
Aplicação de Algoritmos Genéticos para a Mineração de Regras SE-ENTÃO em Conjuntos de Dados com Distribuição Não-Linear

Maicon Douglas dos Santos Matos



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

Uberlândia
2018

Maicon Douglas dos Santos Matos

**Aplicação de Algoritmos Genéticos para a
Mineração de Regras SE-ENTÃO em Conjuntos
de Dados com Distribuição Não-Linear**

Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-graduação da Faculdade de Computação da Universidade Federal de Uberlândia como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ciência da Computação.

Área de concentração: Ciência da Computação

Orientador: Laurence Rodrigues do Amaral

Uberlândia
2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

M433a Matos, Maicon Douglas dos Santos, 1994-
2018 Aplicação de algoritmos genéticos para a mineração de regras SE-
ENTÃO em conjuntos de dados com distribuição não-linear / Maicon
Douglas dos Santos Matos. - 2018.
148 f. : il.

Orientador: Laurence Rodrigues do Amaral.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação.
Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2018.199>
Inclui bibliografia.

1. Computação - Teses. 2. Algoritmos genéticos - Teses. I. Amaral,
Laurence Rodrigues do, 1978- II. Universidade Federal de Uberlândia.
Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação. III. Título.

CDU: 681.3

Maria Salete de Freitas Pinheiro – CRB6/1262

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

Os abaixo assinados, por meio deste, certificam que leram e recomendam para a Faculdade de Computação a aceitação da dissertação intitulada "**Aplicação de Algoritmos Genéticos para a Mineração de Regras SE-ENTÃO em Conjuntos de Dados com Distribuição Não-Linear**" por **Maicon Douglas dos Santos Matos** como parte dos requisitos exigidos para a obtenção do título de **Mestre em Ciência da Computação**.

Uberlândia, 09 de fevereiro de 2018

Orientador: _____
Prof. Dr. Laurence Rodrigues do Amaral
Universidade Federal de Uberlândia

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Paulo Henrique Ribeiro Gabriel
Universidade Federal de Uberlândia

Prof. Dr. Edimilson Batista dos Santos
Universidade Federal de São João del Rei

*Dedico este trabalho à minha noiva, Mariem Cristina; aos meus pais, Antonio e Gislei;
aos meus irmãos, Mateus e Felipe; à minha família e amigos, por todo apoio, amor e
incentivo durante cada desafio.*

Agradecimentos

Agradeço...

A Deus, por minha vida e por me dar sabedoria e perseverança para enfrentar todos os desafios e sempre ter forças para persistir no meu crescimento independente dos empecilhos encontrados.

Aos meus pais Antônio e Gislei pela minha educação, pela dedicação, apoio, confiança, carinho e amor em todos os momentos e principalmente por formar a pessoa que sou hoje.

Aos meus irmãos Mateus e Felipe por serem meus maiores tesouros e orgulho.

Aos meus tios e padrinhos Geraldo e Gilvania pela força a mim depositada.

À minha noiva Mariem, com quem sempre posso contar verdadeiramente, por ter me apoiado emocionalmente durante este projeto. Você me deu muita força, tranquilidade, suporte, paz, alegria e amor. Te amo.

Aos meus amigos Guilherme e Vitor por acreditarem em mim e por terem me auxiliado nesta caminhada. À Fabíola pela generosidade e apoio e à Maria Eugênia pela contribuição prestada.

Aos meus colegas e amigos que fizeram parte dessa fase da minha vida, que direta ou indiretamente contribuíram nesse objetivo da minha vida profissional. Aos professores e funcionários do PPGCO-UFU, que são responsáveis pela manutenção e crescimento do curso, em especial ao secretário da PPGCO Erisvaldo que está sempre muito próximo aos alunos e de prontidão para nos auxiliar.

À CAPES e ao CNPq pela ajuda financeira durante 18 meses desse projeto.

Ao Professor Dr. Clarimundo por me apresentar uma das áreas que mais me interessa no âmbito da computação e pelo exemplo de dedicação absoluta à profissão.

Às Professoras Danielli, Lidia e Cintia pelo apoio no meu ingresso no mestrado.

Em especial, ao meu orientador Professor Dr. Laurence pelo apoio, profissionalismo, tranquilidade e orientação em todos os momentos da realização deste trabalho. Acredito que a profissão de professor deve ser respeitada e glorificada, por ser o profissional responsável pelo incentivo e divulgação do conhecimento na sociedade. Desta forma muito obrigado por toda paciência e tempo dedicado em me ajudar nesse projeto e no meu crescimento profissional.

“Cada sonho que você deixa pra trás, é um pedaço do seu futuro que deixa de existir.”
(Steve Jobs)

Resumo

O presente trabalho tem a finalidade de realizar a mineração de regras de classificação de alto nível (SE-ENTÃO) em conjunto de dados com atributos contínuos e distribuição de dados não linear, de maneira precisa e comprehensível. Desse modo, utilizou-se a técnica de Algoritmos Genéticos (AGs) — métodos de pesquisa computacional baseados na teoria evolutiva de Darwin — para desenvolver dois algoritmos: o MIRGA e MDRGA. O MIRGA é uma extensão do algoritmo NLCEE de Amaral e Hruschka, e seus resultados foram promissores em comparação ao NLCEE. Consequentemente originou-se o segundo algoritmo, o MDRGA, que obteve o melhor resultado de classificação para os conjuntos de dados *Diabetes*, *Sonar*, *Iris*, *Bupa* e *Ionosphere* em comparação a outros métodos baseados em AG (CEE e NLCEE) e métodos de classificação tradicionais, tais como: J48, *Random Forest*, PART, *Naive Bayes*, IBK e MLP.

Palavras-chave: Algoritmos Genéticos (AGs). AGs não lineares. Tarefa de classificação. Conjuntos de dados não lineares. Regras SE-ENTÃO.

Abstract

The present work has the purpose of accomplishing the mining of high-level classification rules (IF-THEN) in data set with continuous attributes and non-linear data distribution, in a precise and comprehensible way. Thus, we used the Genetic Algorithm (GA) technique - computational research methods based on Darwin's evolutionary theory - to develop two algorithms, MIRGA and MDRGA. The MIRGA is an extension of the NLCEE algorithm of Amaral and Hruschka, and its results were similar and even inferior in comparison to the NLCEE. Consequently, the second algorithm, MDRGA, was originated and it has obtained the best classification result for the data sets, Sonar, Iris, Bupa and Ionosphere, in comparison to other methods based on GA (CEE and NLCEE) and traditional classification methods, such as: J48, Random Forest, PART, Naive Bayes, IBK and MLP.

Keywords: Genetic Algorithms (GAs). Nonlinear GAs. Classification task. Non-linear data sets. Rules IF-THEN.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Associações entre registros de dados e classes	30
Figura 2 – Arquivo .arrf	32
Figura 3 – Árvore de Decisão para Jogar Tênis	32
Figura 4 – Distribuição Linear e Não-Linear, respectivamente. Os pontos azuis e alaranjados representam duas distribuições, denotando duas classes (Amostra 1 e Amostra 2).	34
Figura 5 – Gráfico porta XOR	35
Figura 6 – Fluxograma do Algoritmo Genético	38
Figura 7 – Cromossomo	39
Figura 8 – População Inicial	40
Figura 9 – Roleta da População	42
Figura 10 – Crossover entre dois indivíduos	42
Figura 11 – Mutação de um indivíduo	43
Figura 12 – Representação do indivíduo em (FIDELIS; LOPES; FREITAS, 2000) .	48
Figura 13 – Representação do indivíduo proposta em (AMARAL; HRUSCHKA, 2011)	52
Figura 14 – Possíveis regras geradas pelo modelo proposto em (AMARAL; HRUSCHKA, 2011)	53
Figura 15 – MIRGA - Representação do Cromossomo	58
Figura 16 – Intervalos das estruturas	58
Figura 17 – MIRGA - Exemplo 1 do cromossomo	59
Figura 18 – MIRGA - Exemplo 2 do cromossomo	60
Figura 19 – MIRGA - Exemplo 3 do cromossomo	60
Figura 20 – MIRGA - Exemplo 4 do cromossomo	60
Figura 21 – MDRGA - Representação do Cromossomo	62
Figura 22 – MDRGA - Exemplo 1 do cromossomo	62
Figura 23 – MDRGA - Conjunto do primeiro exemplo	63
Figura 24 – MDRGA - Exemplo 2 do cromossomo	63

Figura 25 – MDRGA - Conjunto do segundo exemplo	64
Figura 26 – MDRGA - Exemplo 3 do cromossomo	64
Figura 27 – 10-fold cross-validation	68

Lista de tabelas

Tabela 1 – Conjunto de Dados para Jogar Tênis	31
Tabela 2 – Itens de sobrevivência	39
Tabela 3 – <i>Fitness</i> dos cromossomos	40
Tabela 4 – Percentagem e <i>fitness</i> dos cromossomos	41
Tabela 5 – Trabalhos correlatos	47
Tabela 6 – Fração do Conjunto de Dados <i>Dermatology</i>	49
Tabela 7 – Previsão da regra: SE <i>itching</i> = 3 ENTÃO <i>psoriasis</i>	50
Tabela 8 – Resultados publicados por Fidelis para o conjunto de dados <i>Dermatology</i>	50
Tabela 9 – Resultados publicados por Fidelis para o conjunto de dados <i>Breast cancer</i>	51
Tabela 10 – Resultados dos <i>10-folds</i> , publicado em (AMARAL; HRUSCHKA, 2010)	52
Tabela 11 – Resultados dos <i>10-folds</i> , publicado em (AMARAL; HRUSCHKA, 2011)	54
Tabela 12 – Tabela verdade- XOR	61
Tabela 13 – Conjunto de Configurações de Parâmetros	68
Tabela 14 – Geração de novas bases Madelon	70
Tabela 15 – Conjunto de Dados	71
Tabela 16 – Melhor configuração de cada AG por conjunto de dados	73
Tabela 17 – Comparação dos AGs propostos, correlatos e classificadores tradicionais com as melhores configurações de parâmetros sobre os conjuntos de dados	74
Tabela 18 – Comparação dos AGs CEE, NLCEE, MIRGA e MDRGA utilizando a configuração padrão sobre os conjuntos de dados	75
Tabela 19 – Tamanho do conhecimento gerado	76
Tabela 20 – Regras geradas pelos algoritmos propostos	76
Tabela 21 – Resultados apresentados em (SHAHZAD, 2017) e (TAN; YU; LEE, 2005) sobre alguns conjunto de dados utilizados.	78
Tabela 22 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Diabetes</i> com as configurações 1 a 5.	87

Tabela 23 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Diabetes</i> com as configurações 6 a 10.	89
Tabela 24 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Sonar</i> com as configurações 1 a 5.	91
Tabela 25 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Sonar</i> com as configurações 6 a 10.	93
Tabela 26 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 1 a 5.	94
Tabela 27 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 6 a 10.	96
Tabela 28 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 1 a 5.	98
Tabela 29 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 6 a 10.	100
Tabela 30 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Iris</i> com as configurações 1 a 5.	102
Tabela 31 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Iris</i> com as configurações 6 a 10.	104
Tabela 32 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Bupa</i> com as configurações 1 a 5.	105
Tabela 33 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Bupa</i> com as configurações 6 a 10.	107
Tabela 34 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Ionosphere</i> com as configurações 1 a 5.	109
Tabela 35 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Ionosphere</i> com as configurações 6 a 10.	111
Tabela 36 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Breast-W</i> com as configurações 1 a 5.	113
Tabela 37 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados <i>Breast-W</i> com as configurações 6 a 10.	115
Tabela 38 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Diabetes</i> com as configurações 1 a 7.	117
Tabela 39 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Diabetes</i> com as configurações 8 a 14.	118
Tabela 40 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Sonar</i> com as configurações 1 a 7.	120
Tabela 41 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Sonar</i> com as configurações 8 a 14.	122

Tabela 42 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 1 a 7.	124
Tabela 43 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 8 a 14.	126
Tabela 44 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 1 a 7.	128
Tabela 45 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 8 a 14.	129
Tabela 46 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Iris</i> com as configurações 1 a 5.	131
Tabela 47 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Iris</i> com as configurações 6 a 10.	133
Tabela 48 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Iris</i> com as configurações 11 a 14.	135
Tabela 49 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Bupa com as configurações 1 a 7.	137
Tabela 50 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Bupa com as configurações 8 a 14.	139
Tabela 51 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Ionosphere</i> com as configurações 1 a 7.	140
Tabela 52 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Ionosphere</i> com as configurações 8 a 14.	142
Tabela 53 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Breast-W</i> com as configurações 1 a 7.	144
Tabela 54 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados <i>Breast-W</i> com as configurações 8 a 14.	146

Lista de siglas

AGs Algoritmos Genéticos

CEE *Computational Evolutionary Environment*

GO *Gene Ontology*

LS Linearmente Separáveis

MD Mineração de Dados

MDRGA *Multiple Disjunctions Rule Genetic Algorithm*

MIRGA *Multiple Intervals Rule Genetic Algorithm*

ML *Machine Learning*

MLP *Multilayer Perceptron*

NLCEE *Non-Linear Computational Evolutionary Environment*

NLS Não Linearmente Separáveis

Nger Número de gerações

Tc Taxa de *crossover*

Tm Taxa de mutação

Tme Taxa de mutação estrutural

Tp Tamanho da população

Sumário

1	INTRODUÇÃO	25
1.1	Motivação	26
1.2	Objetivos e Desafios da Pesquisa	27
1.3	Hipótese	27
1.4	Contribuições	27
1.5	Organização da Dissertação	28
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	29
2.1	Classificação	29
2.1.1	Métricas de Avaliação	33
2.2	Distribuição Linear e Não-Linear	34
2.3	Algoritmos Genéticos	35
2.3.1	Representação do Indivíduo	39
2.3.2	População Inicial	39
2.3.3	<i>Fitness</i> ou Avaliação	40
2.3.4	Seleção dos Pais	41
2.3.5	<i>Crossover</i> ou Cruzamento	42
2.3.6	Mutação	43
2.3.7	Métodos de Reinserção	43
2.3.8	Critério de Parada	44
2.3.9	Parâmetros Genéticos	44
2.4	Considerações Finais	44
3	TRABALHOS CORRELATOS	47
3.1	Proposta Fidelis 2000	48
3.2	Proposta Amaral 2010 - CEE	51
3.3	Proposta Amaral 2011 - NLCEE	52
3.4	Considerações Finais	54

4	PROPOSTAS	57
4.1	MIRGA	57
4.2	MDRGA	61
4.3	Detalhes dos AGs	65
4.4	Considerações Finais	66
5	EXPERIMENTOS E ANÁLISE DOS RESULTADOS	67
5.1	Método para a Avaliação	67
5.1.1	Validação Cruzada	67
5.1.2	Conjunto de parâmetros	68
5.1.3	Conjunto de dados	69
5.2	Comparativo	71
6	CONCLUSÃO	79
6.1	Principais Contribuições	79
6.2	Trabalhos Futuros	80
6.3	Contribuições em Produção Bibliográfica	80
REFERÊNCIAS		81

APÊNDICES 85

APÊNDICE A – RESULTADOS DE EXECUÇÃO	87	
A.1	MIRGA	87
A.2	MDRGA	117

CAPÍTULO 1

Introdução

Uma das áreas em constante crescimento na computação, atualmente e nas últimas décadas, é a Mineração de Dados (MD), do inglês *Data Mining*. Esta área teve início nos anos 80, quando os profissionais das empresas e organizações começaram a se preocupar com os grandes volumes de dados armazenados e não utilizados. Informações como quanto cada cliente costuma consumir, qual o seu padrão de gastos, nível de débito, dentre outras, são de grande importância para as corporações. Assim, a Mineração de dados começou a receber mais atenção devido a sua ajuda na resposta a esses questionamentos (AMO, 2004).

Turban e colaboradores definem a MD como “o processo que utiliza técnicas de estatística, matemática, inteligência artificial e de aprendizado de máquina para extrair e identificar informações úteis e, posteriormente, adquirir conhecimento a partir de grandes bases de dados”(TURBAN; SHARDA; DELEN, 2007).

Muitas organizações têm coletado e armazenado uma riqueza de dados sobre seus clientes atuais, potenciais clientes, fornecedores e parceiros de negócios. No entanto, a incapacidade de se obter informação valiosa escondida nos dados impede as organizações de transformar esses dados em conhecimento (BERSON; SMITH, 2002). Ferramentas de MD podem ajudar essas organizações a descobrir o conhecimento oculto nessa enorme quantidade de dados.

A MD combina métodos tradicionais de análise de dados com algoritmos sofisticados para processar grandes volumes de dados. Desta forma, a MD está relacionada à descoberta automática de informações úteis em conjunto de dados e suas técnicas tem por objetivo descobrir padrões úteis (TAN; STEINBACH; KUMAR, 2009). Segundo Amo (2004), a MD consiste na especificação do que estamos querendo buscar nos dados e que tipo de padrão queremos encontrar (por exemplo, qual é o padrão de compra dos consumidores; quais clientes estão trazendo prejuízo para uma instituição financeira). Dentre as principais técnicas pode-se citar as de aprendizado de máquina, estatísticas e baseadas em crescimento-poda-validação. As principais tarefas de MD segundo Tan (2009) são a detecção de anomalias, regras de associação, agrupamento (clusterização) e classificação.

A tarefa de classificação é um aprendizado supervisionado no qual sua base de conhecimento é rotulada — isso é, possui uma classe ou atributo alvo que determina à qual grupo cada registro pertence. A classificação pode ser usada em diversas áreas, como na medicina, para diagnosticar pacientes com tumor e outras patologias; no mercado financeiro, para realizar análise de crédito. Para isto, deve ser construído um modelo que busca encontrar padrões nos dados e minerar características em cada classe. Maiores detalhes sobre a tarefa de classificação serão abordados na Seção 2.1.

Os modelos de classificação podem ser divididos em duas categorias: os modelos tipo caixa preta e os modelos tipo caixa branca (PAPPA; FREITAS, 2009). A grande distinção entre esses dois tipos de classificadores está na forma como fornecem seus resultados. Os classificadores caixa preta fornecem apenas a classe à qual o registro pertence. Dentro alguns exemplos destes classificadores, encontram-se o *Naive Bayes* (DUDA; HART, 1973), IBK (AHA; KIBLER, 1991) e *Multilayer Perceptron* (MLP) (RUMELHART; HINTON; WILLIAMS, 1985). Já os classificadores do tipo caixa branca fornecem, além da classe, conhecimento ao especialista na forma de árvores de decisão como J48 (QUINLAN, 1993), *Random Forest* (HO, 1995) ou regras do tipo SE-ENTÃO como PART (FRANK; WITTEN, 1998), por exemplo.

Neste trabalho, o problema da classificação é investigado e propõe-se uma abordagem que utiliza Algoritmos Genéticos (AGs) capazes de minerar regras do tipo SE-ENTÃO em conjuntos de dados com distribuição não-linear e atributos contínuos. Os resultados dos experimentos demonstram que a abordagem proposta produz classificadores comparáveis aos métodos CEE e NLCEE, propostos por Amaral e Hruschka (2010 e 2011), e também a métodos tradicionais como J48, *Random Forest*, PART, *Naive Bayes*, IBK e *Multilayer Perceptron* (MLP).

1.1 Motivação

A utilização de Algoritmos Genéticos neste trabalho, remete ao fato da linha de pesquisa ter uma forte relação com o autor, já no início da graduação em projetos de iniciação científica. Buscando o desenvolvimento da técnica em abordagens que fujam do seu convencional, foi adotado o problema de mineração de regras SE-ENTÃO, dado continuidade na pesquisa de Amaral e Hruschka (2011).

Os classificadores do tipo caixa-branca que geram conhecimento na forma de árvore de decisão como J48 e *Random Forest*, conseguem classificar conjuntos de dados com distribuição não-linear. Entretanto o conhecimento gerado é de difícil compreensão para o especialista, pois as árvores geradas podem ser extensas e complexas. Dessa forma, a motivação desse trabalho é realizar tal tarefa de maneira eficiente, com bons resultados e de fácil compreensão.

1.2 Objetivos e Desafios da Pesquisa

Propor uma abordagem em Algoritmos Genéticos (AGs) eficiente, que seja capaz de realizar a mineração de regras SE-ENTÃO simples e não-lineares à partir de conjuntos de dados com distribuição não-linear e com atributos contínuos.

Os objetivos específicos são:

1. Propor uma abordagem que obtenha bons valores de classificação, melhores que os obtidos por outros métodos;
2. Construir regras SE-ENTÃO simples para que esse conhecimento gerado possa auxiliar o especialista na tomada de decisão e com poucos atributos na parte SE da regra;
3. Comparar e avaliar os métodos propostos com outros métodos já publicados na literatura.

1.3 Hipótese

Com o desenvolvimento de uma nova abordagem espera-se que o mesmo obtenha boas taxas de classificação, baixa variação dos resultados em muitas execuções e regras simples e pequenas.

