

# Atividades Computação Evolucionária

...

Aline Marina Lopes

# Algoritmo Genético

# Considerações Gerais

## Configuração

Representação: Real

Inicialização da  
População: Aleatória

Critério de Parada: 300  
gerações

Função de *Fitness*:  
Ranking Linear

## Parâmetros

```
int geracoes = 300; //CRITÉRIO DE PARADA
```

```
int numeroDeVariaveis = 100; //VARIÁVEIS
```

```
int mu = 100, lambda = 10; // VARIÁVEIS
```

```
double taxMutacao = 1.0, taxCrossover = 0.8; //TAXAS
```

```
double interMin = -5.12, interMax = 5.12; //INTERVALO
```

# Considerações Gerais

## Seleção de Indivíduos

```
//SELECIONAR PAIS-TORNEIO
int num1, num2;
num1 = rnd.nextInt(this.tamPopulacao);
num2 = rnd.nextInt(this.tamPopulacao);
if (populacao.getIndividuos().get(num1).getFuncaoObjetivo() > populacao.getIndividuos().get(num2).getFuncaoObjetivo()) {
    pai1 = num1;
} else {
    pai1 = num2;
}
do {
    num1 = rnd.nextInt(this.tamPopulacao);
    num2 = rnd.nextInt(this.tamPopulacao);
    if (populacao.getIndividuos().get(num1).getFuncaoObjetivo() > populacao.getIndividuos().get(num2).getFuncaoObjetivo()) {
        pai2 = num1;
    } else {
        pai2 = num2;
    }
} while (pai1 == pai2);
```

```
//COMBINAR POPULACOES
populacao.getIndividuos().addAll(novaPopulacao.getIndividuos());
//ORDENA INDIVIDUOS
Collections.sort(populacao.getIndividuos());
//SELECIONAR MELHORES INDIVIDUOS COM CORTE
populacao.getIndividuos().subList(tamPopulacao, populacao.getIndividuos().size()).clear();
```

# Operador de Crossover

```
private void crossover(Individuo pai1, Individuo pai2, Individuo filho) {  
    Random rnd = new Random();  
    int corte;  
    corte = rnd.nextInt(pai1.getCromossomos().size());  
  
    filho.getCromossomos().clear();  
    filho.getCromossomos().addAll(pai1.getCromossomos().subList(0, corte));  
    filho.getCromossomos().addAll(pai2.getCromossomos().subList(corte, pai2.getCromossomos().size()));  
}
```

# Operador de Mutação

```
private void mutacao1(Individuo filho) {  
  
    Random rnd = new Random();  
    double valor;  
    for (int i = 0; i < filho.getCromossomos().size(); i++) {  
        double valorRnd = rnd.nextDouble();  
        if (valorRnd <= this.taxMutacao) {  
            valor = this.getInterMin() + (this.getInterMax() - this.getInterMin()) * rnd.nextDouble();  
            if (valor >= this.getInterMin() && valor <= this.getInterMax()) {  
                filho.getCromossomos().set(i, valor);  
            }  
        }  
    }  
}
```

# Operador de Mutação

```
private void mutacao2(Individuo filho) {  
  
    Random rnd = new Random();  
    double valor;  
    //REALIZA MUTAÇÃO  
    double valorRnd = rnd.nextDouble();  
    if (valorRnd <= this.taxMutacao) {  
  
        //CORTE NA MUTAÇÃO  
        int gene1, gene2;  
        Random rndGene = new Random();  
        gene1 = rndGene.nextInt(filho.getCromossomos().size());  
        do {  
            gene2 = rndGene.nextInt(filho.getCromossomos().size());  
        } while (gene2 == gene1);  
  
        int cont = 0;  
        while (cont < 2) {  
            valor = this.getInterMin() + (this.getInterMax() - this.getInterMin()) * rnd.nextDouble();  
            if (valor >= this.getInterMin() && valor <= this.getInterMax()) {  
                filho.getCromossomos().set(gene1, valor);  
            }  
            cont++;  
        }  
    }  
}
```

