

RELATÓRIO DE COMPUTAÇÃO EVOLUCIONÁRIA

1. Introdução

O objetivo do trabalho prático foi implementar um algoritmo genético capaz de realizar minimização da função de Rastrigin.

$$f(x) = 10n + \sum_{i=1}^n [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)]$$

Intervalo: $-5,12 \leq x_i \leq 5,12$

Mínimo global: $f(x) = 0 / n = 2$

2. Considerações gerais

Aplicação de **representação** real dos cromossomos do indivíduo. Cada indivíduo contém um vetor de números em ponto flutuante e cada elemento do vetor corresponde a um dos parâmetros da função a ser minimizada.

Inicialização da população de forma aleatória.

O **critério de parada** é o número de gerações = 300.

Variáveis:

```
int numeroDeVariaveis = 100; //VARIABLES
int tamPopulacao = 100; // VARIABLES
double taxMutacao = 0.3, taxCrossover = 0.8; //TAXES
double interMin = -5.12, interMax = 5.12; //INTERVAL
```

Função de fitness: ranking linear

Seleção de indivíduos para a composição da nova população: Torneio

//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);

```

3. Operadores 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);
            }
        }
    }
}

```

--

```

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++;
    }
}
}

```

4. 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()));
}

```

5. Casos de Teste

Cada execução testará aleatoriamente os dois casos de teste, executando duas vezes o número de gerações definido.

Casos	Crossover	Mutação
1	Crossover	Mutacao1
2	Crossover	Mutacao2

6. Experimento

- Número de execuções: **30**.
- Execuções de casos: **aleatórios**.
- Melhor Indivíduo

RESULTADOS	
Melhor Indivíduo Geral	Replicacao Caso Resultado Tempo 28 Caso1 999.8255 1135
Melhor Indivíduo do Caso 1	Replicacao Caso Resultado Tempo 28 Caso1 999.8255 1135

Melhor Indivíduo do Caso 2	Replicacao Caso Resultado Tempo 27 Caso2 999.8255 897
----------------------------	--

TEMPO	
Melhor Indivíduo Geral	Replicacao Caso Resultado Tempo 22 Caso2 999.8255 845
Melhor Indivíduo do Caso 1	Replicacao Caso Resultado Tempo 17 Caso1 999.8255 1098
Melhor Indivíduo do Caso 2	Replicacao Caso Resultado Tempo 22 Caso2 999.8255 845

d. Pior Indivíduo

RESULTADOS	
Pior Indivíduo Geral	Replicacao Caso Resultado Tempo 0 Caso2 999.8388 1129
Pior Indivíduo do Caso 1	Replicacao Caso Resultado Tempo 20 Caso1 999.8255 1136
Pior Indivíduo do Caso 2	Replicacao Caso Resultado Tempo 0 Caso2 999.8388 1129

TEMPO	
Pior Indivíduo Geral	Replicacao Caso Resultado Tempo 0 Caso1 999.8255 2398
Pior Indivíduo do Caso 1	Replicacao Caso Resultado Tempo 0 Caso1 999.8255 2398
Pior Indivíduo do Caso 2	Replicacao Caso Resultado Tempo 0 Caso2 999.8388 1129

e. Média para Casos

Resultado Geral: **999.8266**
Resultado Caso1: **999.8255**
Resultado Caso2: **999.8277**

f. Desvio Padrão para Casos
Resultado Geral: **0.00249965**
Tempo Geral: **217.42**
Resultado Caso1: **1.798308e-06**
Resultado Caso2: **0.003175489**
Tempo Caso1: **230.6753**
Tempo Caso2: **54.21664**

g. Tempo Médio de Execução
Tempo Geral: **1057.35**
Tempo Caso1: **1196.433**
Tempo Caso2: **918.2667**

h. *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
```

```
#media1 != #media2
> 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
```

```
#media1 < media2
> 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
```

```
#media1 > media2
> 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
```

TEMPO

```
> t.test(Tempo~Caso, paired = T,data = dados)
Paired t-test
```

```
data: Tempo by Caso
t = 7.9118, df = 29, p-value = 1.002e-08
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
    206.2593 350.0740
sample estimates:
mean of the differences
    278.1667
```

```
#media1 != #media2
> t.test(Tempo~Caso, data= dados)
```

Welch Two Sample t-test

```

data: Tempo by Caso
t = 6.4297, df = 32.194, p-value = 3.062e-07
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 190.0637 366.2696
sample estimates:
mean in group Caso1 mean in group Caso2
      1196.4333      918.2667

```

```

#media1 < media2
> t.test(Tempo~Caso, data = dados, alternative="l")

```

Welch Two Sample t-test

```

data: Tempo by Caso
t = 6.4297, df = 32.194, p-value = 1
alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
95 percent confidence interval:
 -Inf 351.4361
sample estimates:
mean in group Caso1 mean in group Caso2
      1196.4333      918.2667

```

```

#media1 > #media2
> t.test(Tempo~Caso, data = dados, alternative="g")

```

Welch Two Sample t-test

```

data: Tempo by Caso
t = 6.4297, df = 32.194, p-value = 1.531e-07
alternative hypothesis: true difference in means is greater than 0
95 percent confidence interval:
 204.8972      Inf
sample estimates:
mean in group Caso1 mean in group Caso2
      1196.4333      918.2667

```

- i. *p-value*
????
- j. Calculadora Estadística

P value and statistical significance:

The two-tailed P value equals 0.0003

Confidence interval:

The mean of Group One minus Group Two equals -0.002254160133
95% confidence interval of this difference: From -0.003414680368 to -0.001093639898

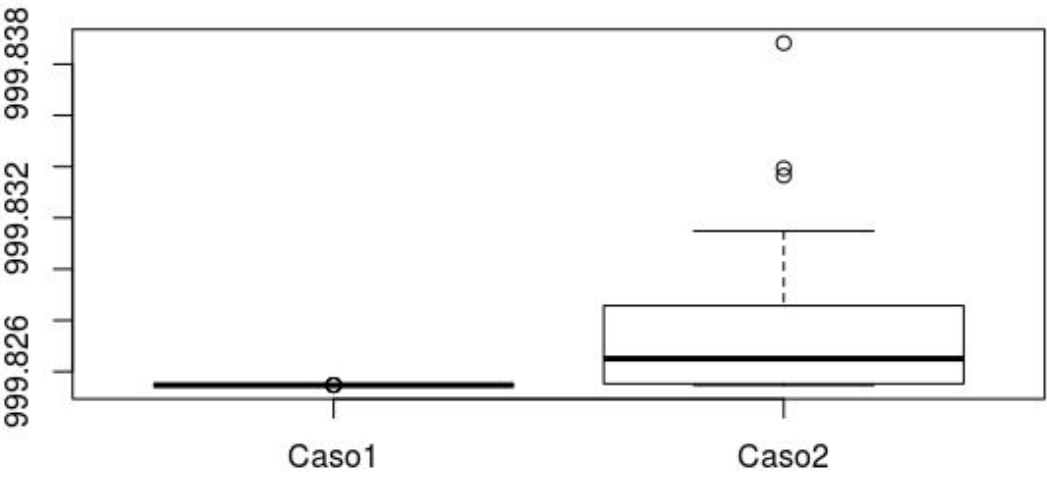
Intermediate values used in calculations:

t = 3.8881
df = 58
standard error of difference = 0.001

Group	Group One	Group Two
Mean	999.82546807442	999.82772223456
	7	0
SD	0.000001798311	0.003175488510
SEM	0.000000328325	0.000579762229
N	30	30

-----B

loxplot
RESULTADO



TEMPO