Perguntas associadas à hipótese:

1. A nova abordagem irá obter melhor taxa de classificação em comparação aos trabalhos correlatos?
2. A nova abordagem irá obter melhor taxa de classificação em comparação com os métodos tradicionais já existentes na literatura?
3. A nova abordagem trará resultados com baixa variação em um grande número de execuções?
4. A nova abordagem irá gerar regras SE-ENTÃO pequenas o suficiente para ser comprehensível por um especialista humano?

1.4 Contribuições

As contribuições dessa abordagem proposta são:

1. AG para classificação em dados contínuos e não-lineares, do tipo caixa branca (regras de alto nível SE-ENTÃO) e com alta assertividade;

2. Dois novos tipos de cromossomos com estrutura dinâmica, na qual a primeira é uma extensão do algoritmo NLCEE (AMARAL; HRUSCHKA, 2011) e a segunda é uma nova abordagem;
3. Novo operador genético nomeado como “mutação estrutural” que estabelece a probabilidade da estrutura do cromossomo sofrer alteração e o mecanismo de modificação nas probabilidades com a evolução das gerações do AG;
4. Novo método que define o limite do segmento *weight*, que determina se o gene está ou não presente na regra.

1.5 Organização da Dissertação

Esse documento está organizado da seguinte maneira: na Seção 2 serão abordadas as técnicas utilizadas na presente pesquisa; na Seção 3 os trabalhos correlatos na literatura; na Seção 4 são apresentadas as propostas e contribuições; na Seção 5 são apresentados os conjuntos de dados utilizados na pesquisa, as avaliações estatísticas utilizadas para validar os modelos propostos e os resultados obtidos e por fim na Seção 6 é apresentada a conclusão.

CAPÍTULO 2

Fundamentação Teórica

Nesse capítulo são abordados os trabalhos relacionados, técnicas e/ou conceitos essenciais para a compreensão do trabalho proposto neste documento. Este capítulo está organizado da seguinte maneira. Na seção 2.1 é apresentada a tarefa de classificação de dados; na seção 2.2 a distribuição de dados lineares e não-lineares e a seção 2.3 apresenta a técnica de Inteligência Artificial (IA), chamada Algoritmos Genéticos (AG), técnica utilizada nesse trabalho.

2.1 Classificação

Segundo Amo (2004) a tarefa de classificação é o processo de encontrar um conjunto de modelos (funções) que descrevem e distinguem classes ou conceitos, com o propósito de utilizar o modelo para predizer a classe de objetos que ainda não foram classificados. Sendo assim, o modelo aprende as características do conjunto de dados e utiliza este conhecimento para prever a classe ou rótulo a qual o novo objeto pertence.

Considere X um conjunto de dados e Y um conjunto de classes, conforme a Figura 1. A tarefa de classificação busca por uma função f que permita associar corretamente cada registro X_i a uma única classe categórica, Y_j . Dada a função $h = f(X_i)$, h é a classe inferida de X_i , através de f . O objetivo da classificação é encontrar uma função f , na qual o valor de h seja igual à classe de X_i , com o menor erro em todo conjunto X (GOLDSCHMIDT; PASSOS, 2017).

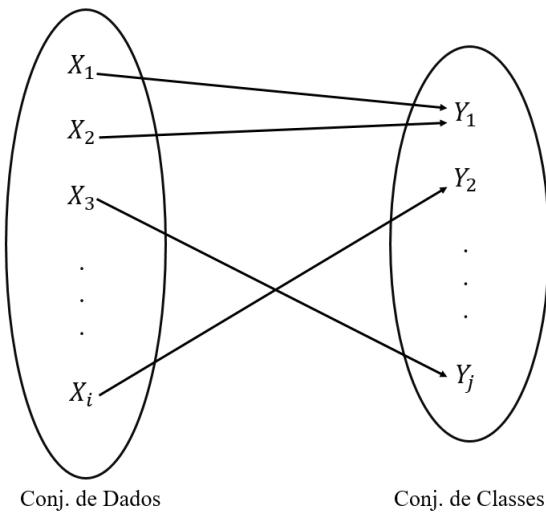


Figura 1 – Associações entre registros de dados e classes

A tarefa de classificação assemelha-se à percepção do ser humano em distinguir coisas e objetos por suas características, ou seja, saber identificar o que é uma maçã, um leão, uma árvore, entre outros. Como se ensina uma criança o que é uma girafa e como se pode diferenciá-la de uma zebra? É realizado um treinamento, onde são apresentadas várias girafas diferentes e indica-se que estes animais são girafas. Depois mostram-se várias zebras e menciona-se que aquelas são zebras. Assim, ela abstrai as características exclusivas de cada animal: a girafa possui pernas e pescoço compridos e pintas ao redor do corpo enquanto a zebra é de menor porte e tem listras em preto e branco. A criança, então, aprendeu a diferenciar uma girafa de uma zebra.

Os algoritmos de classificação seguem o mesmo conceito apresentado anteriormente, sendo que é necessário informar vários indivíduos para o seu treinamento e a qual classe os mesmos pertencem. Uma vez que é necessário um conhecimento externo, muitas vezes de um especialista, considera-se esse processo um aprendizado supervisionado.

Estes conjuntos de características são agrupados em uma matriz bidimensional, denominada conjunto de dados ou *dataset*. As linhas representam cada exemplo ou amostra que será aprendida e as colunas suas características, nomeadas de atributos. A última coluna informa à qual classe aquela amostra pertence. Seguindo o exemplo apresentado, as linhas consistiriam em cada animal mostrado à criança e as colunas descreveriam o porte do animal, o tamanho de suas pernas, se possuíam pintas ou listras e suas cores. Na última coluna, aquele animal seria classificado como zebra ou girafa.

A classificação é, portanto, uma abordagem sistemática para a construção de modelos à partir de um conjunto de dados de entrada. Esses modelos podem ser árvores de decisão, classificadores baseados em regras, redes neurais artificiais, *Support Vector Machines*, classificadores bayesianos, dentre outros. Cada técnica emprega um algoritmo de aprendizado para construir um modelo de classificação, modelo esse que deve se adaptar bem

aos dados de entrada e prever corretamente seu rótulo de registros nunca vistos (TAN; STEINBACH; KUMAR, 2009).

A tarefa de classificação possui duas etapas:

1. Treinamento – etapa onde é realizada a criação do modelo de classificação utilizando parte dos registros existentes no conjunto de dados;
2. Teste – etapa onde é realizada a verificação e validação do modelo gerado no treinamento. Essa verificação e validação ocorre em uma fração menor de registros do conjunto de dados e tem por objetivo verificar o quanto eficiente é o modelo criado.

Para melhor entendimento da tarefa de classificação, um exemplo bem conhecido e prático será adotado. O problema de jogar tênis, cujo o objetivo é inferir se alguém vai ou não jogar tênis de acordo com as condições do clima. O conjunto de dados que será utilizado é exposto na Tabela 1.

Tabela 1 – Conjunto de Dados para Jogar Tênis

Dia	Aspecto	Temp.	Humidade	Vento	Jogar Tênis?
D1	Sol	Quente	Elevada	Fraco	NÃO
D2	Sol	Quente	Elevada	Forte	NÃO
D3	Nuvens	Quente	Elevada	Fraco	SIM
D4	Chuva	Amenos	Elevada	Fraco	SIM
D5	Chuva	Fresco	Normal	Fraco	SIM
D6	Chuva	Fresco	Normal	Forte	NÃO
D7	Nuvens	Fresco	Normal	Fraco	SIM
D8	Sol	Amenos	Elevada	Fraco	NÃO
D9	Sol	Fresco	Normal	Fraco	SIM
D10	Chuva	Amenos	Normal	Forte	SIM
D11	Sol	Amenos	Normal	Forte	SIM
D12	Nuvens	Amenos	Elevada	Forte	SIM
D13	Nuvens	Quente	Normal	Fraco	SIM
D14	Chuva	Amenos	Elevada	Forte	NÃO

Este conjunto de dados foi compilado em um arquivo com extensão *.ARFF*, exposto na Figura 2. Este é o formato padrão de leitura da ferramenta *Weka* (HALL et al., 2009) e o mesmo adotado pelas implementações deste trabalho. Este arquivo é dividido em duas seções: 1) onde são declarados os atributos, juntamente com o seu tipo de dado e o conjunto de classes, 2) os valores de cada amostra seguindo a ordem estabelecida na primeira seção.

```

1 @relation jogar-tenis
2
3 @attribute aspecto {Sol, Nuvens, Chuva}
4 @attribute tempo {Quente, Ameno, Fresco}
5 @attribute humidade {Elevada, Normal}
6 @attribute vento {Fraco, Forte}
7
8 @attribute class {SIM,NÃO}
9
10 @data
11 Sol, Quente, Elevada, Fraco, NÃO
12 Sol, Quente, Elevada, Forte, NÃO
13 Nuvens, Quente, Elevada, Fraco, SIM
14 Chuva, Ameno, Elevada, Fraco, SIM
15 Chuva, Fresco, Normal, Fraco, SIM
16 Chuva, Fresco, Normal, Forte, NÃO
17 Nuvens, Fresco, Normal, Fraco, SIM
18 Sol, Ameno, Elevada, Fraco, NÃO
19 Sol, Fresco, Normal, Fraco, SIM
20 Chuva, Ameno, Normal, Forte, SIM
21 Sol, Ameno, Normal, Forte, SIM
22 Nuvens, Ameno, Elevada, Forte, SIM
23 Nuvens, Quente, Normal, Fraco, SIM
24 Chuva, Ameno, Elevada, Forte, NÃO

```

Figura 2 – Arquivo .arrf

Para se obter um modelo que classifique corretamente este conjunto de dados, será utilizado o método J48 (QUINLAN, 1993), presente na ferramenta *Weka* (HALL et al., 2009), sendo gerado uma árvore de decisão, apresentada na Figura 3

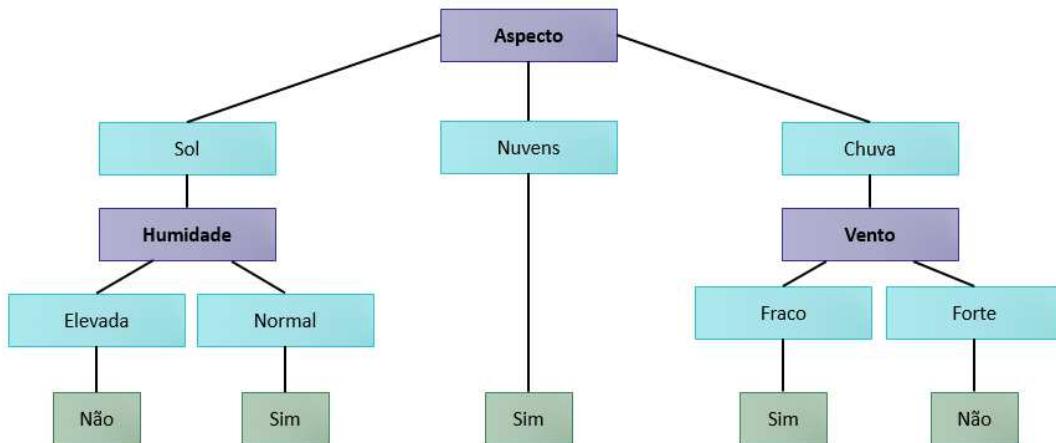


Figura 3 – Árvore de Decisão para Jogar Tênis

Os atributos são representados em roxo, enquanto o valor do atributo é representado em azul e o rótulo de sua classificação em verde. Então, como saber se alguém vai ou não jogar tênis? Basta ler a árvore de cima para baixo. Se o aspecto do dia, por exemplo, estiver ensolarado e a humidade for normal então se jogará tênis. Por outro lado se o aspecto for chuva e o vento forte não se jogará tênis.

Esta árvore também pode ser representada em regras SE-ENTÃO, na qual cada ramo forma uma regra de classificação. Como a árvore de decisão gerada possui 5 ramos, têm-se 5 regras:

1. SE (aspecto = sol & humidade = elevada) ENTÃO não
2. SE (aspecto = sol & humidade = normal) ENTÃO sim
3. SE (aspecto = nuvens) ENTÃO sim
4. SE (aspecto = chuva & vento = fraco) ENTÃO sim
5. SE (aspecto = chuva & vento = forte) ENTÃO não

Há vários métodos que podem ser empregados na resolução de problemas de classificação, tais como: MLP (Multilayer Perceptron) (RUMELHART; HINTON; WILLIAMS, 1985), C4.5 ou J48 (QUINLAN, 1993), Random Forest (HO, 1995), PART (FRANK; WITTEN, 1998), Naive Bayes (DUDA; HART, 1973), IBK (AHA; KIBLER, 1991), dentre outros. A ferramenta *Weka* (HALL et al., 2009) traz a implementação de todos os métodos supracitados.

2.1.1 Métricas de Avaliação

As métricas de avaliação mensuram o quanto preciso é o modelo de classificação. Há várias métricas de avaliação utilizadas na literatura, sendo a acurácia (*acc*), taxa de erro (*err*), especificidade (*sp*) e sensibilidade (*se*) as mais comuns e as que serão utilizadas nesse trabalho. Para se calcular *sp* e *se*, aplica-se o modelo criado em cada um dos registros presentes no conjunto de dados. Dependendo da classe gerada pelo modelo e da classe correta do registro, pode-se gerar quatro resultados: *TP* (*True Positive*), *TN* (*True Negative*), *FP* (*False Positive*) e *FN* (*False Negative*), sendo que:

- TP* - a regra prevê X, e realmente é X;
- FP* - a regra prevê X, porém não é X;
- TN* - a regra prevê que não é X, e de fato, não é X;
- FN* - a regra prevê que não é X, porém é X.

A *acc* é a medida de avaliação mais simples, calculando a quantidade de instâncias classificadas corretamente. A Equação 1 traz a fórmula para o cálculo da acurácia utilizada nesse trabalho e quanto mais próximo de 1 é o resultado de *acc* melhor é o modelo.

$$acc = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} \quad (1)$$

Aplicando o modelo gerado pela árvore de decisão da Figura 3, no conjunto de dados da Tabela 1 a acurácia será de 0.928, isso quer dizer que a árvore gerada classificou corretamente 92.8% dos registros.

A segunda métrica err é apresentada na Equação 2. O err é o oposto da acc , pois quanto mais próximo de 1 pior é o modelo. O exemplo anterior possui 1 erro, logo $err = 0.071$ ou 7,1%.

$$err = \frac{FP + FN}{TP + FP + TN + FN} \quad (2)$$

A sensibilidade (também chamada de *Recall*) é a proporção de positivos reais que são corretamente identificados como positivos pelo classificador (Equação 3).

$$se = \frac{TP}{TP + FN} \quad (3)$$

A especificidade refere-se à capacidade do classificador de identificar resultados negativos. Utilizando como exemplo em exame médico, a especificidade é a proporção de pacientes que não possuem determinada doença (Equação 4).

$$sp = \frac{TN}{TN + FP} \quad (4)$$

2.2 Distribuição Linear e Não-Linear

Dois subconjuntos X e Y são Linearmente Separáveis (LS) se houver um hiperplano P tal que elementos de X e Y estejam em lados opostos de P . Se não existir tal hiperplano P , esses subconjuntos são rotulados como Não Linearmente Separáveis (NLS) (ELIZONDO, 2006). A Figura 4 mostra um exemplo de conjunto de pontos LS e NLS. Os pontos azuis e alaranjados representam duas distribuições, denotando duas classes, denominadas Amostra 1 e Amostra 2.

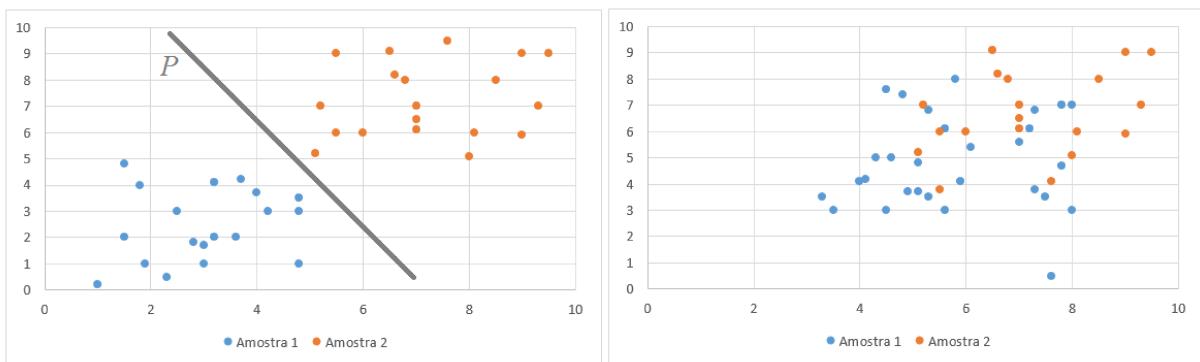


Figura 4 – Distribuição Linear e Não-Linear, respectivamente. Os pontos azuis e alaranjados representam duas distribuições, denotando duas classes (Amostra 1 e Amostra 2).

A separabilidade linear e não linear é um tópico importante nas áreas de MD e Aprendizado de Máquina (AM), do inglês *Machine Learning* (ML). Assim, na distribuição LS, os métodos de classificação são treinados para encontrar um hiperplano que separa linearmente os dados. Em NLS, os dados são mapeados em algum outro espaço euclidiano (ELIZONDO, 2006). Como pode ser visto na Figura 4, classificar amostras em conjuntos de dados não-lineares é uma tarefa muito mais complexa do que classificar conjuntos de dados linearmente separáveis.

Um exemplo simples para se ilustrar a não-linearidade é a porta lógica *XOR* (ou-exclusivo). Este problema rendeu muitas críticas negativas ao *perceptron* simples (*single layer perceptron* - SLP) de (ROSENBLATT, 1958) uma vez que seu modelo não era capaz de resolver este simples problema. A Figura 5 apresenta o gráfico com sua distribuição bidimensional e ao lado uma tabela com seus respectivos valores. Percebe-se que é impossível traçar uma reta que separe os pontos vermelhos dos azuis, representando um problema não-linear, no qual seria necessário duas retas para tal separação.

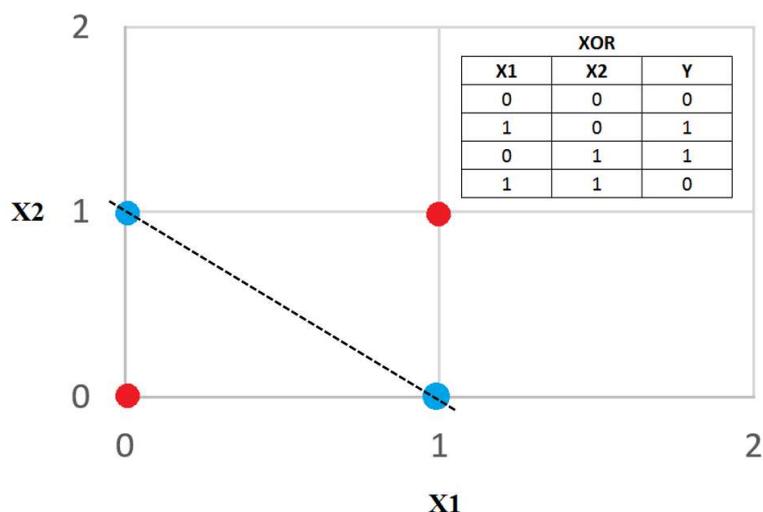


Figura 5 – Gráfico porta XOR

2.3 Algoritmos Genéticos

Os AGs foram propostos por John Henry Holland (1968) e foram aperfeiçoados por David E. Goldberg (1989). Os AGs fazem parte da Inteligência Artificial e seu funcionamento está baseado na teoria da evolução das espécies de Charles Darwin (1859), que afirma que “Não é a mais forte das espécies que sobrevive, nem a mais inteligente, mas sim a mais propícia à mudança”.

Como exemplo de evolução, observe uma situação hipotética onde toda população de uma cidade está sendo exposta por alguma fumaça tóxica e seus indivíduos estão tendo problemas respiratórios chegando a óbito. Entretanto outros indivíduos desenvolveram

resistência à toxina da fumaça possibilitando viver por mais tempo nestas condições. Esta resistência seria passada para seus filhos (herança genética) tornando-os completamente imunes à fumaça tóxica. Assim, teríamos uma população totalmente propícia a viver nas condições daquela cidade, uma vez que os novos indivíduos não seriam afetados. Este é, portanto, o conceito do processo do AG: inicialmente tem-se uma população e com a evolução das gerações, os indivíduos se adaptam às condições impostas a eles chegando, ao final, a uma população considerada boa.

Segundo Filho (2001), os AGs são baseados num processo coletivo de aprendizagem dentro de uma população de indivíduos, cada um dos quais representando um ponto no espaço de busca de soluções para um dado problema. A população é inicializada e evolui através de gerações com o uso de operadores de seleção, reprodução e mutação.