# Casos de Teste

Caso 1	Crossover	Mutação 1
Caso 2	Crossover	Mutação 2



# Experimentos

Melhor Indivíduo -  
Resultados

- 999.8255-Tempo: 1135-Caso1
- Caso 2: 999.8255

Melhor Indivíduo -  
Tempo

- Tempo: 845 - 999.8255 - Caso2
- Caso 1: 1098

Pior Indivíduo -  
Resultados

- 999.8388 - Tempo: 1129- Caso2
- Caso 1: 999.8388

Pior Indivíduo -  
Tempo

- Tempo: 2398- 999.8255 - Caso1
- Caso 2: 1129

# Experimentos

## Média dos Casos

- 999.8266
- Caso 1: 999.8255
- Caso 2 : 999.8277

## Desvio Padrão dos Casos - Resultados

- 0.00249965
- 1.798308e-06
- 0.003175489

## Desvio Padrão dos Casos - Tempo

- 217.42
- Caso 1: 230.6753
- Caso 2: 54.21664

## Tempo Médio de Execução

- 1057.35
- Caso 1: 1196.433
- Caso 2: 918.2667

# Teste T Pareado

## RESULTADO

```
t.test(Resultado~Caso, paired = T, data = dados)
```

Paired t-test

data: Resultado by Caso

t = -3.8876, df = 29, p-value = 0.0005423

alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-0.003440038 -0.001068282

sample estimates:

mean of the differences

-0.00225416

#MEDIA != #MEDIA 2

```
t.test(Resultado~Caso, data = dados)
```

Welch Two Sample t-test

data: Resultado by Caso

t = -3.8881, df = 29, p-value = 0.0005417

alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-0.003439907 -0.001068413

sample estimates:

mean in group Caso1 mean in group Caso2

999.8255

999.8277

# Teste T Pareado

#MEDIA < #MEDIA 2

```
t.test(Resultado~Caso, data = dados,  
alternative="l")
```

Welch Two Sample t-test

data: Resultado by Caso

t = -3.8881, df = 29, p-value = 0.0002708

alternative hypothesis: true difference in means  
is less than 0

95 percent confidence interval:

-Inf -0.00126907

sample estimates:

mean in group Caso1 mean in group Caso2

999.8255

999.8277

#MEDIA > #MEDIA 2

```
t.test(Resultado~Caso, data = dados,  
alternative="g")
```

Welch Two Sample t-test

data: Resultado by Caso

t = -3.8881, df = 29, p-value = 0.9997

alternative hypothesis: true difference in means  
is greater than 0

95 percent confidence interval:

-0.00323925 Inf

sample estimates:

mean in group Caso1 mean in group Caso2

999.8255

999.8277

# Calculadora Estadística

## P value and statistical significance:

The two-tailed P value equals 0.0058

By conventional criteria, this difference is considered to be very statistically significant.

## Confidence interval:

The mean of Caso1 minus Caso2 equals -0.001761556695

95% confidence interval of this difference: From -0.002945175969 to -0.000577937421

## Intermediate values used in calculations:

$t = 3.1268$

$df = 18$

standard error of difference = 0.001

## Learn more:

GraphPad's web site includes portions of the manual for GraphPad Prism that can help you learn statistics. First, review the meaning of P values and confidence intervals . Then learn how to interpret results from an unpaired or paired  $t$  test. These links include GraphPad's popular *analysis checklists* .

