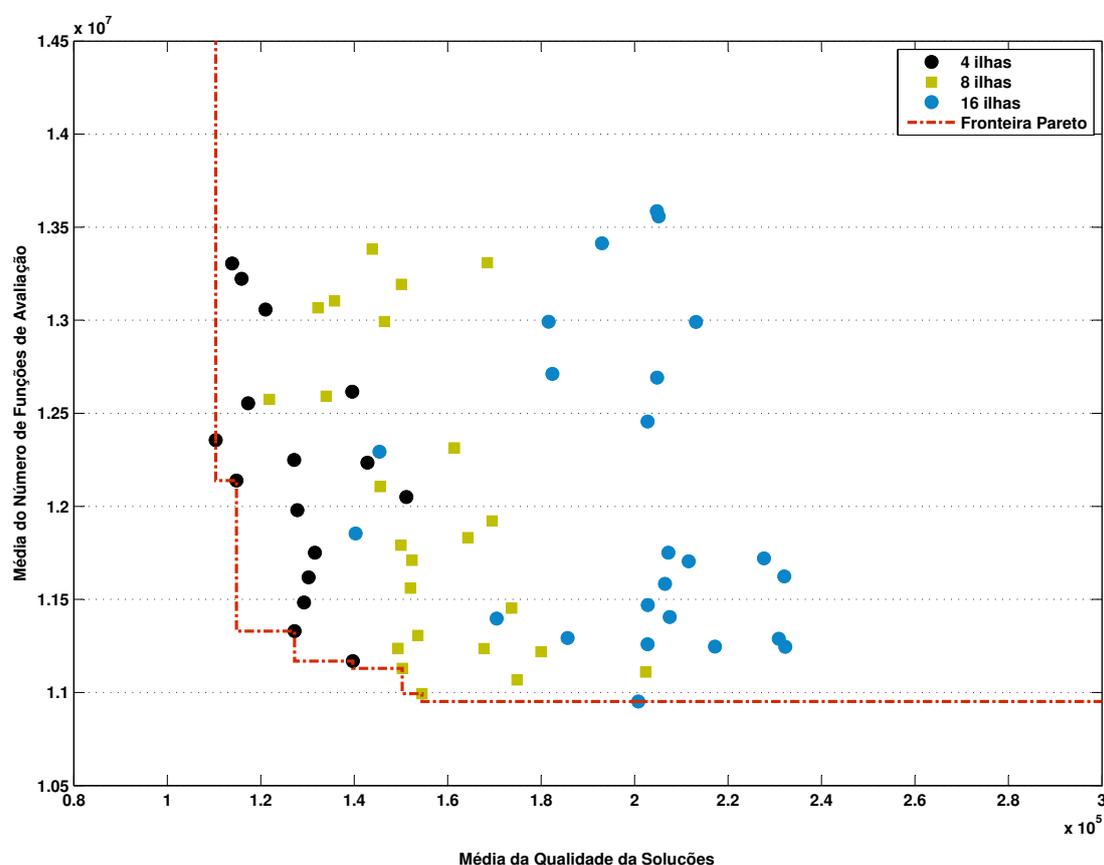


Figura 2: Gráfico do desempenho das diferentes configurações do Modelo Celular em Ilhas em relação à qualidade das soluções encontradas e número médio de funções de avaliação.

Na Tabela 3, as médias do número de funções de avaliação e qualidade das soluções encontradas são apresentadas. Nesta tabela encontram-se também destacados em negrito as configurações que apresentaram os melhores resultados para cada uma das variáveis de resposta estudadas.

³Uma relação de dominância é escrita como $f(x_1) \prec f(x_2)$. Desta forma, é dito que uma solução x_1 domina x_2 se $f(x_1) \leq f(x_2)$ e $f(x_1) \neq f(x_2)$.

⁴A Fronteira de Pareto é composta pelos pontos no espaço de soluções factíveis que pertencem ao conjunto Pareto-ótimo.



Em relação à média do número de funções de avaliação, a configuração *ICM-07* foi a abordagem com melhor velocidade de convergência. Por outro lado, a configuração *ICM-04* foi a abordagem que encontrou na média as melhores soluções para funções de teste consideradas nos experimentos.

Tabela 2: Configurações do Modelo Celular em Ilhas pertencentes a Fronteira Pareto.

Configuração do ICM	Nº de Ilhas	Frequência de Migração	Fluxo Migratório	Estrutura de Vizinhança
ICM-01	4 ilhas	15 gerações	Roleta	Linear - 9
ICM-02	4 ilhas	25 gerações	Aleatório	Compacto - 9
ICM-03	4 ilhas	25 gerações	Anel	Compacto - 9
ICM-04	4 ilhas	15 gerações	Aleatório	Compacto - 9
ICM-05	8 ilhas	15 gerações	Anel	Linear - 9
ICM-06	8 ilhas	25 gerações	Anel	Linear - 9
ICM-07	16 ilhas	25 gerações	Anel	Compacto - 9

Tabela 3: Resultados dos experimentos computacionais.