Os AGs são técnicas de busca e otimização e seu campo de aplicação é vasto. Eles podem ser utilizados em robótica, na determinação da trajetória de movimento de braços mecânicos (DAVIDOR, 1991a), no projeto e controle de robôs (DAVIDOR, 1991b), na otimização de funções matemáticas (CHEN; KOU; MA, 2015), em roteamento de pacotes (BUENO; OLIVEIRA, 2009), no setor petrolífero, na inversão sísmica (LINDEN, 2008), na bioinformática (POND et al., 2006), na música (WEINBERG et al., 2007), entre outras aplicabilidades.

Os AGs têm se mostrado eficientes na resolução de problemas de busca e otimização onde o espaço de busca é muito grande, além do fato de que a busca é realizada de forma global, o que é particularmente interessante para se evitar que se caia em ótimos locais (SRINIVAS; DEB, 1994).

Vários aspectos do projeto devem ser cuidadosamente analisados e especificados para que se possa trabalhar com AGs eficientemente. Dentre esses aspectos pode-se citar como principais (GOLDBERG, 1989):

1. Representação do indivíduo (ou codificação do cromossomo);
2. Definição de uma estratégica para a geração da população inicial;
3. Definição da função de avaliação ou aptidão (*fitness function*);
4. Especificação dos operadores genéticos:
 - Operadores de seleção de indivíduos que serão utilizados na reprodução (pais);
 - Operadores de cruzamento ou *crossover*;
 - Operadores de mutação;
 - Operadores de reinserção da população ao final de cada geração.
5. Definição de um critério de parada;
6. Especificação dos parâmetros genéticos;

- Tamanho da população (Tp);
- Taxa de *crossover* (Tc);
- Taxa de mutação (Tm);
- Número de gerações (Nger).

Os AGs possuem um fluxo de execução simples. Para ilustrar a execução do mesmo, é apresentado o pseudocódigo no Algoritmo 1.

Algoritmo 1: Algoritmos Genéticos

Entrada: $Nger, Tp, Tc, Tm$: Nger = número de gerações, Tp = tamanho da população, Tc = Taxa Cruzamento, Tm = Taxa Mutação

Saída: $melhorIndividuo$: A melhor solução encontrada para o problema.

```

1 início
2    $POP \leftarrow gerarPopInicial(Tp);$ 
3    $i \leftarrow 0;$ 
4   enquanto  $i < Nger$  faça
5      $novaPOP \leftarrow null;$ 
6      $aptidao \leftarrow avaliar(POP);$  //Calcula a aptidão dos indivíduos da população
7     enquanto  $tamanho(novaPOP) < Tp$  faça
8        $p1 \leftarrow selecionar(POP, aptidao);$ 
9        $p2 \leftarrow selecionar(POP, aptidao);$ 
10       $filhos \leftarrow cruzamento(p1, p2, Tc);$ 
11       $filhos \leftarrow mutacao(filhos, Tm);$ 
12       $novaPOP \leftarrow novaPOP \cup filhos;$  //novaPOP recebe os filhos
13    
```

//novaPOP recebe os filhos

12 $POP \leftarrow reinsercao(POP, novaPOP);$

13 $i \leftarrow i + 1;$

14 **return** $melhor(POP);$ //Retorna o indivíduo com a melhor aptidão.

15 **fim**

O fluxo de execução do AG pode ser melhor compreendido por um fluxograma, conforme a Figura 6 apresenta, onde o mesmo será executado iterativamente e espera-se que a população de indivíduos venha a evoluir para uma população melhor, mais apta, até que um critério de parada ocorra.

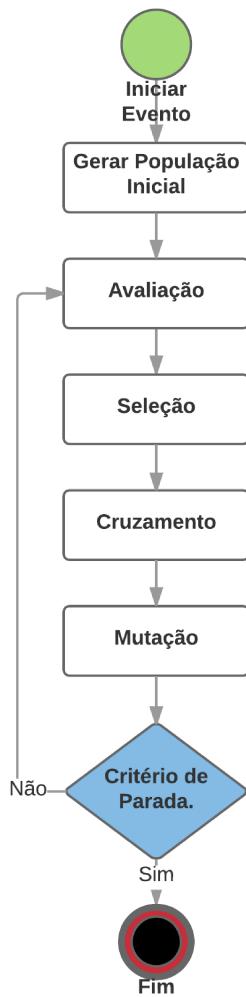


Figura 6 – Fluxograma do Algoritmo Genético

O primeiro passo está relacionado à geração da população inicial (T_p). Em seguida, essa população é avaliada. Na seleção são sorteados dois indivíduos chamados pais, que terão probabilidade T_c de sofrer cruzamento, gerando assim dois novos filhos distintos dos pais caso tenha ocorrido o cruzamento e similares caso contrário, que terão probabilidade de T_m de sofrer mutação. No final dessa etapa tem-se dois novos indivíduos. Esse processo se repetirá até que a nova população esteja completa, aplicando por fim algum método de reinserção em ambas populações. Se o critério de parada (N_{ger}) for satisfeito a execução será interrompida, caso contrário será realizado o processo todo novamente.

Nas seções a seguir, serão detalhadas algumas destas etapas e para facilitar a compreensão, será adotado, como exemplo, o seguinte problema, conhecido como o Problema da Mochila (*Knapsack Problem*) (DANTZIG, 1970): Suponha que alguém passará um mês na região selvagem e a única coisa que poderá carregar consigo é uma mochila que pode conter um peso máximo de 30Kg, tendo diferentes itens de sobrevivência, cada um com seus próprios “Pontos de Sobrevivência” apresentados na Tabela 2. Então, o objetivo é maximizar seus pontos de sobrevivência.

Tabela 2 – Itens de sobrevivência

Item	Peso	Pontos de Sobrevida
saco de dormir	15	15
corda	3	7
canivete	2	10
tocha	5	5
garrafa	9	8
glicose	20	17

2.3.1 Representação do Indivíduo

Os AGs manipulam simultaneamente um conjunto de soluções chamado de população. Cada elemento desse conjunto de soluções, ou cada ponto no espaço de busca, é denominado indivíduo ou cromossomo, sendo formado por vários genes, conforme a Figura 7. Segundo a abordagem de representação conhecida como *Pittsburgh*, cada indivíduo representa uma possível solução do problema que se deseja resolver (FREITAS, 2002).

Para o exemplo do problema da mochila, um cromossomo representa os itens de sobrevivência que estariam presentes na mochila. Cada item de sobrevivência é representado por um gene. O valor 1 significa que o item estará presente na mochila e 0 significa que será descartado. O conjunto de dados apresentado na Tabela 2 possui 6 atributos, logo, o cromossomo terá 6 genes, conforme a Figura 7. Como os genes 1, 3 e 4 possuem o valor 1, este cromossomo diz que os itens saco de dormir, tocha e garrafa estarão presentes na mochila.

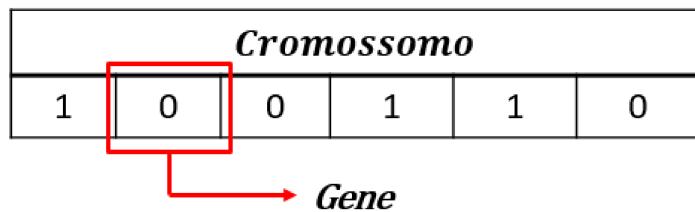


Figura 7 – Cromossomo

A representação do cromossomo tradicionalmente é binária com sequências de 0s e 1s, entretanto em certos problemas essa estrutura pode-se tornar bem complexa, contendo valores reais e caracteres.

2.3.2 População Inicial

A população inicial é um conjunto de cromossomos que representa possíveis soluções para um problema, que serão melhoradas com a evolução do AG. Sendo inicialmente atribuído valores aleatoriamente. No qual o exemplo da mochila gerou-se aleatoriamente

uma população de 4 cromossomos, apresentados na Figura 8, seguindo a restrição de não ultrapassar 30kg.

População					
A1	1	0	0	1	1
A2	0	0	1	1	1
A3	0	1	0	1	0
A4	0	1	1	0	0

Figura 8 – População Inicial

Os AGs partem de um conjunto inicial de soluções e na maioria das aplicações esse conjunto inicial é gerado aleatoriamente. Em casos de difícil convergência, a geração da população inicial pode ser feita de forma guiada, utilizando previamente conhecimentos sobre o problema.

2.3.3 *Fitness* ou Avaliação

O *fitness*, ou *fitness function* (em português, função de avaliação), calcula a aptidão de cada indivíduo, que representará o quanto bom ou ruim ele é. O *fitness* do indivíduo é um dos pontos principais do AG, pois é ele que direcionará o algoritmo para uma solução ótima.

Cada problema poderá ter uma função de avaliação distinta. Seguindo o problema da mochila, o *fitness* realiza o somatório dos pontos de sobrevivência (PS) de todos os itens ativos presentes no cromossomo, como por exemplo: (1) o indivíduo A1 presente na Figura 8, possui os seguintes itens na mochila: saco de dormir, tocha e garrafa ($PS = 15 + 5 + 8 = 28$). (2) o indivíduo A3, possui os itens corda e tocha, calculando seu *fitness*, $PS = 7 + 5 = 12$. Logo pode-se observar que o indivíduo A1 é melhor que o A3, pois seu *fitness* é superior e por se tratar de um problema de maximização. Todos os *fitness* podem ser observados na Tabela 3 .

Tabela 3 – *Fitness* dos cromossomos

Cromossomos	<i>Fitness</i>
A1	28
A2	23
A3	12
A4	34

Segundo estimativas, o cálculo da função de avaliação consome a maior parte do tempo de processamento de um AG, podendo chegar a até 95% deste tempo de processamento (OLIVEIRA, 2004).

2.3.4 Seleção dos Pais

Dentro do fluxo de execução de um AG, o método de seleção tem por objetivo escolher preferencialmente indivíduos com os melhores *fitness*, nomeados pais, que posteriormente serão acasalados, gerando filhos. O método é executado T_p vezes, selecionando T_p indivíduos que formarão a população intermediária.

Não são selecionados, simplesmente, os cromossomos com os melhores *fitness*. Pois isso forçaria pouca diversidade da população, uma vez que a combinação de pais poderia gerar filhos iguais ou muito próximos entre si. Outro motivo é o fato de que um indivíduo com baixa aptidão pode possuir um gene muito bom que ao ser combinado com outro indivíduo geraria uma solução excelente. Por isso, esses operadores permitem que tanto os melhores quanto os piores indivíduos possam ser escolhidos.

Há vários métodos de seleção dos pais, dentre os quais podemos citar: truncamento (*Truncation Selection*), ranking (*Rank Based Fitness Assignment*), roleta (*Roulette Wheel Selection*), amostragem estocástica (*Stochastic Universal Sampling*), torneio simples (*Simple Tournament*) e torneio estocástico (*Stochastic Tournament*). Será detalhado o método conhecido por torneio estocástico por ser o método utilizado nesse trabalho.

A execução do torneio estocástico é dividida em duas etapas: I) a primeira seleciona n cromossomos pelo método da roleta – n , conhecido como *tour*, é um valor inteiro informado antes da execução do algoritmo; II) na segunda, realiza-se o torneio entre os cromossomos selecionados e aquele com o melhor *fitness* é escolhido como um dos pais na população.

O método da roleta define a probabilidade de um cromossomo ser escolhido de acordo com o seu *fitness*. Na Tabela 4 são apresentados os cromossomos com seus respectivos *fitness* e percentagem de ser escolhido. A percentagem de cada cromossomo é calculado pela divisão do seu *fitness* pelo total de todos os *fitness*, por exemplo: a percentagem de A1 é $28/97 = 0,288$. Este método retorna um único cromossomo, logo se o *tour* for igual a três a roleta será girada três vezes.

Tabela 4 – Percentagem e *fitness* dos cromossomos

Cromossomos	<i>Fitness</i>	Percentagem
A1	28	28.8%
A2	23	23.7%
A3	12	12.4%
A4	34	35.1%
TOTAL	97	100%

Com base nesses valores, será criado a roleta da atual população de cromossomos, ilustrada na Figura 9. Percebe-se que A4 possui a maior fração da roleta, isso se dá ao fato do mesmo possuir o maior *fitness*. Por outro lado, A3 possui a menor, logo A4 terá mais chances de ser selecionado quando girar a roleta.

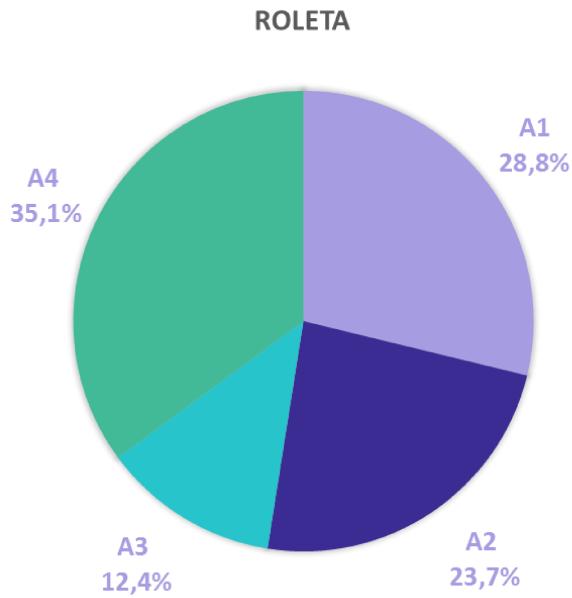


Figura 9 – Roleta da População

2.3.5 Crossover ou Cruzamento

O *crossover* (em português, cruzamento) é responsável por realizar a troca genética entre dois pais, com probabilidade Tc de ocorrência. Existem vários métodos de *crossover* e nesse trabalho foi utilizado o *crossover* múltiplo de dois pontos, onde é sorteado um ponto de início e outro de fim, de forma aleatória, como ilustrado na Figura 10. Neste exemplo, os pais A1 e A4 sofrerão cortes nos genes 3 e 4, logo estes genes serão trocados entre si, formando dois novos cromossomos F1 e F2, chamados de filhos.

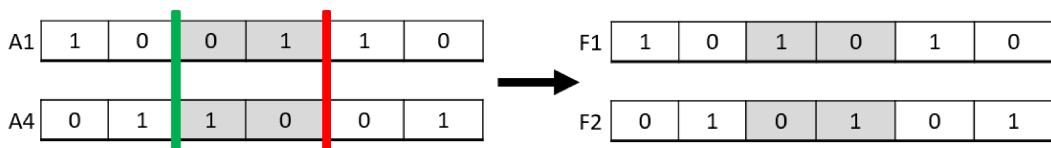


Figura 10 – Crossover entre dois indivíduos

Esse cruzamento é bem simples, porém bem eficaz. Uma das suas desvantagens é o fato de que corre-se o risco de que os filhos não atendam a restrição de 30kg, estabelecida pelo problema, gerando assim indivíduos inválidos. Para que isso não ocorra, existem

métodos de cruzamento que não permitem a geração de cromossomos inválidos, como crossover cíclico e PMX (*Partially Matched Crossover*), não investigados neste trabalho.

2.3.6 Mutação

Para que a diversidade genética da população seja mantida, aplica-se a mutação – um operador genético que modifica de forma arbitrária um ou mais genes do cromossomo. Assim, assegura-se que há a possibilidade de se chegar a qualquer ponto no espaço de busca, uma vez que esse operador genético possibilita a introdução de novos indivíduos na população. O problema de ótimos locais também pode ser contornado mudando a direção da busca.

A mutação, assim como o cruzamento, dispõe de uma probabilidade de ocorrência T_m setada como parâmetro de entrada do AG. Em um cenário de difícil convergência, a causa pode ser uma pequena diversidade dos indivíduos da população. Assim, ao aumentar a taxa de mutação, o AG pode aumentar essa diversidade, saindo de ótimos locais. Entretanto, se essa taxa for muito elevada, a busca pode se tornar aleatória e dificultar a convergência do AG.

A estrutura do indivíduo influencia diretamente os tipos de mutação. Mutação binária, mutação real, em árvore e permutação são os mais comuns. A binária é executada em cromossomos binários: um ou mais bits do cromossomo são trocados e modificados pelo seu complemento binário, conforme ilustrado pela Figura 11.

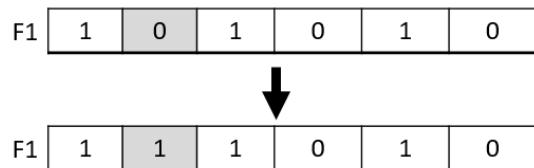


Figura 11 – Mutação de um indivíduo

2.3.7 Métodos de Reinserção

Assim que os novos indivíduos são gerados, oriundos do cruzamento e mutação da atual população, são definidos quais indivíduos serão mantidos para a nova geração. A forma mais simples de realizar essa seleção é através da reinserção pura, onde se descarta completamente os pais e mantém apenas os filhos. Entretanto, esse método é falho pois podem conter pais melhores que os filhos gerados, dificultando a convergência do AG.

Existem vários métodos que mantém os melhores pais para a próxima geração, como por exemplo: (1) reinserção ordenada ou melhores pais e filhos, em que a população total é ordenada e selecionam-se os T_p melhores, (2) reinserção elitista, que os top n melhores pais, serão mantidos na próxima geração, juntamente com os filhos, (3) reinserção

uniforme, no qual selecionam-se através de algum método de seleção (torneio, roleta ou outro), os melhores indivíduos entre os pais e filhos.

2.3.8 Critério de Parada

O critério de parada dita o momento em que a execução do AG será interrompida. Pode ser realizado de várias formas, destacando: (1) predefinir o número absoluto de gerações que o algoritmo realizará, (2) não há melhoras na população a x iterações, (3) quando a avaliação de um indivíduo atingir um valor predefinido.

2.3.9 Parâmetros Genéticos

O comportamento dos AGs é influenciado essencialmente pelos parâmetros genéticos. Tamanho da população (Tp), taxa de *crossover* (Tc), taxa de mutação (Tm) e o número de gerações ($Nger$) são os parâmetros mais importantes. Assim, esses parâmetros são estabelecidos mediante aos recursos computacionais disponíveis e as necessidades do problema.

A eficácia e o desempenho global dos AGs são afetados, de forma direta, pelo tamanho da população (Tp). O desempenho pode ser menor se a população for pequena, já que apresenta uma pequena cobertura no espaço de busca do problema. Em contrapartida, uma população grande, representaria maior cobertura no domínio do problema, além de evitar as convergências prematuras para soluções locais – ao invés de globais. Todavia, maiores recursos computacionais ou um maior período de tempo de execução do AG são necessários para o trabalho com grandes populações.

Já a taxa de *crossover* (Tc) representa o número de pais da atual população que serão escolhidos para gerarem novos indivíduos que constituirão uma população nova. Se essa taxa for maior, novos indivíduos são introduzidos na população de forma mais eficaz, entretanto, o custo computacional é maior. Se $Tp = 100$ e $Tc = 0,8$ (80%), 80 indivíduos, serão selecionados para gerar 80 filhos a partir do cruzamento destes pais.

A taxa de mutação (Tm) descreve a probabilidade de cada gene do indivíduo ter seu valor alterado. Para atestar heterogeneidade de cromossomos, a taxa de mutação deve ser suficiente, uma vez que se for muito alta a busca pode tornar-se essencialmente aleatória.

O número de gerações ($Nger$) equivale ao número de iterações completas que devem ser executadas pelo AG. Para que se obtenha um aproveitamento melhor das execuções, deve-se considerar cuidadosamente o número de gerações.

2.4 Considerações Finais

Neste capítulo foi apresentado uma visão geral sobre a tarefa de classificação e AGs. Dentre os temas abordados, foram discutidos conceitos como: distribuição de dados linear

e não-linear, a maneira como é realizada a classificação de dados e a estrutura básica de um AG. Todos esses conceitos servirão como base para o entendimento dos capítulos posteriores.

CAPÍTULO 3

Trabalhos Correlatos

Com o intuito de facilitar o entendimento e prover uma análise comparativa, esse capítulo apresenta uma síntese sobre os principais trabalhos de mineração de regras SENDÃO para a tarefa de classificação, expostos na Tabela 5.

Nas seções a seguir são apresentados três trabalhos correlatos, no qual o primeiro é o pioneiro em mineração de regras com AGs e os dois seguintes que serão utilizados na comparação com o modelo proposto nesse trabalho. É importante salientar que nenhum dos trabalhos apresentados nesse capítulo tratam o problema descrito nessa dissertação, da mesma forma das propostas relatadas. Na seção 3.4 são apresentadas as considerações finais, realizando uma análise comparativa dos trabalhos citados com a proposta desta dissertação.