# Calculadora Estadística

Group

Caso1

Caso2

Mean 999.825468074427 999.827229277563

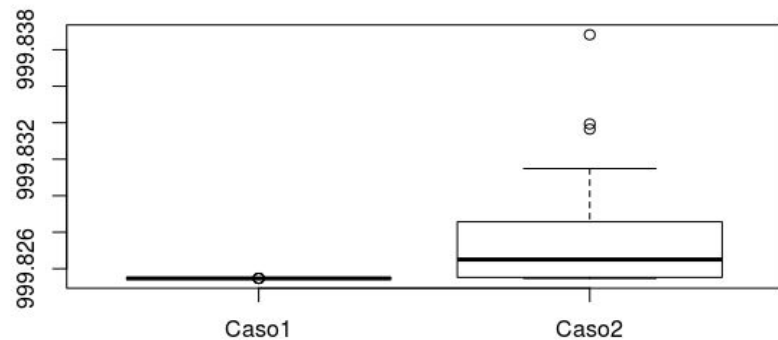
SD 0.000001798311 0.002455393159

SEM 0.000000328325 0.000563305823

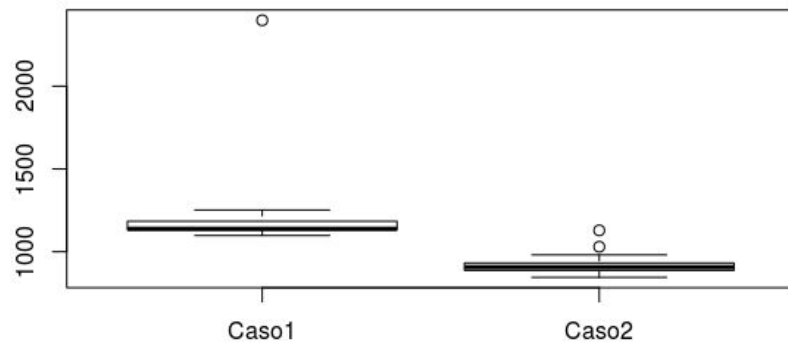
N 30 19

# BoxPlot

RESULTADOS



TEMPO



# Estratégia Evolucionária



# Considerações Gerais

## Configuração

Representação: Real

Inicialização da  
População: Aleatória

Critério de Parada: 300  
gerações

Função de *Fitness*:  
Ranking Linear

## Parâmetros

```
int geracoes = 300; //CRITÉRIO DE PARADA
```

```
int numeroDeVariaveis = 100; //VARIAVEIS
```

```
int mu = 100, lambda = 10; // VARIAVEIS
```

```
double taxMutacao = 1.0; //TAXAS
```

```
double interMin = -5.12, interMax = 5.12; //INTERVALO
```

# Considerações Gerais

## Seleção de Indivíduos

```
for (int p = 0; p < populacao.getTamPopulacao(); p++) {  
    for (int f = 0; f < mu / lambda; f++) {  
        //Mutacao  
        Random rnd = new Random();  
        double valor = rnd.nextDouble();  
        if (valor <= this.taxMutacao) {
```

```
populacao.getIndividuos().addAll(novaPopulacao.getIndividuos());  
novaPopulacao.getIndividuos().clear();  
Collections.sort(populacao.getIndividuos());  
populacao.getIndividuos().subList(this.mu, populacao.getIndividuos().size()).clear();
```

# Operador de Mutação

```
private void mutacaoPorBit(Individuo filho) {
    Random rnd = new Random();

    double valor;
    //Tenta realizar a mutação sob cada cromossomo do individuo
    for (int i = 0; i < filho.getCromossomos().size(); i++) {
        //gera um numero aleatorio entre 0 e 1 -> somente realiza a mutacao se o valor gerado for menos que a taxa de mutacao
        if (rnd.nextDouble() <= this.taxaMutacao) {
            do {
                valor = this.getInterMin() + (this.getInterMax() - this.getInterMin()) * rnd.nextDouble();
                filho.getCromossomos().set(i, valor);
                if (valor < this.getInterMin() || valor > this.getInterMax()) {
                    valor = -this.getInterMin() + (this.getInterMax() - this.getInterMin()) * rnd.nextDouble();
                    filho.getCromossomos().set(i, valor);
                }
            } while (valor < this.getInterMin() || valor > this.getInterMax());
        }
    }
}
```

# Operador de Mutação

```
private void mutacaoParcial(Individuo filho) {  
    Random rnd = new Random();  
  
    double valor;  
    //Realiza mutação sobre a primeira metade do individuo  
  
    for (int i = 0; i < filho.getCromossomos().size() / 2; i++) {  
        do {  
            valor = this.getInterMin() + (this.getInterMax() - this.getInterMin()) * rnd.nextDouble();  
            filho.getCromossomos().set(i, valor);  
            if (valor < this.getInterMin() || valor > this.getInterMax()) {  
                valor = -this.getInterMin() + (this.getInterMax() - this.getInterMin()) * rnd.nextDouble();  
                filho.getCromossomos().set(i, valor);  
            }  
        } while (valor < this.getInterMin() || valor > this.getInterMax());  
    }  
}
```