Configuração	Média do Número de Funções de Avaliação	Média da Qualidade das Soluções (Δf)
<i>ICM-01</i>	12.138.612,66	114.796,55
<i>ICM-02</i>	11.168.298,0	139.725,12
<i>ICM-03</i>	11.329.323,33	127.228,86
<i>ICM-04</i>	12.356.096,66	110.395,21
<i>ICM-05</i>	11.129.529,33	150.296,14
<i>ICM-06</i>	10.993.794,66	154.517,59
<i>ICM-07</i>	10.950.960,0	200.796,77
<i>DE</i>	14.584.812,5	56.831.241,48

Uma análise estatística dos resultados demonstrados na Tabela 3 foi realizada e diferenças estatísticas significativas entre as configurações foram encontradas em relação ao número médio de funções de avaliação. Nestes testes estatísticos realizados, somente o efeito das configurações foi considerado. Na Tabela 4, os valores *p* apenas dos testes pareados da configuração *ICM-07* são apresentados. Os resultados da análise estatística demonstram que a configuração *ICM-07* gasta significativamente menor quantidade de funções de avaliação que o DE clássico e as configurações *ICM-01* e *ICM-04*.

Tabela 4: Valor *p* da análise estatística do número médio de funções de avaliação.

Configuração 1	Configuração 2	Valor <i>p</i>
<i>ICM-07</i>	<i>DE clássico</i>	0,0000
<i>ICM-07</i>	<i>ICM-01</i>	0,0494
<i>ICM-07</i>	<i>ICM-02</i>	0,9993
<i>ICM-07</i>	<i>ICM-03</i>	0,9787
<i>ICM-07</i>	<i>ICM-04</i>	0,0080
<i>ICM-07</i>	<i>ICM-05</i>	0,9998
<i>ICM-07</i>	<i>ICM-06</i>	1,000

Desta mesma forma, os resultados da análise estatística sobre a média da qualidade das



soluções encontradas (Δf) demonstraram diferenças estatísticas significativas. Os testes consideraram todas as configurações apresentadas na Tabela 3, entretanto, na Tabela 5 somente os resultados dos testes pareados da configuração *ICM-04* são descritos. Estes resultados demonstram que a configuração *ICM-04* encontrou significativamente melhores soluções que a versão clássica do algoritmo DE.

Tabela 5: Valor p da análise estatística da qualidade das soluções encontradas (Δf).

Configuração 1	Configuração 2	Valor p
<i>ICM-04</i>	<i>DE clássico</i>	0,0000
<i>ICM-04</i>	<i>ICM-01</i>	0,9999
<i>ICM-04</i>	<i>ICM-02</i>	0,9345
<i>ICM-04</i>	<i>ICM-03</i>	0,9718
<i>ICM-04</i>	<i>ICM-05</i>	0,7383
<i>ICM-04</i>	<i>ICM-06</i>	0,8834
<i>ICM-04</i>	<i>ICM-07</i>	0,0900

5. Considerações Finais

Neste estudo apresentado, um Modelo Celular em Ilhas para o algoritmo de Evolução Diferencial foi descrito e discutido. Diferentes configurações do ICM foram estudadas e uma avaliação experimental das abordagens do ICM e do algoritmo clássico do DE foram conduzidas. Os principais objetivos deste estudo foram a implementação do ICM para o algoritmo de Evolução Diferencial e análise do seu desempenho.

Os resultados sobre um conjunto de problemas de otimização em larga escala demonstraram que existe um compromisso entre alcançar boas soluções e rápida convergência para diferentes configurações do ICM implementando o DE. Em síntese, os resultados gerais indicam que as abordagens do ICM com menor número de ilhas são capazes de convergir rapidamente e encontrar boas soluções. Este bom desempenho pode ser explicado pelo aumento da pressão seletiva causado por ICM menores.

Embora o algoritmo de Evolução Diferencial seja um importante método de resolução de problemas de otimização em espaço contínuo, os resultados de sua versão clássica demonstraram ser significativamente inferiores comparado com sua versão implementando o ICM. A análise experimental realizada evidencia o bom comportamento do ICM reforçando sua característica de melhorar o desempenho dos Algoritmos Evolutivos.

Concluindo, este artigo atingiu sua principal meta de produzir conhecimento sobre diferentes possibilidades de implementação do DE melhorando o seu desempenho. Além do mais, este trabalho contribuirá para futuros estudos sobre possibilidades de distribuição de EAs e suas aplicações.

6. Agradecimentos

Os autores agradecem a Universidade Federal de Ouro Preto e as agências brasileiras de suporte a pesquisa, FAPEMIG, CNPq e CAPES.