Tabela 5 – Trabalhos correlatos

Artigo	Atributos	Técnica	Regras
Fidelis 2000	discretos	AG	lineares
Tan 2002	discretos	Programação Genética	não lineares
Tan 2005	discretos e contínuos	Algoritmo Coevolutivo	não lineares
Jiao 2006	discretos	Algoritmo Coevolutivo	lineares
Shi 2008	discretos	AG	lineares
Zhang 2009	contínuos	AG e Colônia de Formigas	não lineares
Amaral 2010	contínuos	AG	lineares
Amaral 2011	contínuos	AG	não lineares
Xiangrui 2011	discretos e contínuos	AG híbrido	lineares
Abdulwahhab 2012	discretos e contínuos	AG	não lineares
Chen2012	discretos e contínuos	PSO	-
Amaral 2014	contínuos	AG	lineares
Shahzad 2017	discretos e contínuos	ACO	lineares

3.1 Proposta Fidelis 2000

Esse artigo foi pioneiro ao tratar tarefas de classificação com AGs. Nesse trabalho, os autores propuseram um AG que constrói regras do tipo SE-ENTÃO, utilizadas na classificação de doenças. Os conjuntos de dados utilizados foram *Dermatology* e *Breast Cancer* ambos encontrados no repositório da UCI (*University of California at Irvine*) - *Machine Learning Repository* (BLAKE; MERZ, 1998).

O conjunto de dados *Dermatology* possui 366 registros e 34 atributos. Os atributos indexados de [1,10] e de [12,33] possuem valores de 0 a 3, onde 0 representa a ausência do aspecto, 3 grande possibilidade de presença e os valores 1 e 2 indicam valores intermediários. O atributo 11 é binário, sendo que 0 é utilizado para representar nenhum caso na família e 1 se já houve algum caso. O atributo 34 é contínuo e representa a idade do paciente, podendo variar entre 0 e 79. O conjunto de dados possui 6 classes indexadas de 1 a 6, representado as doenças *psoriasis*, *seborrheic dermatitis*, *lichen planus*, *pityriasis rosea*, *cronic dermatitis* e *pityriasis rubra pilaris*, respectivamente.

O conjunto de dados *Breast Cancer* contém 286 registros e 9 atributos. O objetivo é determinar em quais pacientes esse tipo de câncer poderá reincidir. Há apenas duas classes, *no-recurrenceevents* (não recorrência de eventos) e *recurrence-events* (recorrência de eventos) e todos os atributos são categóricos – e contêm um número finito de categorias ou grupos distintos, podendo ou não ter uma ordem lógica. Por exemplo, estado civil, tipo de material e método de pagamento.

A estrutura do algoritmo foi baseada no AG padrão, apresentado na subseção 2.3. As modificações na codificação do indivíduo, operadores genéticos e função de avaliação são descritas a seguir.

A codificação do indivíduo é composta por genes e cada um possui 3 segmentos: *weight*(W), *operator*(O) e *value*(V), conforme a Figura 12. O segmento W indica se um atributo está visível ou não na regra. Caso W seja inferior ao limite fixado antes da execução o atributo estará presente na regra, caso contrário não estará. O W é do tipo ponto flutuante variando entre 0 e 1, sendo atribuído um valor aleatório neste intervalo. O segmento O representa o operador relacional, utilizando apenas $=$, \neq , \geq e $<$. O segmento V representa um possível valor no domínio do atributo. A quantidade de genes equivale ao número de atributos existentes no conjunto de dados. O *Dermatology* por exemplo, possui 34 genes totalizando 102 segmentos ($34 \times 3 = 102$).

<i>Gene₁</i>			<i>Gene₂</i>			<i>Gene_n</i>		
W_1	O_1	V_1	W_2	O_2	V_2	W_n	O_n	V_n

Figura 12 – Representação do indivíduo em (FIDELIS; LOPES; FREITAS, 2000)

Na seleção de pais utilizou-se o torneio estocástico de *tour* de 3 enquanto no cruza-

mento adotou-se o múltiplo de dois pontos, com probabilidade de 100%. Já a mutação é realizada em cada segmento, com uma probabilidade de 30%. Na reinserção da população foi adotado o elitismo de 1, preservando apenas o melhor pai (um cromossomo) em cada geração. O limiar utilizado para o segmento *weight* foi de 0.3, uma população de 50 indivíduos e o AG foi executado por 50 gerações.

Cada execução do AG resolve o problema de classificação entre duas classes, onde o objetivo é predizer se o paciente tem ou não uma dada doença. O AG é, portanto, executado ao menos uma vez para cada classe. Em um cenário que possui 6 classes, o algoritmo deve ser executado no mínimo 6 vezes. Na primeira execução, o AG procuraria as regras que determinam a classe 1, Na segunda execução, procuraria as regras que determinam a classe 2, e assim por diante. Quando o AG está em busca de regras que determinem uma classe, todas as demais classes são consideradas não pertencentes àquela classe. Sendo assim, ao procurar regras para a classe 1, as demais classes de 2 a 6, para esta execução, serão consideradas não pertencente à classe 1.

Nesse trabalho o *fitness* é constituído pelo produto de duas métricas de avaliação a especificidade (*sp*) e a sensibilidade (*se*), conforme a Equação 5.

$$\text{fitness} = \text{sp} \times \text{se} \quad (5)$$

Em uma situação hipotética, têm-se a regra SE *itching* = 3 ENTÃO *psoriasis*, gerada a partir da execução do AG sobre o conjunto de dados da Tabela 6, que é uma fração do conjunto de dados *Dermatology*.

Tabela 6 – Fração do Conjunto de Dados *Dermatology*

Amostra	<i>erythema</i>	<i>scaling</i>	<i>definite borders</i>	<i>itching</i>	Doença
1	0	0	1	3	<i>psoriasis</i>
2	1	1	2	2	<i>psoriasis</i>
3	3	1	2	3	<i>psoriasis</i>
4	1	0	1	3	<i>lichen planus</i>
5	2	1	0	1	<i>seboreic dermatitis</i>
6	3	0	0	2	<i>lichen planus</i>

Aplicando a regra acima na amostra 1, será previsto a classe *psoriasis*, logo será um *true positive* pois o rótulo também é *psoriasis*; em 2 será previsto *not psoriasis*, sendo um *false negative*, pois seu rótulo é *psoriasis*; em 3 também será um *true positive*; em 4 será previsto *psoriasis*, sendo um *false positive*, pois seu rótulo é *not psoriasis*; em 5 prevê a classe *not psoriasis*, sendo um *true negative*, pois seu rótulo também é *not psoriasis*; por fim, 6 também será um *true negative*. Tais valores são representados na Tabela 7, onde o rótulo é a real classe que o indivíduo pertence, *previsão* é a classe que foi atribuída aquele indivíduo através da regra e *acertos* traz informação se a regra acertou ou errou na sua previsão, sendo *TP* e *TN* acerto e *FP* e *FN* como erro.

Tabela 7 – Previsão da regra: SE *itching* = 3 ENTÃO *psoriasis*

Amostras	Rótulo	Previsão	Acertos
1	<i>psoriasis</i>	<i>psoriasis</i>	TP
2	<i>psoriasis</i>	<i>not psoriasis</i>	FN
3	<i>psoriasis</i>	<i>psoriasis</i>	TP
4	<i>not psoriasis</i>	<i>psoriasis</i>	FP
5	<i>not psoriasis</i>	<i>not psoriasis</i>	TN
6	<i>not psoriasis</i>	<i>not psoriasis</i>	TN

Logo o fitness da regra: SE *itching* = 3 ENTÃO *psoriasis*, no conjunto de dados acima é representado na Equação 6, na qual quanto mais próximo de 1, melhor é o *fitness*.

$$\text{fitness} = \frac{2}{2+1} \times \frac{2}{2+1} = 0.444 \quad (6)$$

Os conjuntos de dados foram divididos em duas partes, sendo utilizado $\frac{2}{3}$ dos registros em treinamento e $\frac{1}{3}$ em teste. Não foi mencionado no trabalho a forma de tal distribuição, se foi realizada de maneira aleatória ou selecionado os $\frac{2}{3}$ iniciais para treinamento e o restante para teste. Os resultados dos conjuntos de dados *dermatology* e *breast cancer*, publicados em Fidelis são apresentados nas Tabelas 8 e 9 respectivamente. Cada linha representa a regra de uma classe específica.

Tabela 8 – Resultados publicados por Fidelis para o conjunto de dados *Dermatology*

Classes	Regras	Fitness Treinamento	Fitness Teste
1	SE(<i>clubbing of the rete ridges</i> ≥ 1 e <i>perifollicular parakeratosis</i> = 0)	0.973	0.973
2	SE(<i>koebner phenomenon</i> = 0 e <i>vacuolisation and damage of basal layer</i> ≤ 1 e <i>spongiosis</i> ≥ 2)	0.855	0.855
3	SE(<i>band-like infiltrate</i> ≥ 2)	1.0	0.979
4	SE(<i>knee and elbow involvement</i> = 0 e <i>family history</i> = 0 e <i>acanthosis</i> < 3 e <i>spongiosis</i> ≥ 1 e <i>focal hypergranulosis</i> < 2 e <i>inflammatory mononuclear infiltrate</i> ≥ 1)	0.86	0.783
5	SE(<i>melanin incontinence</i> < 1 & <i>fibrosis of the papillary dermis</i> $\neq 0$ & <i>munro microabcess</i> = 0)	1.0	1.0
6	SE(<i>follicular papules</i> ≥ 1 & <i>perifollicular parakeratosis</i> ≥ 1)	1.0	1.0

Tabela 9 – Resultados publicados por Fidelis para o conjunto de dados *Breast cancer*

Classes	Regras	<i>Fitness</i> Treinamento	<i>Fitness</i> Teste
1	SE(<i>inv-nodes</i> < (9-11) e <i>deg-malig</i> < 2 e <i>irradiat</i> = no)	0.564	0.365
2	SE(<i>menopause</i> ≥ ge40 e <i>tumor-size</i> ≠ (45-49) e <i>deg-malig</i> ≥ 2)	0.497	0.393

À partir desse trabalho, foram desenvolvidos outros que realizam a mineração de regras SE-ENTÃO, onde se tem: (1) atributos discretos e regras lineares (JIAO; LIU; ZHONG, 2006) e (SHI; LEI, 2008); (2) atributos discretos e regras não lineares (TAN et al., 2002); (3) atributos discretos e contínuos com regras lineares (SHAHZAD, 2017) e (XIANGRUI; SHUAI, 2011); (4) atributos discretos e contínuos com regras não lineares (TAN; YU; LEE, 2005) e (ABDULWAHHAB, 2012); (5) atributos contínuos e regras lineares (AMARAL; HRUSCHKA, 2010) e (AMARAL; HRUSCHKA, 2014); (6) atributos contínuos e regras não lineares (AMARAL; HRUSCHKA, 2011) e (ZHANG; WU, 2009), por fim o trabalho (CHEN; LUDWIG, 2012) que possui atributos discretos e contínuos porém não foi possível identificar se as regras eram lineares ou não.

3.2 Proposta Amaral 2010 - CEE

Esse trabalho propõe um AG chamado *Computational Evolutionary Environment* (CEE) que possibilita a classificação de um conjunto de dados contínuos. Essa classificação é feita através da geração de regras do tipo SE-ENTÃO. As principais modificações em comparação ao trabalho de Fidelis (2000), estavam relacionadas aos operadores genéticos e aos operadores dos segmentos, descritos a seguir.

A população é constituída por 100 indivíduos, 100 gerações, usando 0.8 no limiar de *weight* e na reinserção a técnica elitista de um. Os operadores de seleção, cruzamento e mutação são os mesmos empregados em Fidelis. Por fim, a única modificação no indivíduo ocorre nos operadores dos segmentos *O*, adotando apenas 2 operadores, o \geq e $<$.

Para calcular o *fitness* de cada indivíduo, ainda utilizam-se os conceitos de sensibilidade (*se*) e especificidade (*sp*). Entretanto, não realiza-se a multiplicação dos mesmos, mas sim uma média aritmética, conforme a Equação 7. Desta forma a avaliação fica menos rigorosa, uma vez que o produto entre duas porcentagens afeta mais a aptidão do que uma média, por exemplo Produto = $0.9 \times 0.8 = 0.72$; Média = $(0.9 + 0.8)/2 = 0.85$.

$$\text{fitness} = \frac{sp + se}{2} \quad (7)$$

O conjunto de dados utilizado foi o *Gene Ontology* (GO), gerado à partir de dados obtidos no portal GO (<http://www.geneontology.org/>) (ASHBURNER et al., 2000), contendo 34 atributos todos numéricos, 3 classes e um total 13.091 amostras.

Na Tabela 10, são apresentados os resultados dos *10-folds* publicados nesse trabalho. A coluna *composição* ilustra qual dobra (representada com o valor zero) foi utilizada no teste e as demais no treinamento (valor um). As classes 1, 2 e 3 refletem as regras obtidas para classificar cada um dos três rótulos do conjunto de dados. Na última linha, tem-se a média aritmética dos resultados de cada dobra.

Tabela 10 – Resultados dos *10-folds*, publicado em (AMARAL; HRUSCHKA, 2010)

Composição	Classe 1		Classe 2		Classe 3	
	<i>train</i>	<i>test</i>	<i>train</i>	<i>test</i>	<i>train</i>	<i>test</i>
1111111110	0.692	0.701	0.649	0.643	0.767	0.764
1111111101	0.691	0.705	0.646	0.663	0.772	0.776
1111111011	0.694	0.680	0.657	0.647	0.756	0.755
1111110111	0.694	0.680	0.636	0.620	0.750	0.756
1111101111	0.693	0.696	0.628	0.628	0.763	0.768
1111011111	0.630	0.633	0.653	0.647	0.718	0.724
1110111111	0.694	0.679	0.652	0.640	0.776	0.757
1101111111	0.692	0.698	0.619	0.634	0.749	0.756
1011111111	0.690	0.718	0.651	0.671	0.762	0.775
0111111111	0.693	0.691	0.651	0.641	0.773	0.760
Média	0.686	0.688	0.644	0.643	0.758	0.759

3.3 Proposta Amaral 2011 - NLCEE

Esse artigo é uma melhoria do trabalho (AMARAL; HRUSCHKA, 2010), no qual se apresenta um AG chamado *Non-Linear Computational Evolutionary Environment* (NLCEE). É realizada a classificação de um conjunto de dados contínuos, gerando regras do tipo SE-ENTÃO não-lineares. Nesse trabalho, propõe-se uma nova codificação cromossômica, exposta na Figura 13.



Figura 13 – Representação do indivíduo proposta em (AMARAL; HRUSCHKA, 2011)

Os segmentos *weight W*, *operator O* e *value V* são mantidos. Entretanto, possuem duas ocorrências de cada um destes segmentos no gene, sendo divididos em esquerda *L* e direita *R*, contendo assim 6 segmentos em cada gene. Isso possibilita a representação de intervalos ou limiares (inferior e superior) em cada atributo existente no conjunto de

dados. A Figura 14 apresenta as possíveis regras geradas por um indivíduo, incluindo apenas um gene.

A)	<table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td colspan="6" style="text-align: center;">Gene₁</td><td>...</td></tr><tr><td>10</td><td>\geq</td><td>128</td><td>5</td><td>$<$</td><td>35</td><td>...</td></tr></table>	Gene ₁						...	10	\geq	128	5	$<$	35	...	\Rightarrow	IF (intQtyTermsAdjIsFather \geq 28) AND ... THEN biological_process
Gene ₁						...											
10	\geq	128	5	$<$	35	...											
B)	<table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td colspan="6" style="text-align: center;">Gene₁</td><td>...</td></tr><tr><td>10</td><td>$<$</td><td>128</td><td>5</td><td>\geq</td><td>35</td><td>...</td></tr></table>	Gene ₁						...	10	$<$	128	5	\geq	35	...	\Rightarrow	IF (intQtyTermsAdjIsFather < 128) AND ... THEN biological_process
Gene ₁						...											
10	$<$	128	5	\geq	35	...											
C)	<table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td colspan="6" style="text-align: center;">Gene₁</td><td>...</td></tr><tr><td>5</td><td>$<$</td><td>128</td><td>10</td><td>\geq</td><td>35</td><td>...</td></tr></table>	Gene ₁						...	5	$<$	128	10	\geq	35	...	\Rightarrow	IF (intQtyTermsAdjIsFather \geq 35) AND ... THEN biological_process
Gene ₁						...											
5	$<$	128	10	\geq	35	...											
D)	<table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td colspan="6" style="text-align: center;">Gene₁</td><td>...</td></tr><tr><td>5</td><td>\geq</td><td>128</td><td>10</td><td>$<$</td><td>35</td><td>...</td></tr></table>	Gene ₁						...	5	\geq	128	10	$<$	35	...	\Rightarrow	IF (intQtyTermsAdjIsFather < 35) AND ... THEN biological_process
Gene ₁						...											
5	\geq	128	10	$<$	35	...											
E)	<table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td colspan="6" style="text-align: center;">Gene₁</td><td>...</td></tr><tr><td>10</td><td>\geq</td><td>128</td><td>10</td><td>$<$</td><td>35</td><td>...</td></tr></table>	Gene ₁						...	10	\geq	128	10	$<$	35	...	\Rightarrow	IF (intQtyTermsAdjIsFather \geq 128 OR intQtyTermsAdjIsFather < 35) AND ... THEN biological_process
Gene ₁						...											
10	\geq	128	10	$<$	35	...											
F)	<table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td colspan="6" style="text-align: center;">Gene₁</td><td>...</td></tr><tr><td>10</td><td>$<$</td><td>128</td><td>10</td><td>\geq</td><td>35</td><td>...</td></tr></table>	Gene ₁						...	10	$<$	128	10	\geq	35	...	\Rightarrow	IF (35 \leq intQtyTermsAdjIsFather < 128) AND ... THEN biological_process
Gene ₁						...											
10	$<$	128	10	\geq	35	...											

Figura 14 – Possíveis regras geradas pelo modelo proposto em (AMARAL; HRUSCHKA, 2011)

Em comparação ao trabalho de Fidelis, os operadores genéticos de seleção, cruzamento, mutação e de reinserção foram mantidos isso é, 100 indivíduos na população, limiar de *weight* 0.9 e 100 gerações são utilizadas. A base utilizada para treinar o modelo foi o GO, a mesma utilizada em CEE (AMARAL; HRUSCHKA, 2010), também a mesma fórmula de calculo do *fitness* de cada indivíduo.

Na Tabela 11, são apresentados os resultados dos *10-folds* publicados nesse trabalho. A coluna *composição*, ilustra qual dobra (representada com o valor zero) foi utilizada no teste e as demais no treinamento (valor um). As classes 1, 2 e 3 refletem as regras obtidas para classificar cada um dos três rótulos do conjunto de dados. Na última linha, a média aritmética dos resultados de cada dobra.

Tabela 11 – Resultados dos *10-folds*, publicado em (AMARAL; HRUSCHKA, 2011)

Composição	Classe 1		Classe 2		Classe 3	
	<i>train</i>	<i>test</i>	<i>train</i>	<i>test</i>	<i>train</i>	<i>test</i>
1111111110	0.693	0.702	0.619	0.623	0.762	0.764
1111111101	0.679	0.672	0.500	0.527	0.500	0.661
1111111011	0.682	0.673	0.624	0.500	0.500	0.543
1111110111	0.695	0.681	0.648	0.680	0.764	0.753
1111101111	0.678	0.685	0.593	0.588	0.500	0.505
1111011111	0.695	0.681	0.574	0.561	0.763	0.769
1110111111	0.652	0.628	0.506	0.507	0.779	0.766
1101111111	0.653	0.640	0.640	0.639	0.762	0.766
1011111111	0.675	0.712	0.655	0.634	0.772	0.791
0111111111	0.651	0.637	0.633	0.609	0.717	0.726
Média	0.676	0.681	0.600	0.587	0.682	0.705

Em comparação com os resultados apresentados em CEE (AMARAL; HRUSCHKA, 2010), não se teve uma melhora no *fitness* dos indivíduos. Porém o autor do trabalho (Amaral, 2011), menciona que as regras de classificação são mais simples e de mais fácil entendimento para o especialista, uma vez que as mesmas são menores contendo menos condições na parte SE da regra.

3.4 Considerações Finais

Este capítulo apresentou brevemente os trabalhos disponíveis na literatura, cuja a temática mais se aproxima do problema alvo abordado por essa dissertação.

Entender o AG proposto em (FIDELIS; LOPES; FREITAS, 2000) é muito importante, uma vez que ele serviu de base para todos os demais. Devido a esse fato, o mesmo foi melhor descrito. Ele diferencia-se em relação ao AG proposto neste trabalho por possuir uma estrutura cromossômica mais simples, sendo capaz de gerar apenas regras lineares e somente com atributos discretos.

Já os trabalhos de (AMARAL; HRUSCHKA, 2010) nomeado CEE, (AMARAL; HRUSCHKA, 2014) e (AMARAL; HRUSCHKA, 2011) nomeado NLCEE, realizam a mineração de regras do tipo SE-ENTÃO em conjuntos de dados com atributos contínuos. Os dois primeiros constroem regras lineares, enquanto o NLCEE gera regras não-lineares, conseguindo representar intervalos de valores para os atributos. Em comparação ao NLCEE, o AG proposto neste trabalho, chamado de MDRGA, possui estrutura cromossômica dinâmica, possibilitando que um atributo apareça mais de uma vez na regra. Tanto o NLCEE e o MDRGA geram regras não-lineares.