# Casos de Teste

Caso 1	Mutação por Bit
Caso 2	Mutação Parcial

# Experimentos

Melhor Indivíduo -  
Resultados

- 1141.235 -Tempo: 18306-Caso2
- Caso 1: 1302.221

Melhor Indivíduo -  
Tempo

- Tempo: 18051 - 1322.684 - Caso2
- Caso 1: 23007

Pior Indivíduo -  
Resultados

- 1390.713 - Tempo: 23172- Casol
- Caso 2: 1374.161

Pior Indivíduo -  
Tempo

- Tempo: 24615- 1358.195 - Casol
- Caso 2: 21025

# Experimentos

## Média dos Casos

- 1301.346
- Caso 1: 1343.427
- Caso 2: 1259.266

## Desvio Padrão dos Casos - Resultados

- 77.29612
- Caso 1: 24.86318
- Caso 2: 88.73339

## Desvio Padrão dos Casos - Tempo

- 2458.485
- Caso 1: 546.7295
- Caso 2: 546.7295

## Tempo Médio de Execução

- 20956.37
- Caso 1: 23349.57
- Caso 2: 18563.17

# Teste T Pareado

## RESULTADO

### Paired t-test

data: Tempo by Caso

t = 42, df = 29, p-value < 2.2e-16

alternative hypothesis: true difference in means  
is not equal to 0

95 percent confidence interval:

4553.321 5019.479

sample estimates:

mean of the differences

4786.4

#MEDIA != #MEDIA 2

t.test(Resultado~Caso,data = dados)

### Welch Two Sample t-test

data: Tempo by Caso

t = 39.215, df = 52.063, p-value < 2.2e-16

alternative hypothesis: true difference in means  
is not equal to 0

95 percent confidence interval:

4541.488 5031.312

sample estimates:

mean in group Caso1 mean in group Caso2

23349.57

18563.17



# Teste T Pareado

#MEDIA < #MEDIA 2

```
t.test(Resultado~Caso, data = dados,  
alternative="l")
```

Welch Two Sample t-test

data: Tempo by Caso  
t = 39.215, df = 52.063, p-value = 1  
alternative hypothesis: true difference in means  
is less than 0  
95 percent confidence interval:  
-Inf 4990.798  
sample estimates:  
mean in group Caso1 mean in group Caso2  
23349.57 18563.17

#MEDIA > #MEDIA 2

```
t.test(Resultado~Caso, data = dados,  
alternative="g")
```

Welch Two Sample t-test

data: Tempo by Caso  
t = 39.215, df = 52.063, p-value < 2.2e-16  
alternative hypothesis: true difference in means  
is greater than 0  
95 percent confidence interval:  
4582.002 Inf  
sample estimates:  
mean in group Caso1 mean in group Caso2  
23349.57 18563.17

# Calculadora Estadística

## P value and statistical significance:

The two-tailed P value equals 0.0001

By conventional criteria, this difference is considered to be extremely statistically significant.

## Confidence interval:

The mean of Caso1 minus Caso2 equals 84.160472054507

95% confidence interval of this difference: From 45.152990566237 to 123.167953542776

## Intermediate values used in calculations:

$t = 4.4127$

$df = 29$

standard error of difference = 19.072

## Learn more:

GraphPad's web site includes portions of the manual for GraphPad Prism that can help you learn statistics. First, review the meaning of P values and confidence intervals. Then learn how to interpret results from an unpaired or paired t test.

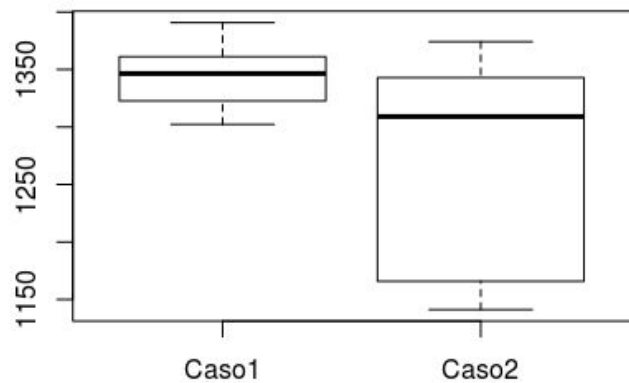
These links include GraphPad's popular *analysis checklists*.