Referências

Alba, E., Giacobini, M., Tomassini, M., e Romero, S. (2002). Comparing synchronous and asynchronous cellular genetic algorithms. In *Proceedings of the 7th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature*, p. 601–610, London, UK, UK. Springer-Verlag.



- Burczynski, T. e Kus, W. (2004). *Optimization of Structures Using Distributed and Parallel Evolutionary Algorithms*, p. 572–579. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
- Burczynski, T., Kus, W., Dlugosz, A., e Orantek, P. (2004). Optimization and defect identification using distributed evolutionary algorithms. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, 17: 337–344.
- Cantú-Paz, E. (1998). A survey of parallel genetic algorithms. *Calculateurs Paralleles, Reseaux et Systems Repartis*, 10.
- de Vega, F. F. (2016). *Evolutionary Algorithms: Perspectives on the Evolution of Parallel Models*, p. 13–22. Springer International Publishing, Cham.
- Dorransoro, B. e Bouvry, P. (2010). Differential evolution algorithms with cellular populations. In *Proceedings of the 11th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature: Part II*, p. 320–330, Berlin, Heidelberg. Springer-Verlag.
- Folino, G., Pizzuti, C., e Spezzano, G. (2008). Training distributed gp ensemble with a selective algorithm based on clustering and pruning for pattern classification. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 12:458–468.
- Folino, G. e Spezzano, G. (2006). *P-CAGE: An Environment for Evolutionary Computation in Peer-to-Peer Systems*, p. 341–350. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
- Gong, Y., Chen, W., Zhan, Z., Zhang, J., Li, Y., Zhang, Q., e Li, J. (2015). Distributed evolutionary algorithms and their models: A survey of the state-of-the-art. *Applied Soft Computing*, 34:286–300.
- Herrera, F., Lozano, M., e Moraga, C. (1999). Hierarchical distributed genetic algorithms. *International Journal of Intelligent Systems*, 14:1099–1121.
- Konietschke, F., Hothorn, L. A., e Brunner, E. (2012). Rank-based multiple test procedures and simultaneous confidence intervals. In *Electronic Journal of Statistics*, volume 6, p. 738–759. The Institute of Mathematical Statistics and the Bernoulli Society.
- Li, X., Tang, K., Omidvar, M. N., Yang, Z., e Qin, K. (2013). Benchmark functions for the cec’2013 special session and competition on large scale global optimization.
- Lim, D., Ong, Y., Jin, Y., Sendhoff, B., e Lee, B. (2007). Efficient hierarchical parallel genetic algorithms using grid computing. *Future Generation Computer Systems*, 23:658–670.
- Lopes, R. A., Pedrosa Silva, R. C., Campelo, F., e Guimarães, F. G. (2013). Dynamic selection of migration flows in island model differential evolution. In *Proceeding of the Fifteenth Annual Conference Companion on Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion*, p. 173–174. ACM.
- Lopes, R. A., Pedrosa Silva, R. C., Freitas, A. R., Campelo, F., e Guimarães, F. G. (2014). A study on the configuration of migratory flows in island model differential evolution. In *Proceedings of the Companion Publication of the 2014 Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation*, p. 1015–1022, New York, NY, USA. ACM.
- Montgomery, D. C. (2006). *Design and Analysis of Experiments*. John Wiley & Sons.
- Onwubolu, G. C. e Davendra, D. (2009). *Differential Evolution: A Handbook for Global Permutation-Based Combinatorial Optimization*. Springer Publishing Company, Incorporated, 1st edition.



- Prado, R. S., Silva, R. C. P., aes, F. G. G., e Neto, O. M. (2010). Using differential evolution for combinatorial optimization: A general approach. In *2010 IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics*, p. 11–18.
- Price, K. V., Storn, R., e Lampinen, J. A. (2005). *Differential Evolution: A Practical Approach to Global Optimization*. Natural Computing Series. Springer.
- Storn, R. e Price, K. (1997). Differential evolution: A simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces. *Journal of Global Optimization*, 11:341–359.
- Subbu, R. e Sanderson, A. C. (2004). Modeling and convergence analysis of distributed coevolutionary algorithms. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B (Cybernetics)*, 34:806–822.
- Tang, J., Lim, M., Ong, Y., e Er, M. J. (2004). Study of migration topology in island model parallel hybrid-ga for large scale quadratic assignment problems. In *Proceedings of the 8th International Conference on Control, Automation, Robotic and Vision, Kunming, China*, p. 2286–2291. IEEE.
- Tasoulis, D. K., Pavlidis, N., Plagianakos, V. P., e Vrahatis, M. N. (2004). Parallel differential evolution. In *In IEEE Congress on Evolutionary Computation*.
- Weber, M., Tirronen, V., e Neri, F. (2010). Scale factor inheritance mechanism in distributed differential evolution. *Soft Computing*, 14:1187–1207.