Os demais trabalhos ou lidam com atributos discretos, ou utilizam outras técnicas para realizar a mineração de regras, ou as regras geradas são lineares. Distanciando da temática dessa dissertação. O artigo (ABDULWAHHAB, 2012) não possui essas características,

portanto o algoritmo apresentado realiza várias tarefas e uma delas é a classificação através de regras SE-ENTÃO.

Logo, pode-se seguir a seguinte linha do tempo, o pioneiro (FIDELIS; LOPES; FREITAS, 2000), em seguida o trabalho que utilizará AG e atributos contínuos para realizar a mineração de regras (AMARAL; HRUSCHKA, 2010), o AG que gera regras não-lineares (AMARAL; HRUSCHKA, 2011) e por fim os AGs propostos nessa dissertação, chamados de MIRGA e MDRGA.

CAPÍTULO 4

Propostas

Nesse capítulo são apresentadas as duas propostas desta dissertação: os algoritmos genéticos MIRGA e MDRGA. Inicialmente, a Seção 4.1 apresenta o algoritmo MIRGA e, a seguir, a Seção 4.2 explica o algoritmo MDRGA. Estas duas seções detalham a definição dos cromossomos nos dois algoritmos e destacam suas diferenças. A seção 4.3 traz os detalhes dos AGs propostos e por fim, a seção 4.4 traz as considerações finais.

4.1 MIRGA

O primeiro AG proposto nesse trabalho é chamado *Multiple Intervals Rule Genetic Algorithm* (MIRGA). A motivação para o nome desse AG remete ao fato de possuir uma estrutura de cromossomo capaz de representar os atributos do conjunto de dados em uma única regra com n intervalos. Isso significa que esses atributos poderão ser representados por múltiplas faixas de valores em disjunção no antecedente da regra, por exemplo: $SE((A1 > 10 \text{ e } A1 < 20) \text{ ou } (A1 > 30 \text{ e } A1 < 40)) \text{ ENTÃO verdade}$. Esse AG, bem como o outro algoritmo proposto nessa dissertação, recebe um conjunto de dados de treinamento, onde o AG irá convergir sua população de cromossomos em uma regra capaz de classificar este conjunto de dados.

Para se construir regras complexas foi desenvolvida uma estrutura cromossômica mais robusta, mostrada na Figura 15 (C), capaz de atribuir múltiplos intervalos de valores para cada atributo presente no conjunto de dados. Posteriormente a estrutura será apresentada com mais detalhes.

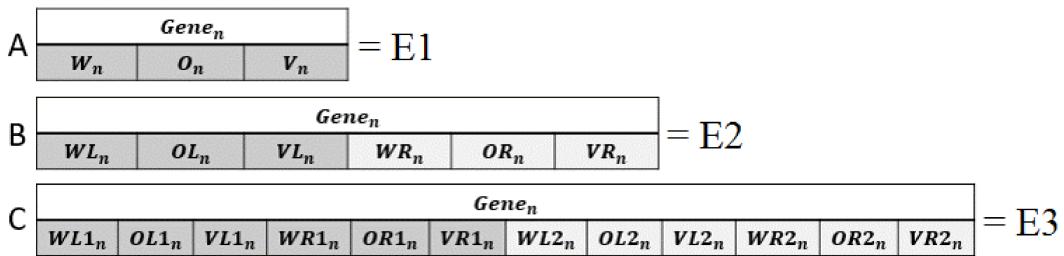


Figura 15 – MIRGA - Representação do Cromossomo

O cromossomo é composto por n Genes, que correspondem a cada atributo do conjunto de dados, logo n genes = n atributos. No MIRGA, o gene pode ser representado por três estruturas distintas, mostradas na Figura 15: (A) é a mesma estrutura apresentada no AG CEE, nomeada nesse trabalho como E_1 ; (B) é a estrutura do AG NLCEE; E_2 , por fim, (C) é a estrutura proposta para o MIRGA, E_3 . Percebe-se que com o tempo as estruturas ficaram cada vez mais complexas, sendo capazes de expressar mais conhecimentos. Tal como foi apresentado no Capítulo 3, o gene é composto por três segmentos: $W = weight$, $O = operator$ e $V = value$.

O algoritmo MIRGA suporta as três estruturas E_1 , E_2 , E_3 durante sua execução. Assim, um indivíduo pode inicialmente ser representado usando a estrutura E_1 e após uma (ou mais) geração(ões) passa a ser representado por E_2 ou E_3 , caso o AG evolua para tal. Dessa forma, a estrutura do cromossomo vai aumentando ou diminuindo gradativamente, aumentando a complexidade ou simplificando a representação do indivíduo automaticamente, objetivando encontrar uma regra que maximize o *fitness*.

Em um conjunto de dados no qual os atributos sejam contínuos, cada uma das três estruturas podem cobrir o domínio de maneira distinta. A estrutura E_1 representa apenas uma desigualdade, sem conseguir expressar um intervalo, conforme ilustrado na Figura 16 (A). A estrutura E_2 é composta por duas desigualdades, conseguindo expressar um intervalo (Figura 16 (B)) ou definindo dois limiares (inferior e superior) (Figura 16 (C)). Por fim, a estrutura E_3 possui quatro desigualdades, sendo capaz de cobrir dois intervalos (Figura 16 (D)) ou um intervalo e dois limiares (inferior e superior) do domínio (Figura 16 (E)).

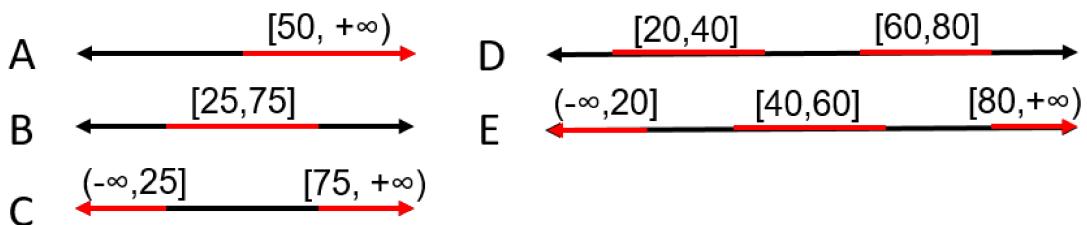


Figura 16 – Intervalos das estruturas

A seguir, são apresentados alguns cromossomos, utilizados para facilitar o entendimento dos exemplos. A cada conjunto de segmento composto por um (W, O, V) é formado uma tripla, possuindo informações suficientes para formar uma condição na regra, sendo que, quanto mais triplas ativas existirem no cromossomo, mais complexa será a regra. Os valores das triplas são atribuídos aleatoriamente dentre as opções possíveis.

Na Figura 17 é apresentado um cromossomo composto por um atributo, tendo por sua vez um único gene e quatro triplas. Analisando o cromossomo, percebe-se que todas as triplas estão ativas (pois $W = 9$), portanto todas estão presentes na regra. É importante ressaltar que o $Gene_1$ define dois intervalos disjuntos. Assim, basta que o valor do atributo de uma instância pertença a um dos intervalos para satisfazer a condição imposta por esse atributo. Considerando que os demais atributos também são satisfeitos, então a instância poderá ser classificada na classe 1.

<i>Gene₁</i>											
1			2			3			4		
9	\geq	23	9	<	47	9	\geq	65	9	<	88
↑ 1º intervalo						↑ 2º intervalo					
SE ($A_1 \geq 23$ e $A_1 < 47$) ou ($A_1 \geq 65$ e $A_1 < 88$) ENTÃO classe 1											

Figura 17 – MIRGA - Exemplo 1 do cromossomo

A geração da regra é realizada da seguinte forma:

1. são dispostas em ordem crescente de valor, facilitando a definição dos intervalos,
2. operadores do mesmo tipo dispostos em sequência são removidos. Por exemplo, se as triplas 1 e 2 possuem o operador ‘<’, aquele que possuir o menor valor será removido; caso contenha o operador ‘ \geq ’, aquele que possuir o maior valor será excluído,
3. verifica-se a primeira tripla em junção com a segunda, formando um intervalo de valores (1º intervalo da Figura 17), caso contrário, a primeira tripla se tornará um limiar inferior (1º tripla da Figura 18), isso é, ela não fará par com outra tripla, e assim sucessivamente para as triplas restantes.

No primeiro exemplo do parágrafo anterior a combinação das duas primeiras triplas resultou em um intervalo. No segundo exemplo representado pela Figura 18, a primeira tripla resultou em um limiar inferior, logo as duas triplas subsequentes geraram um intervalo. Como não é possível existir um número que seja menor que 23 e ao mesmo tempo esteja entre 47 e 65, o seu conectivo será o OU/OR. Como a 4ª tripla é a última, ela se tornará um limiar superior, contendo por fim dois limiares e um intervalo.

<i>Gene₁</i>											
1			2			3			4		
9	<	23	9	≥	47	9	<	65	9	≥	88
↑ intervalo ↑											

SE ($A_1 < 23$ ou ($A_1 \geq 47$ e $A_1 < 65$) ou $A_1 \geq 88$) **ENTÃO** classe 1

Figura 18 – MIRGA - Exemplo 2 do cromossomo

No terceiro exemplo representado pela Figura 19, o cromossomo é composto por dois atributos, tendo algumas triplas inativas (neste exemplo $W = 1$, *background* branca). O conceito é o mesmo apresentado anteriormente, a única diferença é que serão consideradas apenas as tripla ativas. Desta forma, é gerado a condição do primeiro gene, logo em seguida do segundo gene, assim sucessivamente, conectando os genes (atributos) sempre com uma conjunção.

<i>Gene₁</i>								<i>Gene₂</i>															
1		2		3		4		1		2		3		4									
9	≥	8	9	<	16	1	<	31	9	≥	35	9	≥	26	1	≥	42	9	<	57	1	≥	78
↑ intervalo ↑ intervalo ↑																							

SE(($A_1 \geq 8$ e $A_1 < 16$) ou $A_1 \geq 35$) e ($A_2 \geq 26$ e $A_2 < 57$) **ENTÃO** classe 1

Figura 19 – MIRGA - Exemplo 3 do cromossomo

No quarto e último exemplo representado pela Figura 20 são apresentados três genes com estruturas distintas. A geração da regra é realizada da mesma maneira nos genes 2 e 3, a única diferença que sua estrutura é menor.

<i>Gene₁</i>								<i>Gene₂</i>				<i>Gene₃</i>								
1		2		3		4		1		2		1								
1	<	12	1	≥	23	9	≥	38	1	<	49	9	<	35	9	≥	61	9	≥	26
↑ intervalo ↑																				

SE ($A_1 \geq 38$ e ($A_2 < 35$ ou $A_2 \geq 61$) e $A_3 \geq 26$) **ENTÃO** classe 1

Figura 20 – MIRGA - Exemplo 4 do cromossomo

Como foi apresentado no exemplo anterior, os genes podem conter estruturas distintas. Na construção da população inicial essas estruturas são atribuídas aleatoriamente e, durante a execução do AG, a estrutura do gene pode sofrer modificações (na etapa de

mutação), onde a mesma é dividida em mutação do segmento (apresentada na Seção 3.1) e mutação estrutural, onde as estruturas dos genes podem ser modificadas entre uma das três apresentadas (E_1 , E_2 , E_3).

A mutação estrutural depende da probabilidade da Taxa de mutação estrutural (T_{me}) setada na execução do AG, sendo aplicada em cada gene do cromossomo escolhido. Se a condição for satisfeita, a estrutura do gene será substituída por uma das duas não utilizadas. A probabilidade de escolha da nova estrutura depende do estágio que a geração do AG se encontra, sendo que as estruturas menores (E_1 , E_2) terão mais chances nos estágios iniciais e a estrutura E_3 nos estágios finais. O objetivo é possuir um cromossomo menor no início da execução do AG e ir aumentando o seu tamanho gradativamente com o passar das gerações.

4.2 MDRGA

O segundo AG proposto nessa dissertação é chamado *Multiple Disjunctions Rule Genetic Algorithm* (MDRGA). A motivação para o nome desse AG remete à capacidade do cromossomo de representar várias regras em disjunção em seu código genético. Para entender melhor esse conceito pode-se usar o exemplo da tabela verdade XOR (ou-exclusivo) mostrado na Tabela 12. Após a execução do MDRGA, pode-se obter a seguinte regra para classificar as instâncias da classe True: SE (A=True e B=False) OU (A=False e B=True) ENTÃO True. Nota-se que ambas as condições da disjunção possuem os atributos A e B, não sendo possível tal representação no AG proposto anteriormente, uma vez que cada disjunção apresentava apenas um atributo. Já no MDRGA é possível representar todos os atributos em n disjunções, sendo chamado de sub-regra por ter estrutura suficiente para ser uma regra independente.

Tabela 12 – Tabela verdade- XOR

A	B	$A \oplus B$
True	True	False
True	False	True
False	True	True
False	False	False

O cromossomo do MDRGA é composto por N genes, onde N é o número de atributos no conjunto de dados (exceto o atributo de destino, ou classe). O primeiro atributo do conjunto de dados corresponde ao primeiro gene e assim sucessivamente até que todos os atributos sejam representados pelo cromossomo.

Para cada cromossomo do AG, o i -ésimo gene ($i=1\dots N$) pode ter até 8 triplas e cada tripla é subdividida em três segmentos: *weight* (W_i), *operator* (O_i) e *value* (V_i) onde $i=1..8$. A Figura 21 mostra a estrutura detalhada.

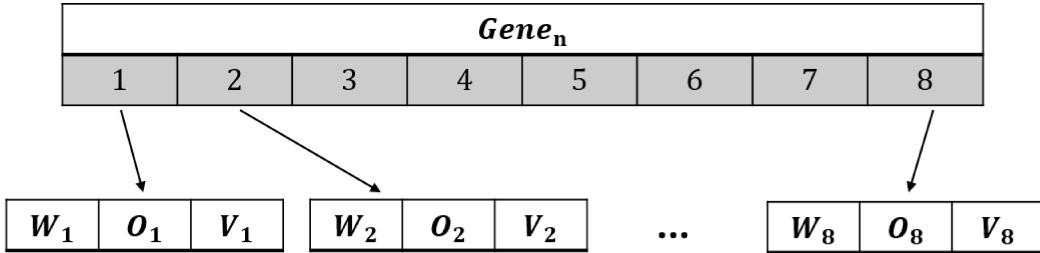


Figura 21 – MDRGA - Representação do Cromossomo

Sua estrutura cromossômica é similar ao antecessor MIRGA, mas o seu principal diferencial está na forma em que é realizada a conversão do cromossomo em regra. Aqui, os pares unir-se-ão aos pares de outros genes para formar uma sub-regra — pares, é a junção de duas triplas vizinhas.

No primeiro exemplo apresentado na Figura 22, são exibidas um cromossomo com apenas um gene e a regra proveniente do mesmo. Na regra, o atributo A_1 representa o *gene₁* do cromossomo ilustrado pelo exemplo, onde o primeiro parênteses da regra corresponde ao primeiro par e assim sucessivamente. As triplas que estarão presentes na regra tem o $w=9$ (*background cinza*) e as demais estão desativadas.

<i>Gene₁</i>							
1	2	3	4	5	6	7	8
9 \geq 7 9 < 11 1 \geq 3 1 < 13 9 \geq 10 1 < 2 9 < 3 9 < 5							
↑	↑	↑	↑	↑	↑	↑	↑

1º par 2º par 3º par 4º par

SE ($A_1 \geq 7$ e $A_1 < 11$) ou ($A_1 \geq 10$) ou ($A_1 < 5$) **ENTÃO** classe 1

Figura 22 – MDRGA - Exemplo 1 do cromossomo

No exemplo ilustrado na Figura 22, é exibido 8 triplas onde é realizada a união de duas triplas para a formação de um único par, dando origem a quatro pares dos quais três possuem pelo menos uma tripla ativa. Cada par pode cobrir um intervalo ou os limiares (inferior e superior) do domínio, conforme a Figura 23, onde $(B \wedge C \wedge D) \subset A$. O domínio do atributo A_1 é representado pelo conjunto A e os pares 1, 3 e 4 do gene representam os conjuntos C, B e D , respectivamente. Por fim, o segundo par do gene não está contido no conjunto A pois não possui nenhuma tripla ativa. No quarto par ambas as triplas possuem o mesmo operador, logo, caso contenha o operador $<$ aquele que possuir o menor valor será removido, caso contenha o operador \geq aquele que possuir o maior valor será excluído.

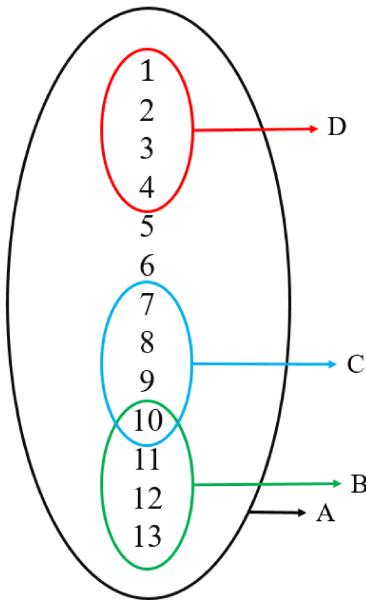


Figura 23 – MDRGA - Conjunto do primeiro exemplo

Os pares 1 e 3 do gene poderiam unir-se para formar uma única regra $B \cup C$, entretanto a junção sempre ocorrerá entre os mesmos pares e em genes diferentes. Os pares de um mesmo gene sempre vão ser conectados em conjunção, pois conforme a Equação 8 a preposição é uma contradição, pois x nunca estará presente no conjunto C e D ao mesmo tempo.

$$\forall x(x \in A, x \in C \wedge x \in D) = False \quad (8)$$

No segundo exemplo exposto na Figura 24, é apresentado um cromossomo com dois genes contendo dois pares em cada um e a regra proveniente da mesma. Na regra o atributo A_1 corresponde ao *gene*₁ do cromossomo e assim sucessivamente. As triplas que estarão presentes na regra tem o $w=9$ (*background cinza*) e as demais estão desativadas.

Gene ₁								Gene ₂															
1	<	4	9	\geq	9	1	<	10	9	<	6	9	<	3	1	\geq	9	9	<	5	1	\geq	12
↑ 1º sub-regra ↑ 2º sub-regra																							

SE (($A_1 < 4$ ou $A_1 \geq 9$) e $A_2 < 3$) ou ($A_1 < 6$ e $A_2 < 5$) **ENTÃO** classe 1

Figura 24 – MDRGA - Exemplo 2 do cromossomo

Uma sub-regra é um conjunto de condições, na qual é possível conter todos os atributos do conjunto de dados e que realize união com outras sub-regras em disjunção, formando

uma regra bem robusta e não-linear. Logo, a construção da regra é a união do primeiro par de todos os genes formando a primeira sub-regra, o segundo par de todos os genes formando a segunda sub-regra e assim sucessivamente caso tenha mais pares. Conforme a Figura 25, onde $subregra1 = (B \cup D \cup H)$ e $subregra2 = (C \cup G)$, formando assim a regra que representa o cromossomo ($subregra1 \cup subregra2$) = regra. O primeiro par do $gene_1$, cobre os limiares (inferior e superior) e por esse motivo o mesmo gerou dois conjuntos o B e D dentro do domínio.

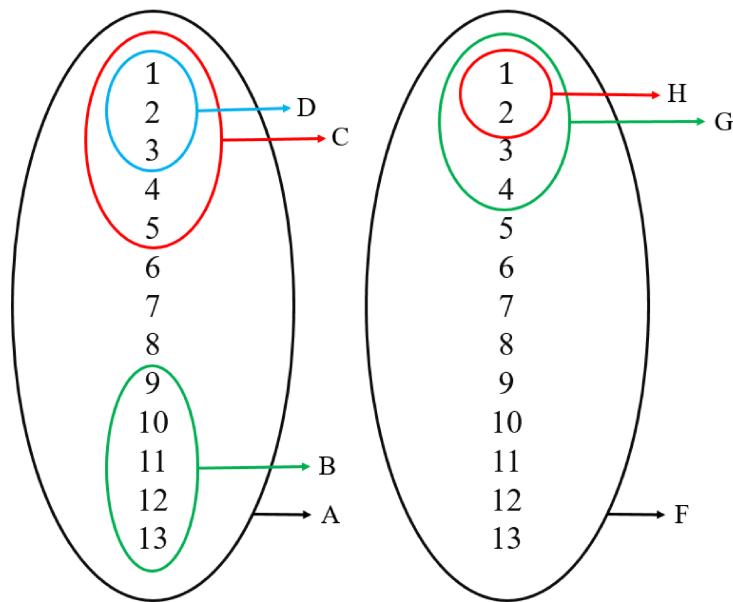


Figura 25 – MDRGA - Conjunto do segundo exemplo

Nesse terceiro e último exemplo, exposto na Figura 26, é apresentado um cromossomo, no qual as estruturas dos genes são distintas, contendo três genes, com dois pares, um par e uma tripla, respectivamente e duas sub-regras. Dado que o $gene_1$ é o único a possuir um segundo par, a segunda sub-regra terá apenas esse par. Novamente, as tripas que estarão presentes na regra tem o $w=9$ (*background cinza*) e as demais estão desativadas.