# Calculadora Estadística

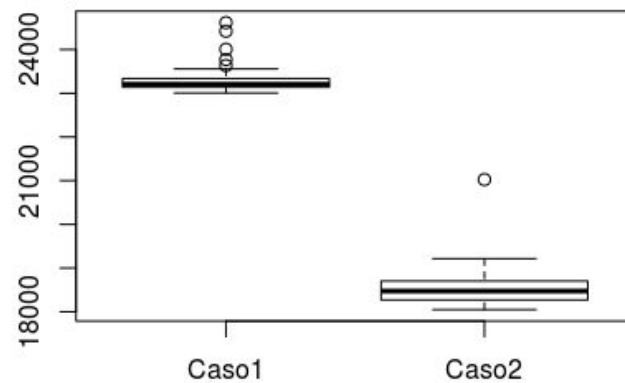
Group	Caso1	Caso2
Mean	1343.426555745397	1259.266083690890
SD	24.863179103492	88.733386746296
SEM	4.539374682091	16.200425841592
N	30	30

# BoxPlot

RESULTADOS



TEMPO



# EVOLUÇÃO DIFERENCIAL

# Considerações Gerais

## Configuração

**Representação:** Real

**Inicialização da  
População:** Aleatória

**Critério de Parada:** 300  
gerações

**Função de *Fitness*:**  
Ranking Linear

## Parâmetros

```
int geracoes = 300; //CRITÉRIO DE PARADA
```

```
int numeroDeVariaveis = 100; //VARIAVEIS
```

```
int mu = 100, lambda = 10; // VARIAVEIS
```

```
double taxMutacao = 1.0, taxCrossover = 0.8; //TAXAS
```

```
double interMin = -5.12, interMax = 5.12; //INTERVALO
```

# Considerações Gerais

```
for (int g = 0; g < gmax; g++) {  
    //Para cada vetor da populacao
```

```
    for (int i = 0; i < Np; i++) {  
        //Selecionar aleatoriamente  
        Random rnd = new Random();  
        int r0 = rnd.nextInt(Np);  
        int r1, r2;  
        do {  
            r1 = rnd.nextInt(Np);  
        } while (r1 == r0);  
  
        do {  
            r2 = rnd.nextInt(Np);  
        } while (r2 == 1 || r2 == r0);
```

```
        Indivíduo trial = new Indivíduo(min, max, D);  
        trial.criar();  
        Indivíduo xr0 = (Indivíduo) populacao.getIndividuos().get(r0);  
        Indivíduo xr1 = (Indivíduo) populacao.getIndividuos().get(r1);  
        Indivíduo xr2 = (Indivíduo) populacao.getIndividuos().get(r2);
```

```
        Indivíduo target = new Indivíduo(min, max, randomNum);
```

```
        populacao.getIndividuos().clear();  
        populacao.getIndividuos().addAll(novaPopulacao.getIndividuos());  
        Collections.sort(populacao.getIndividuos());  
        populacao.getIndividuos().subList(this.Np, populacao.getIndividuos().size()).clear();
```

# Operador de Perturbação

```
private void perturbacao(Individuo trial, Individuo xr1, Individuo xr2) {  
    //Diferença entre r1 e r2  
    ArrayList<Double> diferencas = new ArrayList<>();  
    double diferenca;  
    for (int i = 0; i < D; i++) {  
        do {  
            diferenca = xr1.getCromossomos().get(i) - xr2.getCromossomos().get(i);  
            trial.getCromossomos().set(i, diferenca);  
            if (diferenca < this.getMin() || diferenca > this.getMax()) {  
                diferenca = -xr1.getCromossomos().get(i) - xr2.getCromossomos().get(i);  
                trial.getCromossomos().set(i, diferenca);  
            }  
        } while (diferenca < this.getMin() || diferenca > this.getMax());  
    }  
}
```



# Operador de Mutação

```
private void mutacao(Individuo trial, Individuo xr0) {  
    //Multiplicar por F a diferenca e somar com xr0  
    double valor;  
    for (int i = 0; i < D; i++) {  
        do {  
            valor = xr0.getCromossomos().get(i) + this.F * (trial.getCromossomos().get(i));  
            trial.getCromossomos().set(i, valor);  
            if (valor < this.getMin() || valor > this.getMax()) {  
                valor = -xr0.getCromossomos().get(i) + this.F * (trial.getCromossomos().get(i));  
                trial.getCromossomos().set(i, valor);  
            }  
        } while (valor < this.getMin() || valor > this.getMax());  
    }  
}
```