<i>Gene₁</i>				<i>Gene₂</i>			<i>Gene₃</i>
1	2	3	4	1	2	1	
9 < 4	1 ≥ 7	9 < 5	1 < 1	9 < 10	9 ≥ 6	9 ≥ 3	

↑ ↑ ↑ ↑
 1º sub-regra 2º sub-regra 3º sub-regra 4º sub-regra

SE ($A_1 < 4$ e ($A_2 \geq 6$ e $A_2 < 10$) e $A_3 \geq 3$) ou ($A_1 < 5$) **ENTÃO** classe 1

Figura 26 – MDRGA - Exemplo 3 do cromossomo

A estrutura de um gene pode ser composta por 1, 2, 4, 6 ou 8 tripas, sendo definida aleatoriamente na população inicial e as tripas menores possuem maiores probabilidades

de serem sorteadas. A estrutura do gene também poderá sofrer modificação na mutação estrutural com probabilidade de Tme , na qual a nova estrutura dependerá do estágio que a geração do AG se encontra, sendo que a quantidade menor de triplas terão maiores chances de serem sorteadas nos estágios iniciais e as quantidade maiores nos estágios finais. O objetivo é possuir um gene menor no início da execução do AG e ir aumentando a quantidade de triplas gradativamente ao decorrer das gerações, com este operador.

A mutação estrutural, permitem que os cromossomos sejam dinâmicos, na qual a quantidade de segmentos de um gene possam aumentar ou diminuir com a evolução do AG. Desta forma, o cromossomo pode adaptar com os atributos do conjunto de dados, possibilitando que os atributos complexos possuam genes maiores e os atributos simples genes menores.

4.3 Detalhes dos AGs

O *fitness* adotado para o MIRGA e para o MDRGA é o mesmo adotado nos AGs CEE e NLCEE, apresentado na seção 3.2, Equação 9.

$$\text{fitness} = \frac{sp + se}{2} \quad (9)$$

Nos trabalhos correlatos, o limite - W definia se aquela tripla está presente ou não na regra. Quando se utiliza um único conjunto de dados esse conceito atende muito bem, pois é possível definir um limite que o atenda de acordo com a quantidade de atributos. Como nesse trabalho foram utilizados mais de um conjunto de dados, seria necessário um limite para cada conjunto de dados que atendesse. Devido a esse entrave, foi construído um ativador dinâmico que se adapta automaticamente de acordo com a quantidade de atributos de cada conjunto de dados.

Antes de explicar a nova abordagem de limite, deve-se entender como o antigo funciona. Suponha que tenha um conjunto de dados com 60 atributos e um limite de 1, contudo cada atributo tem 10% de chance de estar ativo, logo a cada 10 atributos 1 estará ativo. Como se tem 60 atributos, o cromossomo terá 6 genes presentes na regra (aproximadamente). Seguindo o mesmo raciocínio com um conjunto de dados com 8 atributos, o cromossomo terá 80% de chance de ter apenas 1 gene ativo. Logo observa-se que essa técnica pode falhar pois caso possua uma quantidade muito pequena ou muito elevada de atributos em uma regra, essa abordagem poderá dificultar a convergência do AG no inicio das suas gerações. Sendo assim, deve-se utilizar um meio termo, na qual se define quantos genes deseja-se que estejam ativos na regra e a Equação 10 determina se aquele atributo estará ativo ou não.

$$\text{probAtivo} = \frac{S}{|\text{atributos}|} \quad (10)$$

onde S é a quantidade desejada de genes ativos no cromossomo, $|atributos|$ a quantidade de atributos no conjunto de dados.

Para melhor entendimento da nova abordagem, tem-se o exemplo: $|atributos| = 60$ e $S = 3$, portanto a ‘probAtivo = 0,05’, sendo assim cada gene tem 5% de chance de estar ativo. Já nesse outro exemplo com $|atributos| = 8$ e $S = 3$ a ‘probAtivo = 0,375’, isso é, cada gene tem 37,5% de chance de estar ativo, o que é bem mais justo, uma vez que por fim o AG terá cromossomos com 3 genes ativos em ambos os conjuntos de dados. Vale salientar que não é garantido que terão sempre 3 genes ativos, é apenas uma probabilidade. Entretanto, pode-se ter 2, 4 ou 5, visto que é aleatório.

Nos exemplos anteriores considerou-se apenas uma tripla na estrutura do gene, entretanto o gene pode ser composto por até 4 triplas. Caso se tenha mais triplas, a probabilidade do gene estar ativo é maior. Contudo genes que não sejam muito importantes na regra possuem uma estrutura mais simples e esse é mais um dos motivos que, no início da execução do AG, seja priorizado estruturas menores, uma vez que quanto maior o número de estruturas maiores no cromossomo, maior a quantidade de triplas ativas, o que dificulta a convergência do AG. Por fim, o W serve apenas para informar se a tripla esta ativa (= 9) ou desativada (= 1).

Assim que o AG é treinado, tem-se uma população com Tp regras que classificam uma certa classe. Para escolher a regra que representará aquele treinamento deve-se considerar a melhor regra encontrada. Aplica-se cada uma no conjunto de teste, sendo escolhida a com maior taxa de acerto.

4.4 Considerações Finais

Nesse capítulo foram apresentados os algoritmos MIRGA e MDRGA e suas contribuições. Esses AGs são caracterizados pelo fato de construírem regras de classificação do tipo SE-ENTÃO não-lineares. No próximo capítulo serão apresentados os resultados obtidos pelas propostas e uma comparação dos mesmos com o CEE, NLCEE e outros classificadores tradicionais.

CAPÍTULO 5

Experimentos e Análise dos Resultados

Nesse capítulo, são apresentados os resultados referentes ao desempenho dos AGs MIRGA e MDRGA em experimentos executados sobre dados reais. Os dois AGs foram implementados em linguagem Java. Todos os experimentos apresentados nesse capítulo foram executados em um computador com processador Intel i7 com 12 núcleos, executando o sistema operacional Linux (Kubuntu 16.04) e memória RAM de 64GB.

Esse capítulo está organizado como se segue. Primeiramente, na Seção 5.1 são apresentados os métodos que foram utilizados na comparação. Na sequência, na Seção 5.2, são discutidos os resultados obtidos, a estrutura do conhecimento gerado, destacando os dados utilizados e os parâmetros de configuração dos métodos.

5.1 Método para a Avaliação

Nessa seção é apresentado o protocolo de amostragem utilizado nos experimentos realizados (*k-fold*), os conjuntos de parâmetros, os conjuntos de dados e os métodos com os quais a atual proposta será comparada.

5.1.1 Validação Cruzada

Com o intuito de avaliar a capacidade de generalização dos AGs propostos nessa dissertação, utilizou-se a técnica validação cruzada (*cross-validation*), sendo adotado o *k-fold*. Essa técnica recebe como entrada o parâmetro: k , que representa o número de partes que o conjunto de dados será dividido proporcionalmente. Na Figura 27 tem-se um exemplo com $k = 10$, ao qual em cada iteração uma dobra é utilizada como teste e as demais como treinamento. Dessa forma, o método é executado em cada k iterações e a taxa de erro em teste é o somatório dos erros nas dobradas de teste.

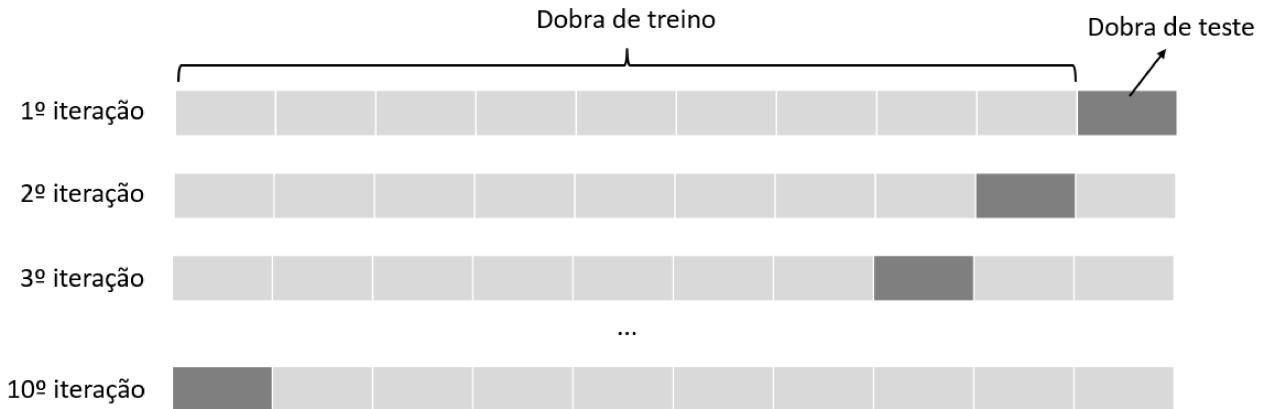


Figura 27 – 10-fold cross-validation

5.1.2 Conjunto de parâmetros

Como mencionado anteriormente, os AGs propostos nessa dissertação necessitam de parâmetros de entrada. Assim, a má escolha dos mesmos poderá acarretar em resultados ruins. Logo, foram adotadas, nesse trabalho, possíveis 14 configurações. A primeira é considerada a configuração padrão, por ter sido o conjunto de parâmetros com melhores resultados nos conjuntos de dados, sendo a mais genérica em dezenas de combinações avaliadas. As demais 13 configurações são a variação de pelo menos um parâmetro, da configuração padrão.

Na Tabela 13 apresenta-se o conjunto de configurações utilizados nos experimentos, tendo os seguintes parâmetros: Tp é o tamanho da população, $Nger$ número de gerações, $torn$ utilizado na seleção dos pais, S a quantidade desejada de genes ativos no cromossomo, Tc taxa de cruzamento, Tm taxa de mutação e Tme a taxa de mutação estrutural.

Tabela 13 – Conjunto de Configurações de Parâmetros

Configurações	Tp	$Nger$	$torn$	S	Tc	Tm	Tme
1	200	1000	3	3	1	0.5	0.5
2	200	1000	3	2	1	0.5	0.5
3	200	1000	3	4	1	0.5	0.5
4	100	1000	3	3	1	0.5	0.5
5	300	1000	3	3	1	0.5	0.5
6	400	1000	3	3	1	0.5	0.5
7	200	500	3	3	1	0.5	0.5
8	200	2000	3	3	1	0.5	0.5
9	200	1000	3	3	1	0.4	0.5
10	200	1000	3	3	1	0.6	0.5
11	200	1000	3	3	1	0.5	0.4
12	200	1000	3	3	1	0.5	0.6
13	200	1000	3	3	1	0.4	0.4
14	200	1000	3	3	1	0.6	0.6

Para se chegar na configuração padrão foram realizadas exaustivas avaliações, variando todos os parâmetros a procura daquela mais genérica, isso é, buscou-se encontrar a configuração que se melhor adequasse em diferentes cenários. A partir da mesma foram realizadas as demais análises, variando-se os parâmetros que mais impactavam no resultado do AG gerando assim duas novas configurações: uma com a redução e a outra com o acréscimo do parâmetro. Os parâmetros que mais influenciavam no resultado do AG foram o Tp , $Nger$, S , Tm e Tme . Portanto, nas configurações 2 e 3 variou-se o parâmetro S , nas configurações 4, 5 e 6 o parâmetro Tp , nas configurações 7 e 8 o parâmetro $Nger$, nas configurações 9 e 10 o parâmetro Tm , nas configurações 11 e 12 o parâmetro Tme e por fim nas configurações 13 e 14 os parâmetros Tm e Tme .

Além dos parâmetros foram adotados os seguintes operadores genéticos: seleção o Torneio Estocástico; *crossover* o múltiplo de dois pontos; mutação aleatória por segmento; critério de parada o número máximo de gerações; método de reinserção o melhores pais e filhos e por fim o *fitness* apresentado na Equação 11.

$$fitness = \frac{sp + se}{2} \quad (11)$$

5.1.3 Conjunto de dados

Para se realizar os experimentos foram selecionados sete conjuntos de dados com atributos contínuos e com distribuições não-lineares. São eles: *Diabetes*, *Sonar*, *Madelon*, *Iris*, *Bupa*, *Ionosphere* e *Breast-W*. Todos os conjuntos de dados foram baixados no repositório da UCI (*University of California at Irvine*) - Repositório de Aprendizagem de Máquina ¹(LICHMAN, 2013).

Madelon é um conjunto de dados artificial, que fazia parte do desafio da seleção de recursos NIPS 2003. Na *Madelon* é abordado um problema de classificação de duas classes com variáveis de entrada contínuas sendo esse *dataset* altamente não-linear. Possui alta dimensionalidade com 500 atributos. Por esse motivo foram utilizados filtros de atributos supervisionados para selecionar os melhores atributos, com o objetivo de diminuir a dimensionalidade. Foram utilizados cinco filtros, que estão implementados na ferramenta WEKA. São eles: *Ranker + InfoGain*, *BestFirst + SubsetEval*, *Ranker + Symmetrical*, *Ranker + GainRatio* e *Ranker + ChiSquared*.

Na Tabela 14 são apresentados os atributos selecionados oriundos do filtro executado, gerando por fim cinco novos conjuntos de dados. Devido à geração de resultados iguais, foram utilizados os dois conjuntos de dados *Madelon 1* e *Madelon 4*.

¹ <http://archive.ics.uci.edu/ml/>

Tabela 14 – Geração de novas bases Madelon

	Filtros (pesquisa + avaliação)	Atributos Selecionados
Madelon 1	<i>Ranker + GainRatio</i>	A143, A277, A473, A476, A242, A443, A106, A339, A129, A65, A337, A205, A454, A494, A49, A5, A379 e A244
Madelon 2	<i>Ranker + InfoGain</i>	A143, A277, A473, A476, A242, A443, A106, A339, A129, A65, A337, A205, A454, A494, A49, A5, A379 e A244
Madelon 3	<i>Ranker + ChiSquared</i>	A143, A277, A473, A476, A242, A443, A106, A339, A129, A65, A337, A205, A454, A494, A49, A5, A379 e A244
Madelon 4	<i>BestFirst + SubsetEval</i>	A5, A65, A106, A129, A143, A205, A242, A244, A339, A443, A473 e A476
Madelon 5	<i>Ranker + Symmetrical</i>	A143, A277, A473, A476, A242, A443, A106, A339, A129, A65, A337, A205, A454, A494, A49, A5, A379 e A244

Os demais conjuntos de dados foram gerados à partir de informações reais. A Tabela 15 traz informações detalhadas dos conjuntos de dados. Abaixo, segue uma breve descrição dos conjuntos de dados:

- ❑ *Diabetes* é uma base médica, na qual suas amostras são pacientes do sexo feminino, rotuladas em teste positivo ou negativo e os atributos são informações laboratoriais e exames físicos dos pacientes;
- ❑ *Sonar* foi construída para classificar sinais de sonar, cujas amostras são compostas por sinais obtidos à partir de uma variedade de ângulos de aspecto diferentes. O rótulo associa à cada registro a letra "R" se o objeto for uma rocha ou "M" se for uma mina (cilindro de metal) e seus atributos estão contidos na faixa de 0 a 1;
- ❑ *Iris* é um conhecido conjunto de dados onde seu conjunto de amostras é composto por plantas rotuladas como íris setosa, versicolour, virginica e os atributos representam o tamanho da sépala e pétala;
- ❑ Bupa o conjunto de amostras são pacientes do sexo masculino rotulados com a presença ou ausência de transtorno hepático e os atributos são exames de sangue;
- ❑ *Ionosphere* traz um conjunto de amostras que são dados de radar coletados por um sistema em *Goose Bay*. As amostras desse dataset são rotuladas como "bons", que são aqueles que demonstram algum tipo de estrutura na ionosfera, ou como "ruins", que são aqueles que não possuem estrutura, passando os sinais pela ionosfera. Os atributos são pulsos para o sistema *Goose Bay*;

- *Breast-W* é outra base médica de diagnóstico de câncer de mama, cujas amostras são pacientes do sexo feminino rotuladas com câncer maligno ou benigno e os atributos são dez características de cada núcleo celular.

Tabela 15 – Conjunto de Dados

	# Amostras	# Atributos	# Classes
<i>Diabetes</i>	768	8	2
<i>Sonar</i>	208	60	2
Madelon 1	2600	19	2
Madelon 4	2600	13	2
<i>Iris</i>	150	4	3
<i>Bupa</i>	345	6	2
<i>Ionosphere</i>	351	35	2
<i>Breast-W</i>	569	32	2

Todos os conjuntos de dados abordados nesse trabalho possuem atributos contínuos e distribuição de dados não-linear, com diferentes níveis de não-linearidade. As bases de dados com distribuição de dados mais complexas, adotadas nesta dissertação são: *Diabetes*, *Sonar*, Madelon 1, Madelon 4 e *Bupa*.

5.2 Comparativo

Os métodos utilizados nesse comparativo podem ser divididos em três grupos: os AGs propostos (MIRGA e MDRGA), os AGs correlatos (CEE e NLCEE) e por fim os classificadores tradicionais (J48, *Random Forest*, Part, *Naive Bayes*, IBK e MLP). Todos esses métodos supracitados foram executados em todos os conjuntos de dados.

Os AGs propostos e correlatos foram executados utilizando 100 sementes distintas, entre 0 à 99, utilizando validação cruzada *10-fold* e adotando o conjunto de configurações apresentado anteriormente. Para se obter a \overline{acc} (acurácia média) dos AGs em cada conjunto de dados, realizou-se os seguintes passos para cada classe de cada base de dados: (1) soma-se a quantidade de registros classificados errados em cada iteração do *k-folds*, no conjunto de teste; (2) realiza-se a media aritmética de todas as 100 (cem) sementes randômicas; (3) divide-se pela quantidade total de registros da base; (4) subtrai-se 1 (um) pelo valor obtido na terceira etapa, conforme a Equação 12.

$$\overline{acc} = 1 - \frac{\sum_{s=0}^{99} \sum_{k=1}^{10} X_{s,k}}{100 \times n} \quad (12)$$

onde: s representa o número de sementes randômicas, k o número de *folds*, X a quantidade de registros classificados incorretamente em teste e n a quantidade de registros no conjunto de dados.

Para se classificar um conjunto de dados binário, isso é, com duas classes, utilizando os AGs propostos e correlatos, nos quais se tem uma regra de classificação para cada classe, basta utilizar a regra com maior acc . Supondo que a regra da classe 1 seja a melhor, ao aplicar os registros na regra e sua saída for verdade o registro é classificado como classe 1, caso contrário como classe 2, não sendo necessário a segunda regra para classificar os registros da classe 2. Em conjuntos de dados ternário, que tenham três classes, é necessário recalcular a acc , pois serão utilizadas as duas regras com melhor acc . Suponha que as melhores regras sejam da classe 2 e 3, ao aplicar os registros na primeira regra e sua saída for verdade o registro é classificado como classe 2, caso contrário o registro é aplicado na segunda regra, sendo verdade o registro é classe 3, caso contrário é classe 1, não sendo necessário uma regra específica para classe 1. Não é necessário recalcular a acc , se uma das regras possuir 100% de acerto, nesse caso o valor da acc será a segunda regra com a maior acc , situação esta que ocorre no conjunto *Iris*, pois a mesma possui 3 regras entretanto uma delas possui 100% de acc sendo adotada a próxima melhor regra.

Os resultados dos classificadores tradicionais foram obtidos pela ferramenta WEKA, utilizando a validação cruzada de *10-fold* e executado utilizando 100 sementes randômicas distintas. Pelo fato dos algoritmos J48, PART, *Naive Bayes* e IBK serem determinísticos — isso quer dizer que a saída do modelo sempre será a mesma, independente de quantas execuções — a variação da semente randômica seria em vão, logo alterou-se a semente randômica de divisão do conjunto de dados para a geração das dobras do *k-fold* em todos os classificadores. A \overline{acc} é obtida através da Equação 13, que é similar à Equação 12 apresentada anteriormente. A única diferença está no fato de que o WEKA já retorna a quantidade de erros nos *10-fold*, não sendo necessário somar os erros de cada iteração.

$$\overline{acc} = 1 - \frac{\sum_{s=0}^{99} X_{s,k}}{100 \times n} \quad (13)$$

onde: s representa o número de sementes, X quantidade de registros classificados incorretamente na validação cruzada, no conjunto de teste e n a quantidade de registros no conjunto de dados.

Além da \overline{acc} é apresentado nos resultados um indicador da significância estatística representada pela letra grega γ . Foi utilizado nesse trabalho o intervalo de confiança com 5% de significância que equivale a 95% de confiança (NEYMAN, 1937), conforme a Equação 14. Quanto menor o valor de γ mais confiável será, pois menor a variação consistirá.

$$\gamma = \alpha \times \frac{\sigma}{\sqrt{n}} \quad (14)$$

onde: α representa o índice de significância (foi adotado 5% que refere ± 1.96), σ o desvio padrão da população e n o tamanho da população. Assumindo que a população seja o valor de acc referente a cada semente executada.

Das 14 configurações executadas serão utilizadas duas para fins de comparação, a configuração padrão (conf. 1), e a melhor configuração, que pode variar de acordo com o AG e conjunto de dados, conforme é exibido na Tabela 16. A classe representa aquela que obteve a melhor *acc* entre as classes do conjunto de dados.

Tabela 16 – Melhor configuração de cada AG por conjunto de dados

Bases	CEE		NLCEE		MIRGA		MDRGA	
	conf.	classe	conf.	classe	conf.	classe	conf.	classe
<i>Diabetes</i>	10	2	3	2	10	2	6	1
<i>Sonar</i>	10	2	6	2	3	2	6	1
Madelon 1	6	1	9	1	6	1	13	1
Madelon 4	6	1	8	1	3	1	13	1
<i>Iris</i>	3	1 e 2	10	1 e 2	3	1 e 2	6	1 e 3
Bupa	10	1	10	1	6	1	6	2
<i>Ionosphere</i>	10	2	6	2	3	2	6	2
<i>Breast-W</i>	10	2	6	2	10	2	6	1

O AG proposto, encontra a melhor regra aproximadamente na geração 600 de um total de 1000 gerações. Sendo adotado um valor maior, para garantir a obtenção de boas regras na maioria das execuções. O tempo de execução de cada AG é aproximadamente 2 minutos e 10 segundos em um conjunto de dados com 569 registros e 32 atributos. Vale salientar, que as 100 sementes são executadas em *threads*, diminuindo o tempo de execução da experimentação aqui apresentada.

As Tabelas 17 (a) e (b) mostram os valores médios de \overline{acc} e γ obtidos com os AGs propostos, correlatos e classificadores tradicionais. A configuração de parâmetros utilizadas na Tabela 17 (a) é aquela que obteve a melhor taxa de \overline{acc} em cada AG e conjunto de dados, apresentado anteriormente na Tabela 16.

Tabela 17 – Comparação dos AGs propostos, correlatos e classificadores tradicionais com as melhores configurações de parâmetros sobre os conjuntos de dados

Bases	CEE		NLCEE		MIRGA		MDRGA	
	\overline{acc}	γ	\overline{acc}	γ	\overline{acc}	γ	\overline{acc}	γ
<i>Diabetes</i>	0,727	0,0011	0,772	0,0011	0,725	0,0009	0,783	0,0012
<i>Sonar</i>	0,807	0,0022	0,826	0,0021	0,785	0,0035	0,866	0,0023
Madelon 1	0,684	0,0003	0,685	0,0004	0,688	0,0003	0,696	0,0006
Madelon 4	0,687	0,0002	0,686	0,0003	0,687	0,0003	0,697	0,0005
<i>Iris</i>	0,960	0,0000	0,977	0,0008	0,966	0,0000	0,996	0,0008
Bupa	0,657	0,0011	0,741	0,0016	0,680	0,0017	0,763	0,0017
<i>Ionosphere</i>	0,958	0,0010	0,968	0,0007	0,961	0,0011	0,959	0,0008
<i>Breast-W</i>	0,963	0,0005	0,966	0,0005	0,955	0,0008	0,971	0,0005

(a)

Bases	J48		Random Forest		Part		Naive Bayes		IBK		MLP	
	\overline{acc}	γ										
<i>Diabetes</i>	0,742	0,0020	0,761	0,0013	0,734	0,0019	0,756	0,0007	0,705	0,0012	0,749	0,0018
<i>Sonar</i>	0,729	0,0044	0,841	0,0031	0,748	0,0052	0,678	0,0020	0,865	0,0019	0,827	0,0032
Madelon 1	0,781	0,0015	0,873	0,0006	0,682	0,0019	0,600	0,0002	0,781	0,0006	0,795	0,0012
Madelon 4	0,737	0,0013	0,802	0,0007	0,670	0,0015	0,613	0,0002	0,700	0,0007	0,787	0,0013
<i>Iris</i>	0,949	0,0015	0,945	0,0013	0,943	0,0020	0,955	0,0010	0,953	0,0008	0,964	0,0016
Bupa	0,660	0,0036	0,7275	0,0028	0,640	0,0044	0,553	0,0021	0,626	0,002	0,687	0,0034
<i>Ionosphere</i>	0,899	0,0022	0,935	0,0007	0,907	0,0021	0,825	0,0008	0,868	0,0009	0,912	0,0014
<i>Breast-W</i>	0,935	0,0015	0,963	0,0005	0,942	0,0013	0,928	0,0005	0,954	0,0007	0,963	0,0009

(b)

O intervalo de confiança (γ) mostra que os algoritmos tiveram uma baixa variação nos resultados dentre as 100 execuções, não chegando à 0,01% de \overline{acc} .

Para o conjunto de dados *Diabetes* o AG MDRGA obteve a melhor média de acurácia

(\overline{acc}) de 78,3%, em segundo ficou o NLCEE com 77,2%. Mesmo considerando o intervalo de confiança (γ) o MDRGA possui o melhor resultado em comparação aos demais métodos. *Sonar* e AG MDRGA possui a melhor \overline{acc} , entretanto ao aplicar o intervalo de confiança o ponto inferior ($\overline{acc} - \gamma$) do MDRGA é inferior ao ponto superior ($\overline{acc} + \gamma$) do IBK, logo tem-se um empate entre os dois métodos. Nas bases Madelon 1 e Madelon 4 houve os piores resultados dos AGs propostos (MIRGA e MDRGA), ficando à frente do *Naive Bayes*, PART, CEE e NLCEE. Já o *Random Forest* obteve a melhor \overline{acc} em ambos os conjuntos. No conjunto *Iris* o MDRGA obteve 99,6% de \overline{acc} , 2% acima do segundo colocado. Nos conjuntos de dados Bupa e *Breast-W* o MDRGA também atingiu o melhor resultado. No conjunto de dados *Ionosphere*, o método que conquistou o melhor resultado foi o NLCEE, no qual ficou a frente do MIRGA por $\pm 0,5\%$.

Comparando a \overline{acc} dos algoritmos MDRGA e NLCEE, identifica-se que o MDRGA foi superior 1,1% ou 8,4 pacientes na base *Diabetes* e na *Brest-W* foi superior 0,5% ou 2,8 pacientes que seriam salvos. Por fim, no conjunto de dados Madelon foi superior 1,1% que equivale a 28,6 registro da base. Isso com as configurações distintas entre os dois algoritmos, na Tabela 18, é adotado a mesma configuração, sendo notório que o MDRGA obteve maior diferença na \overline{acc} em comparação ao NLCEE.

Os resultados apresentados anteriormente foram obtidos utilizando a melhor configuração. Na Tabela 18 serão abordados os resultados utilizando a configuração padrão (conf. 1) dos AGs propostos e correlatos em todos os conjunto de dados. O objetivo dessa comparação é mostrar que a configuração padrão não é tão inferior em comparação a melhor configuração.

Tabela 18 – Comparaçao dos AGs CEE, NLCEE, MIRGA e MDRGA utilizando a configuração padrão sobre os conjuntos de dados

Bases	CEE		NLCEE		MIRGA		MDRGA	
	\overline{acc}	γ	\overline{acc}	γ	\overline{acc}	γ	\overline{acc}	γ
<i>Diabetes</i>	0,706	0,0008	0,736	0,0011	0,715	0,0011	0,776	0,0013
<i>Sonar</i>	0,725	0,0036	0,809	0,0029	0,743	0,0034	0,851	0,0025
Madelon 1	0,681	0,0005	0,681	0,0004	0,685	0,0005	0,688	0,0006
Madelon 4	0,684	0,0004	0,683	0,0004	0,684	0,0004	0,691	0,0005
<i>Iris</i>	0,960	0,0000	0,966	0,0000	0,966	0,0000	0,991	0,0009
Bupa	0,636	0,0013	0,670	0,0018	0,669	0,0020	0,751	0,0020
<i>Ionosphere</i>	0,935	0,0018	0,963	0,0007	0,952	0,0015	0,953	0,0009
<i>Breast-W</i>	0,940	0,0009	0,963	0,0005	0,944	0,0008	0,967	0,0007

O AG MDRGA foi melhor em todos os conjuntos de dados, menos em *Ionosphere* onde o NLCEE se saiu melhor. Dos 32 resultados apresentados em comparação com a melhor configuração, 28 obtiveram menos de 2,4% da acc de diferença. Os outros 4 resultados variaram de 3,6% a 8,2%. Detalhadamente: (1) CEE X *Sonar*, diferença de 8,2% sendo a configuração 10 a melhor, na qual possui maior probabilidade de mutação; (2) NLCEE X *Diabetes*, diferença de 3,6% sendo a configuração 3 a melhor, na qual a quantidade de

genes ativo (S) é maior; (3) NLCEE X Bupa, diferença de 7,1% sendo a configuração 10 a melhor; (4) MIRGA X *Sonar*; diferença de 4,2% sendo a configuração 3 a melhor.

Na Tabela 19 são abordados alguns métodos do tipo caixa branca, no qual são comparados o tamanho e a complexidade de cada saída gerada. Os métodos que geram regras SE-ENTÃO são medidos através da quantidade de condições ($|regra|$) e os que geram árvores de decisão serão medidos através da quantidade de folhas e tamanho da árvore (níveis). Os resultados apresentados nos quatro primeiros métodos, foram obtidos pela média de 100 execuções com sementes distintas, logo é exposto o intervalo de confiança em paralelo. Já os outros dois (PART, J48) são de uma única execução.

Tabela 19 – Tamanho do conhecimento gerado

Bases	CEE regra	NLCEE regra	MIRGA regra	MDRGA regra	PART regra	J48	
						folhas	níveis
<i>Diabetes</i>	$3,1 \pm 0.02$	$3,0 \pm 0.05$	$4,5 \pm 0.05$	$11,5 \pm 0.25$	13	20	39
<i>Sonar</i>	$3,2 \pm 0.03$	$2,9 \pm 0.05$	$3,6 \pm 0.05$	$10,8 \pm 0.28$	8	18	35
Madelon 1	$3,7 \pm 0.05$	$4,0 \pm 0.07$	$4,8 \pm 0.07$	$13,1 \pm 0.23$	31	162	323
Madelon 4	$3,6 \pm 0.04$	$4,2 \pm 0.07$	$4,6 \pm 0.06$	$12,9 \pm 0.24$	31	153	305
<i>Iris</i>	$3,1 \pm 0.02$	$4,6 \pm 0.05$	$4,2 \pm 0.06$	$9,4 \pm 0.24$	3	5	9
Bupa	$3,9 \pm 0.02$	$4,4 \pm 0.05$	$5,9 \pm 0.08$	$12,6 \pm 0.25$	15	26	51
<i>Ionosphere</i>	$3,8 \pm 0.04$	$4,0 \pm 0.05$	$4,6 \pm 0.05$	$11,9 \pm 0.28$	10	18	35
<i>Breast-W</i>	$3,2 \pm 0.04$	$3,2 \pm 0.06$	$3,9 \pm 0.06$	$11,2 \pm 0.22$	7	13	25

A Tabela 19 mostra que o conhecimento gerado, na forma de regras SE-ENTÃO, pelas propostas são pequenas e simples quando comparados aos métodos tradicionais. Primeiramente o tamanho das regras geradas pelo AG MIRGA ficou próximo em relação ao NLCEE. Já o AG MDRGA apresentou regras até três vezes maiores em relação ao NLCEE. Quando comparados PART, o resultado obtido em alguns conjuntos de dados (com relação ao tamanho) foi similar. Já na Madelon o MDRGA, as regras geradas foram até três vezes menor. Esse valor aumenta quando comparado ao J48, uma vez que cada folha é uma regra com no mínimo uma condição e no máximo o tamanho da árvore, logo a quantidade mínima de condições é a soma da quantidade de folhas com o tamanho da árvore, menos um. Por exemplo, o J48 no conjunto de dados *Diabetes* possui no mínimo cinco vezes mais condições em comparação ao MDRGA e na Madelon 1 no mínimo trinta e seis vezes maior.

Na Tabela 20 é apresentado um exemplo de regra gerada pelos AGs propostos em cada conjunto de dados. Essas regras foram geradas utilizando semente aleatória igual a 0 e foram extraídas da primeira dobra do k -fold, da configuração padrão e da classe com menor taxa de erro.

Tabela 20 – Regras geradas pelos algoritmos propostos

Bases	Regras

	<i>Diabetes</i>	SE (preg <7.0) e (plas <128.0) e (skin <64.0) e (insu <501.0) e (mass <45.5) ENTÃO classe 1
M I R G A	<i>Sonar</i>	SE (S1 <0.0452) e (S11 <0.1983) e (S47 <0.3139) e (S51 <0.0703) ENTÃO classe 1
	Madelon 1	SE (A476 ≥ 474.0) e (A443 <558.0) e (A106 ≥ 426.0) e (A339 ≥ 215.0) e (A129 ≥ 472.0) e (A379 ≥ 413.0) ENTÃO classe 1
	Madelon 4	SE (A106 ≥ 428.0) e (A129 ≥ 467.0) e (A242 ≥ 492.0) e (A443 <540.0) e (A476 <650.0) ENTÃO classe 1
	<i>Iris</i>	SE (petallength ≥ 2.2 e petallength <5.5) e (petalwidth ≥ 0.9 e petalwidth <1.8) ENTÃO classe 2
	Bupa	SE (Mcv ≥ 75.0 e Mcv <83.0) ou (Mcv ≥ 87.0 e Mcv <100.0) e (Sgpt ≥ 22.0) e (Sgot <49.0) e (Gammagt <36.0 ou Gammagt ≥ 70.0) ENTÃO classe 1
	<i>Ionosphere</i>	SE (a03 ≥ 0.245) e (a04 ≥ -0.2765) e (a05 ≥ 0.119) e (a06 ≥ -0.2295) e (a10 ≥ -0.9215) ENTÃO classe 2
	<i>Breast-W</i>	SE (A4 <156.44) e (A14 <7.608) e (A25 <960.7) e (A29 <0.1429) ENTÃO classe 2
M D R G A	<i>Diabetes</i>	SE ((preg ≥ 3.0) e (plas <169.0 ou plas <178.0) e (pres <72.0) e (mass ≥ 43.1)) ou ((preg <7.0 ou preg ≥ 10.0) e (plas <128.0) e (skin <55.0) e (pedi ≥ 1.746 ou pedi <1.221)) ou ((mass ≥ 66.4) e (pedi ≥ 2.357)) ou ((mass <28.3)) ENTÃO classe 1
	<i>Sonar</i>	SE ((S3 <0.0096) e (S14 ≥ 0.3994) e (S20 ≥ 0.278) e (S49 ≥ 0.079)) ou ((S10 ≥ 0.0276) e (S11 <0.1981) e (S52 <0.045)) ou ((S6 ≥ 0.2237)) ENTÃO classe 1
	Madelon 1	SE ((A242 ≥ 486.0) e (A454 ≥ 690.0) e (A494 ≥ 401.0) e (A379 <502.0)) ou ((A476 ≥ 491.0) e (A339 <469.0)) ou ((A476 <565.0) e (A339 ≥ 591.0)) ENTÃO classe 1
	Madelon 4	SE ((A5 ≥ 610.0) e (A106 ≥ 967.0 ou A106 <526.0) e (A205 <618.0) e (A473 <423.0) e (A476 ≥ 615.0)) ou ((A129 <494.0 e A129 ≥ 464.0) e (A205 ≥ 434.0) e (A339 ≥ 346.0) e (A473 ≥ 552.0) e (A476 <682.0)) ou ((A339 <495.0) e (A476 ≥ 500.0)) ENTÃO classe 1
	<i>Iris</i>	SE ((sepalwidth ≥ 2.0) e (petallength ≥ 5.0) e (petalwidth ≥ 0.5 e petalwidth <2.5)) ou ((petalwidth ≥ 1.7)) ENTÃO classe 3
	Bupa	SE ((Alkphos <130.0) e (Sgpt ≥ 22.0) e (Gammagt <28.0 ou Gammagt ≥ 171.0)) ou ((Mcv <65.0) e (Alkphos <78.0)) ou ((Gammagt ≥ 205.0)) ou ((Gammagt <12.0)) ENTÃO classe 1

<i>Ionosphere</i>	SE ((a01 \geq 1.0) e (a08 < 0.5798) e (a11 \geq -0.433) e (a17 < 0.218) e (a21 \geq 0.057)) ou ((a02 \geq 0.0) e (a05 < 0.148) e (a07 < 0.642)) ou ((a01 < 1.0) e (a16 \geq -0.3692)) ou ((a08 < -0.8523) e (a13 \geq -0.058)) ENTÃO classe 1
<i>Breast-W</i>	SE ((A2 < 18.7) e (A4 \geq 154.1) e (A13 < 3.611) e (A17 \geq 0.09257) e (A18 < 0.23466) e (A19 \geq 0.0127) e (A22 < 11.68) e (A29 < 0.1575 ou A29 \geq 0.1617)) ou ((A12 \geq 0.1404) e (A24 \geq 111.6) e (A25 \geq 367.4)) ou ((A1 \geq 3.85352096E8) e (A13 \geq 1.725)) ou ((A15 \geq 22.53) e (A29 \geq 0.1436)) ENTÃO classe 1

Foram citados outros trabalhos correlatos, entretanto seus métodos não foram implementados para fins de comparação. Sendo assim serão apresentados na Tabela 21 os resultados obtidos em dois artigos que utilizaram alguns conjuntos de dados em comum. Foram utilizados os métodos Ant_Miner, cAnt_Miner, cAnt_Miner2 e cAnt_MinerPB publicados em (SHAHZAD, 2017) e o DCC publicado em (TAN; YU; LEE, 2005). O AG proposto MDRGA, conseguiu ser superior a todos resultados citados.

Tabela 21 – Resultados apresentados em (SHAHZAD, 2017) e (TAN; YU; LEE, 2005) sobre alguns conjunto de dados utilizados.

	Ant_Miner	cAnt_Miner	cAnt_Miner2	cAnt_MinerPB	DCC
Diabetes	69,152%	68,612%	68,624%	73,305%	75,310%
Iris	-	-	-	-	96,73%
Bupa	61,992%	65,193%	66,134%	67,832%	-
Ionosphere	82,643%	84,056%	78,905%	84,905%	-
Breast-W	92,841%	92,694%	92,133%	94,416%	-

CAPÍTULO 6

Conclusão

Nessa dissertação foi discutido o problema de mineração de regras de classificação SE-ENTÃO em conjuntos de dados com atributos contínuos e distribuição de dados não-linear, utilizando AGs. Na tentativa de solucionar esse problema, foram propostos dois AGs: MIRGA e MDRGA. Esses AGs possuem estrutura cromossômica complexa, que possibilita maior cobertura nos valores do atributo e com a evolução do AG esses valores podem ser moldados para uma melhor representação.

O primeiro AG proposto — MIRGA — não foi capaz de resolver o problema abordado de forma eficaz, como mostrado na Seção 5. Enquanto isso, o segundo AG proposto — MDRGA — foi capaz de obter bons resultados.

Os AGs MIRGA e MDRGA foram implementados e amplamente analisados em uma série de experimentos com dados reais. Dentre os experimentos realizados, utilizando na sua validação intervalo de confiança, o AG MDRGA obteve os melhores resultados. Outro experimento que merece destaque é a comparação com seis classificadores utilizados na literatura: J48, *Random Forest*, PART, IBK, *Naive Bayes* e MLP. O AG MDRGA superou, com significância estatística, a medida de acurácia dos seis métodos utilizados na maioria dos conjunto de dados.

6.1 Principais Contribuições

As Hipóteses levantadas nesta dissertação serão apresentadas a seguir juntamente com suas respostas:

- ❑ H1: A nova abordagem irá obter melhor taxa de classificação em comparação aos trabalhos correlatos? Sim, o MDRGA obteve o melhor resultado em sete conjuntos de dados de oito analisados;
- ❑ H2: A nova abordagem irá obter melhor taxa de classificação em comparação aos algoritmos tradicionais já existentes na literatura? Sim, o MDRGA foi melhor em

todos os conjuntos de dados, com exceção em Madelon 1 e 4, nos quais *Random Forest* obteve o melhor resultado;

- ❑ H3: A nova abordagem trará resultados com baixa variação em n execuções? Sim, o intervalo de confiança (γ) revela que a variação foi menor que 0,003%;
- ❑ H4: A nova abordagem irá gerar regras SE-ENTÃO pequenas o suficiente para ser comprehensível por um especialista humano? Sim, a média da maior regra obtida nos conjuntos de dados tem 13,1 condições, mas não são tão pequenas quando comparadas aos trabalhos correlatos.