# Operador de Mutação Parcial

```
private void mutacaoParcial(Individuo trial, Individuo xr0) {  
    //Multiplicar por F a diferenca e somar com xr0  
    double valor;  
    for (int i = 0; i < D / 2; i++) {  
        do {  
            valor = xr0.getCromossomos().get(i) + this.F * (trial.getCromossomos().get(i));  
            trial.getCromossomos().set(i, valor);  
            if (valor < this.getMin() || valor > this.getMax()) {  
                valor = -xr0.getCromossomos().get(i) + this.F * (trial.getCromossomos().get(i));  
                trial.getCromossomos().set(i, valor);  
            }  
        } while (valor < this.getMin() || valor > this.getMax());  
    }  
}
```

# Operador de Crossover

```
private void crossover(Individuo trial, Individuo target) {  
    Random rnd = new Random();  
    int jRand = rnd.nextInt(D);  
  
    for (int i = 0; i < this.D; i++) {  
        if (!(rnd.nextDouble() <= this.Cr || i == jRand)) {  
            trial.getCromossomos().set(i, target.getCromossomos().get(i));  
        }  
    }  
}
```

# Casos de Teste

Caso 1	Perturbação	Mutação por Bit	Crossover
Caso 2	Perturbação	Mutação Parcial	Crossover

# Experimentos

Melhor Indivíduo -  
Resultados

- 143.2822 - Tempo:7173 - Caso2
- 143.2822 - Tempo:13974 - Caso1

Melhor Indivíduo -  
Tempo

- Tempo: 4657 - 213.0253 - Caso2
- Caso 1: 6611

Pior Indivíduo -  
Resultados

- 732.4979 - Tempo6611 - Caso1
- Caso 2: 386.9741

Pior Indivíduo -  
Tempo

- Tempo: :29686- 251.5278 -Caso1
- Caso 2: 23264

# Experimentos

## Média dos Casos

- 305.4913
- Caso 1: 365.9423
- Caso 2: 245.0404

## Desvio Padrão dos Casos - Resultados

- 158.7223
- Caso 1: 199.9413
- Caso 2: 60.96815

## Desvio Padrão dos Casos - Tempo

- 6054.688
- Caso 1: 6795.8
- Caso 2: 5140.795

## Tempo Médio de Execução

- 11806
- Caso 1: 12782.27
- Caso 2: 10829.73

# Teste T Pareado

## RESULTADO

### Paired t-test

data: Tempo by Caso

t = 1.1767, df = 29, p-value = 0.2489

alternative hypothesis: true difference in means  
is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-1441.315 5346.381

sample estimates:

mean of the differences

1952.533

#MEDIA != #MEDIA 2

t.test(Resultado~Caso,data = dados)

### Welch Two Sample t-test

data: Tempo by Caso

t = 1.255, df = 54.003, p-value = 0.2149

alternative hypothesis: true difference in means  
is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-1166.553 5071.619

sample estimates:

mean in group Caso1 mean in group Caso2

12782.27

10829.73

# Teste T Pareado

#MEDIA < #MEDIA 2

```
t.test(Resultado~Caso, data = dados,  
alternative="l")
```

Welch Two Sample t-test

data: Tempo by Caso

t = 1.255, df = 54.003, p-value = 0.8926

alternative hypothesis: true difference in means  
is less than 0

95 percent confidence interval:

-Inf 4556.178

sample estimates:

mean in group Caso1 mean in group Caso2

12782.27

10829.73

#MEDIA > #MEDIA 2

```
t.test(Resultado~Caso, data = dados,  
alternative="g")
```

Welch Two Sample t-test

data: Tempo by Caso

t = 1.255, df = 54.003, p-value = 0.1074

alternative hypothesis: true difference in means  
is greater than 0

95 percent confidence interval:

-651.1118 Inf

sample estimates:

mean in group Caso1 mean in group Caso2

12782.27

10829.73



# Calculadora Estadística

## P value and statistical significance:

The two-tailed P value equals 0.0002

By conventional criteria, this difference is considered to be extremely statistically significant.

## Confidence interval:

The mean of Caso1 minus Caso2 equals 120.901894305033

95% confidence interval of this difference: From 63.223136522109 to 178.580652087957

## Intermediate values used in calculations:

$t = 4.2871$

$df = 29$

standard error of difference = 28.202

## Learn more:

GraphPad's web site includes portions of the manual for GraphPad Prism that can help you learn statistics. First, review the meaning of P values and confidence intervals. Then learn how to interpret results from an unpaired or paired t test.

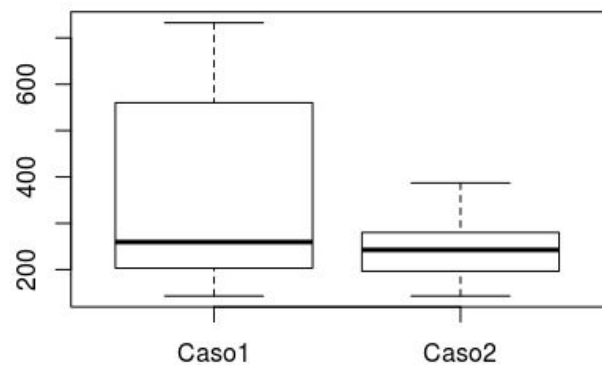
These links include GraphPad's popular *analysis checklists*.

# Calculadora Estadística

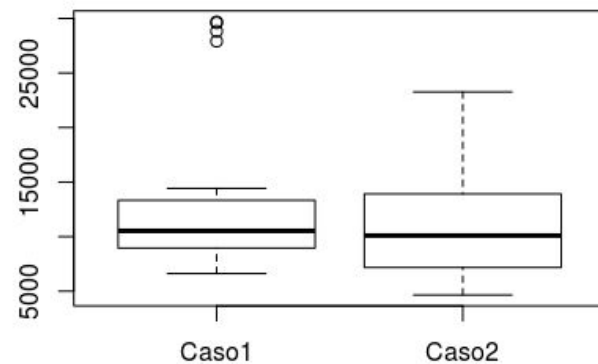
Group	Caso1	Caso2
Mean	365.942263345820	245.040369040787
SD	199.941267083063	60.968150573026
SEM	36.504114052520	11.131210452739
N	30	30

# BoxPlot

RESULTADOS



TEMPO



# Análise

		Melhor Indivíduo -Tempo	Pior Indivíduo - Resultados	Pior Indivíduo - Tempo
AG	999.8255 Caso 1   999.8255	845 Caso 2   1098	999.8388 Caso 2   999.8388	2398 Caso 1  1129
EE	1141.235 Caso 2  1302.221	18051 Caso 2  23007	1390.713 Caso1   1374.161	24615 Caso 1   21025
ED	143.2822 Caso 1 143.2822	4657 Caso 2  6611	732.4979 Caso 1  386.9741	29686 caso 1   23264

# Análise

	Média	DP-Resultados	DP-Tempo	Tempo Médio
AG	999.8266 999.8255 99.8277	0.00249965 1.798308e-06 0.003175489	217.42  230.6753  54.21664	105735  1196.433  918.2667
EE	1301.346 1301.346 1259.266	77.29612  24.86318  88.73339	2458.485 546.7295 546.7295	20956.37 23349.57 18563.17
ED	305.4913 365.9423 245.0404	158.7223  199.9413  60.96815	6054.688 6795.8  5140.795	11806  12782.27 10829.73

# Anova AG x EE

Summary of Data			
	<i>Treatments</i>		
	1	2	Total
N	30	30	60
$\Sigma X$	29994.764	37777.9825	67772.7466
Mean	999.8255	1259.2661	1129.5458
$\Sigma X^2$	29989528.9983	47800866.8898	77790395.8881
Std.Dev.	0	88.7334	144.8539

# Anova AG x EE

Result Details				
<i>Source</i>	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	
Between-treatments	1009641.4955	1	1009641.4955	$F = 256.46203$
Within-treatments	228334.8038	58	3936.807	
Total	1237976.2993	59		

# Anova AG x ED

Summary of Data						
	<i>Treatments</i>					
	1	2	3	4	5	Total
N	30	25				55
$\Sigma X$	29994.7 64	8749.32 71				38744.0 912
Mean	999.825 5	349.973 1				704.438
$\Sigma X^2$	299895 28.9983	399222 1.4573				339817 50.4556
Std.Dev.	0	196.870				351.950



# Anova AG x ED

Result Details				
<i>Source</i>	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	
Between-treatments	5758747.0955	1	5758747.0955	$F = 328.11876$
Within-treatments	930192.459	53	17550.8011	
Total	6688939.5544	54		