6.2 Trabalhos Futuros

Utilizando os resultados obtidos no presente trabalho, a nova abordagem proposta demonstrou sua boa eficácia, motivando novas investigações e pesquisas para o aprimoramento da abordagem. Os trabalhos futuros vislumbrados são listados a seguir:

- ❑ Estudar uma maneira para a utilização de conjuntos de dados com três ou mais classes e com atributos categóricos, de maneira eficiente;
- ❑ Investigar novos métodos de mutação estrutural, visando a melhoria dos resultados;
- ❑ Explorar maior número de combinações na quantidade de triplas do gene;
- ❑ Analisar a proposta em conjuntos de dados com alta dimensionalidade — isso é, com elevado número de atributos;
- ❑ Investigar alterações e melhorias que aumentem a eficiência computacional da abordagem.

6.3 Contribuições em Produção Bibliográfica

Até o presente momento, o trabalho desenvolvido gerou um artigo, que foi submetido e está em processo de revisão, ao *Congress on Evolutionary Computation* (CEC 2018). O artigo apresenta o algoritmo MDRGA e os resultados obtidos nos conjuntos de dados *Sonar*, *Diabetes*, *Iris* e *Breast-W*. O artigo completo, com todas as bases utilizadas, presentes nesse documento, serão compilados em um artigo científico que será submetido ao periódico Neurocomputing.

Referências

- ABDULWAHHAB, R. S. Genotype-phenotype with bnf mapping: An automatic approach of producing a computer program. In: **IEEE. Evolving and Adaptive Intelligent Systems (EAIS), 2012 IEEE Conference on.** [S.l.], 2012. p. 176–181.
- AHA, D.; KIBLER, D. Instance-based learning algorithms. **Machine Learning**, v. 6, p. 37–66, 1991.
- AMARAL, L. R.; HRUSCHKA, E. R. J. Gene ontology classification: Building high-level knowledge using genetic algorithms. In: **Proceedings of the IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC).** [S.l.: s.n.], 2010. p. 1–7.
- _____. Non-linear computational evolutionary environment (nlcee): Building high-level knowledge in complex biological databases. In: **ECML/PKDD-European Conference on Machine Learning and Principles and Practice of Knowledge Discovery in Databases. No workshop: Data Mining in Functional Genomics and Proteomics: Current Trends and Future Directions.** [S.l.: s.n.], 2011.
- _____. Transgenic: An evolutionary algorithm operator. **Neurocomputing**, v. 127, p. 104–113, 2014.
- AMO, S. D. Técnicas de mineração de dados. **Jornada de Atualização em Informática**, 2004.
- ASHBURNER, M. et al. Gene ontology: tool for the unification of biology. **Nature genetics**, Nature Publishing Group, v. 25, n. 1, p. 25–29, 2000.
- BERSON, A.; SMITH, S. J. **Building data mining applications for CRM.** [S.l.]: McGraw-Hill, Inc., 2002.
- BLAKE, C.; MERZ, C. **UCI repository of machine learning databases.** Irvine, CA: University of California, Department of Information and Computer Science. 1998.
- BUENO, M. L.; OLIVEIRA, G. M. Novas abordagens para a reconexão de subárvores no roteamento multicast baseado em algoritmos genéticos. In: **Anais do IX Congresso Brasileiro de Redes Neurais e Inteligência Computacional (IX CBRN/IC).** [S.l.: s.n.], 2009. p. 1–5.

- CHEN, L.; KOU, C.-H.; MA, S.-W. Genetic algorithm combining operation tree (gaot) for concrete performance. 2015.
- CHEN, M.; LUDWIG, S. A. Discrete particle swarm optimization with local search strategy for rule classification. In: **IEEE. Nature and Biologically Inspired Computing (NaBIC), 2012 Fourth World Congress on.** [S.l.], 2012. p. 162–167.
- DANTZIG, T. **Número a linguagem da ciência.** [S.l.: s.n.], 1970.
- DARWIN, C. **On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life.** [S.l.]: London: John Murray, 1859.
- DAVIDOR, Y. A genetic algorithm applied to robot trajectory generation. **Handbook of Genetic Algorithms.**, Van Nostrand Reinhold, p. 144–165, 1991.
- _____. **Genetic Algorithms and Robotics: A heuristic strategy for optimization.** [S.l.]: World Scientific, 1991. v. 1.
- DUDA, R. O.; HART, P. E. **Pattern Classification and Scene Analysis.** [S.l.]: John Wiley & Sons, 1973.
- ELIZONDO, D. The linear separability problem: Some testing methods. **IEEE Transactions on Neural Networks**, v. 17, n. 2, p. 330–344, 2006.
- FIDELIS, M. V.; LOPES, H. S.; FREITAS, A. A. Discovering comprehensible classification rules with a genetic algorithm. In: **Proceedings of the IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC).** [S.l.: s.n.], 2000. v. 1, p. 805–810.
- FILHO, G. R. Melhoramentos no algoritmo genético construtivo e novas aplicações em problemas de agrupamento. **São José dos Campos, Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE)**, 2001.
- FRANK, E.; WITTEN, I. H. Generating accurate rule sets without global optimization. In: SHAVLIK, J. (Ed.). **International Conference on Machine Learning.** [S.l.: s.n.], 1998. p. 144–151.
- FREITAS, A. A. Evolutionary computation. In: OXFORD UNIVERSITY PRESS, INC. **Handbook of data mining and knowledge discovery.** [S.l.], 2002. p. 698–706.
- GOLDBERG, D. E. **Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning.** USA: Adison-Wesley, 1989.
- GOLDSCHMIDT, R.; PASSOS, E. **Data Mining.** [S.l.]: Elsevier Brasil, 2017.
- HALL, M. et al. The weka data mining software: an update. **ACM SIGKDD explorations newsletter**, ACM, v. 11, n. 1, p. 10–18, 2009.
- HO, T. K. Random decision forests. In: **IEEE. Document Analysis and Recognition, 1995., Proceedings of the Third International Conference on.** [S.l.], 1995. v. 1, p. 278–282.
- HOLLAND, J. H. **Hierarchical Descriptions, Universal Spaces and Adaptive Systems.** [S.l.], 1968.

- JIAO, L.; LIU, J.; ZHONG, W. An organizational coevolutionary algorithm for classification. **IEEE Transactions on Evolutionary Computation**, IEEE, v. 10, n. 1, p. 67–80, 2006.
- LICHMAN, M. **UCI Machine Learning Repository**. 2013. Online; Acesso em: 10 de fevereiro de 2017. Disponível em: <<http://archive.ics.uci.edu/ml>>.
- LINDEN, R. Algoritmos genéticos na indústria do petróleo: Uma visão geral. 2008.
- NEYMAN, J. Outline of a theory of statistical estimation based on the classical theory of probability. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series A, Mathematical and Physical Sciences**, JSTOR, v. 236, n. 767, p. 333–380, 1937.
- OLIVEIRA, S. **Metaheurísticas aplicadas ao planejamento da expansão da transmissão de energia elétrica em ambiente de processamento distribuído: 2004. 290 f.** Tese (Doutorado) — Tese (Doutorado em Engenharia Elétrica)—Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação, Universidade Estadual de Campinas-UNICAMP, Campinas, 2004.
- PAPPA, G. L.; FREITAS, A. A. Automating the design of data mining algorithms. Springer Science & Business Media, 2009.
- POND, S. L. K. et al. Gard: a genetic algorithm for recombination detection. **Bioinformatics**, Oxford Univ Press, v. 22, n. 24, p. 3096–3098, 2006.
- QUINLAN, R. **C4.5: Programs for Machine Learning**. San Mateo, CA: Morgan Kaufmann Publishers, 1993.
- ROSENBLATT, F. The perceptron: A probabilistic model for information storage and organization in the brain. **Psychological review**, American Psychological Association, v. 65, n. 6, p. 386, 1958.
- RUMELHART, D. E.; HINTON, G. E.; WILLIAMS, R. J. **Learning internal representations by error propagation**. [S.l.], 1985.
- SHAHZAD, W. Comparative analysis and survey of ant colony optimization based rule miners. **International Journal of Advanced Computer Science and Applications**, v. 8, 2017.
- SHI, X.-J.; LEI, H. A genetic algorithm-based approach for classification rule discovery. In: **IEEE. Information Management, Innovation Management and Industrial Engineering, 2008. ICIII'08. International Conference on.** [S.l.], 2008. v. 1, p. 175–178.
- SRINIVAS, N.; DEB, K. Multiobjective optimization using nondominated sorting in genetic algorithms. **Evolutionary computation**, MIT Press, v. 2, n. 3, p. 221–248, 1994.
- TAN, K. C. et al. Mining multiple comprehensible classification rules using genetic programming. In: **IEEE. Evolutionary Computation, 2002. CEC'02. Proceedings of the 2002 Congress on.** [S.l.], 2002. v. 2, p. 1302–1307.

- TAN, K. C.; YU, Q.; LEE, T. H. A distributed evolutionary classifier for knowledge discovery in data mining. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part C (Applications and Reviews)**, IEEE, v. 35, n. 2, p. 131–142, 2005.
- TAN, P.-N.; STEINBACH, M.; KUMAR, V. **Introduction to Data Mining**. [S.l.]: Editora Ciência Moderna, 2009.
- TURBAN, E.; SHARDA, R.; DELEN, D. **Decision support and business intelligence systems**. [S.l.]: Pearson Education India, 2007.
- WEINBERG, G. et al. A real-time genetic algorithm in human-robot musical improvisation. In: SPRINGER. **International Symposium on Computer Music Modeling and Retrieval**. [S.l.], 2007. p. 351–359.
- XIANGRUI, W.; SHUAI, W. Classification rule mining research based on hybrid genetic algorithm. In: IEEE. **Transportation, Mechanical, and Electrical Engineering (TMEE), 2011 International Conference on**. [S.l.], 2011. p. 292–294.
- ZHANG, Y.; WU, L. A genetic ant colony classifier system. In: IEEE. **Computer Science and Information Engineering, 2009 WRI World Congress on**. [S.l.], 2009. v. 5, p. 744–748.

Apêndices

APÊNDICE A

Resultados de execução

Neste apêndice será apresentado a taxa de erro nas cem sementes utilizadas para obter a acurácia média dos dois algoritmos propostos — MIRGA e MDRGA, respectivamente — em todos os oito conjunto de dados *Diabetes*, *Sonar*, Madelon 1, Madelon 4, *Iris*, *Bupa*, *Ionosphere* e *Breast-W*, respectivamente. No final de cada tabela possui a média aritmética, o desvio padrão (DP) e o intervalo de confiança (γ).

A.1 MIRGA

As tabelas abaixo apresenta a taxa de erro do algoritmo MIRGA nas 10 configurações e nos conjuntos de dados *Diabetes* (Tabelas 22 e 23), *Sonar* (Tabelas 24 e 25), Madelon 1 (Tabelas 26 e 27), Madelon 4 (Tabelas 28 e 29), *Iris* (Tabelas 30 e 31), *Bupa* (Tabelas 32 e 33), *Ionosphere* (Tabelas 34 e 35) e *Breast-W* (Tabelas 36 e 37).

Tabela 22 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Diabetes* com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5	
	C1	C2								
0	216	219	227	214	221	203	224	221	224	217
1	222	219	229	219	215	217	229	223	222	219
2	217	214	222	223	214	213	220	226	222	221
3	219	217	225	220	217	211	234	224	215	219
4	219	217	222	224	213	212	223	222	215	220
5	226	227	224	221	216	213	222	218	217	224
6	224	217	219	216	214	214	229	220	216	213
7	220	212	228	224	223	205	230	211	227	218
8	220	218	220	225	215	216	227	220	218	219
9	213	216	223	214	214	206	220	222	224	209
10	219	219	229	223	212	211	220	220	219	218
11	223	211	226	226	225	211	226	215	219	211
12	222	216	222	222	217	210	236	220	215	211
13	225	225	225	220	220	214	227	225	216	225
14	217	223	223	225	218	211	227	221	216	218
15	221	225	226	220	221	213	228	217	218	219
16	220	215	224	219	222	210	228	218	222	219
17	229	214	221	224	221	215	223	218	218	219
18	220	214	233	219	221	212	219	221	217	216

19	221	215	223	225	214	206	220	217	219	222
20	224	212	222	216	218	208	219	214	225	217
21	222	222	221	218	218	213	221	215	218	216
22	219	222	219	227	222	213	220	224	213	223
23	221	216	225	227	214	213	230	216	217	220
24	219	216	220	226	223	222	229	221	217	214
25	223	225	225	223	229	211	218	217	217	213
26	229	214	222	221	216	213	215	217	213	223
27	219	208	225	220	215	206	226	223	221	219
28	217	225	223	219	213	216	226	220	219	218
29	218	216	223	218	216	214	234	223	213	219
30	220	216	223	225	215	215	222	217	224	219
31	220	219	218	220	222	216	225	215	219	217
32	228	216	224	223	225	214	224	219	222	221
33	224	212	223	224	221	216	228	219	221	220
34	224	229	223	215	222	212	221	223	219	220
35	226	219	225	228	219	207	226	217	216	224
36	221	224	221	223	226	212	222	221	216	215
37	213	216	226	214	225	215	229	216	221	219
38	223	219	223	223	213	214	225	223	218	211
39	221	217	216	224	214	205	223	224	220	221
40	226	218	223	217	223	218	230	222	212	219
41	226	223	224	225	215	211	221	222	217	215
42	223	224	224	224	215	211	228	224	226	222
43	219	218	224	221	224	202	224	214	218	215
44	225	215	224	224	225	207	219	218	222	224
45	218	220	224	221	222	211	235	221	219	213
46	227	205	226	224	215	213	227	217	216	226
47	218	215	222	224	222	210	225	213	219	220
48	217	214	219	218	223	209	222	216	220	217
49	229	217	224	218	219	210	228	219	218	224
50	219	224	225	215	223	217	221	225	223	220
51	218	225	227	222	212	214	211	223	220	222
52	226	223	226	227	214	213	225	224	219	216
53	220	217	221	216	218	211	224	224	214	220
54	224	223	225	221	223	210	227	216	214	222
55	217	224	224	218	220	214	222	222	219	215
56	221	223	227	229	217	215	229	215	229	216
57	225	218	225	220	216	203	216	210	222	218
58	227	219	225	223	222	206	218	219	219	216
59	221	214	226	225	220	210	233	222	221	212
60	221	223	228	219	222	207	228	214	221	222
61	224	221	220	230	213	208	236	215	218	222
62	221	219	224	225	220	212	220	212	221	218
63	219	219	217	234	221	224	226	219	220	217
64	227	223	217	232	216	219	233	223	219	216
65	221	214	217	224	214	214	223	219	226	222
66	223	223	223	223	218	206	225	218	222	219
67	221	222	219	221	218	214	224	219	217	216
68	219	217	221	223	217	209	222	221	218	216
69	215	221	216	226	220	211	216	219	219	220
70	220	220	221	219	218	203	226	213	223	222
71	221	212	216	220	213	219	231	221	222	222
72	217	215	220	226	219	211	223	225	219	217
73	217	224	221	222	212	221	225	217	214	213
74	216	216	225	216	220	211	221	222	219	217
75	219	212	226	222	218	207	216	215	222	215
76	223	215	227	227	224	214	224	213	217	221
77	224	223	219	224	214	211	221	221	224	219
78	227	215	217	224	214	208	225	220	221	222

79	217	220	230	227	218	212	227	221	216	218
80	222	219	225	216	216	217	223	214	215	215
81	219	230	225	222	220	203	230	222	216	223
82	225	219	226	219	220	223	224	217	216	222
83	225	224	220	225	219	214	223	221	216	218
84	224	214	229	228	218	212	225	223	223	210
85	220	221	215	227	221	211	232	219	221	208
86	212	213	223	223	216	211	222	223	221	221
87	222	215	223	223	217	216	226	225	212	218
88	229	222	219	222	212	209	229	208	214	220
89	231	215	227	229	222	213	230	224	217	219
90	223	219	224	226	218	205	224	223	220	213
91	218	216	230	230	212	207	224	207	216	222
92	222	223	234	218	227	215	236	224	222	221
93	219	216	216	220	221	212	229	230	214	216
94	227	219	229	220	225	210	224	223	214	220
95	218	208	225	225	221	205	224	212	219	221
96	222	218	222	223	214	208	220	226	215	216
97	226	222	225	219	216	200	221	223	222	220
98	222	216	226	221	211	209	223	217	218	217
99	224	221	218	220	218	204	221	219	218	219
Média	221,5	218,3	223,2	222,2	218,4	211,3	224,8	219,3	218,8	218,3
DP	3,818	4,572	3,717	4,038	4,030	4,574	4,831	4,213	3,430	3,634
γ	0,748	0,896	0,729	0,792	0,790	0,897	0,947	0,826	0,672	0,712

Tabela 23 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Diabetes* com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6		Conf. 7		Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	221	214	214	211	220	223	233	216	217	208
1	218	212	220	212	220	220	223	211	220	209
2	220	223	218	213	225	220	221	223	215	203
3	217	222	221	221	226	230	222	219	213	213
4	218	221	221	221	220	215	227	225	216	206
5	217	220	216	206	218	219	228	231	218	205
6	219	219	216	210	222	214	219	225	213	210
7	215	218	215	210	225	215	219	233	219	209
8	214	219	214	213	222	220	224	224	221	214
9	217	216	220	223	219	219	226	226	216	209
10	219	217	218	215	221	221	222	222	220	210
11	217	219	214	211	224	220	219	225	221	210
12	218	218	218	204	226	224	231	222	211	210
13	214	213	213	212	230	214	227	224	214	212
14	215	220	219	213	220	225	220	218	217	211
15	220	219	219	211	222	220	222	220	215	213
16	218	220	216	203	221	222	226	224	218	209
17	215	217	216	208	218	225	230	222	223	209
18	220	217	225	208	225	222	221	226	213	204
19	219	222	215	211	221	212	222	220	217	209
20	216	225	217	213	223	222	218	225	212	210
21	219	215	222	214	216	219	229	230	215	211
22	222	220	220	205	228	215	219	219	211	217
23	210	216	215	208	221	216	231	219	215	205
24	213	218	217	217	225	220	224	222	214	211
25	214	213	217	212	219	215	224	219	211	211
26	217	220	216	214	226	223	222	221	217	213
27	219	219	212	207	223	222	226	215	209	209
28	215	217	219	218	223	216	231	228	215	212

29	220	213	220	213	228	222	223	223	209	213
30	215	218	213	213	226	217	222	224	215	211
31	216	218	219	214	224	225	230	221	213	208
32	212	221	214	214	222	225	223	219	211	217
33	219	214	213	211	217	224	226	221	211	213
34	215	213	216	215	227	222	224	219	211	211
35	218	225	211	218	223	222	223	220	215	206
36	218	221	214	206	225	224	229	233	212	218
37	216	223	218	211	222	225	219	219	218	211
38	214	212	213	210	219	219	222	227	221	216
39	221	221	219	212	226	221	221	221	219	214
40	211	221	215	218	221	221	227	216	219	213
41	220	215	208	211	219	217	226	223	218	207
42	210	225	221	207	230	218	224	223	209	205
43	215	215	216	207	225	218	221	224	205	212
44	220	215	212	217	222	228	219	218	216	212
45	220	212	213	207	215	216	229	223	217	217
46	212	215	213	211	224	223	227	230	219	215
47	214	219	220	206	219	217	223	225	202	215
48	219	213	212	217	228	221	231	220	213	212
49	214	215	218	201	221	214	224	226	212	209
50	217	212	218	210	224	218	226	219	216	205
51	211	214	216	211	223	224	224	226	219	213
52	224	211	218	212	224	224	227	229	215	216
53	221	221	216	202	224	224	225	220	216	207
54	222	217	214	217	221	220	224	224	216	211
55	215	210	223	210	221	215	218	221	212	218
56	218	218	218	215	223	216	224	221	220	205
57	209	217	208	213	220	221	219	213	211	208
58	216	207	213	210	229	216	221	216	210	212
59	221	218	213	204	227	221	228	222	217	216
60	222	216	224	210	223	227	230	227	210	216
61	216	216	212	213	220	222	222	231	219	207
62	221	209	211	206	223	215	228	224	217	206
63	219	218	216	216	229	220	224	230	219	208
64	215	221	214	209	224	223	219	228	215	212
65	218	218	220	206	223	220	226	221	212	212
66	219	216	214	212	214	220	224	225	217	218
67	217	216	216	201	229	226	227	223	219	213
68	212	216	213	204	219	222	225	232	210	211
69	222	221	210	207	226	221	226	222	216	211
70	220	217	215	211	225	223	225	220	219	207
71	214	216	214	209	215	219	227	218	214	212
72	216	213	219	213	217	218	230	228	212	210
73	219	217	214	212	218	219	222	217	210	210
74	210	213	218	213	220	222	223	224	220	211
75	216	221	220	209	221	222	225	223	212	214
76	222	219	216	209	220	223	225	226	219	212
77	219	211	220	212	230	221	225	218	210	211
78	219	218	222	212	218	220	225	226	213	213
79	218	213	215	211	221	222	226	225	219	218
80	216	221	218	214	226	223	229	223	212	213
81	216	220	222	209	221	225	229	218	215	208
82	222	217	217	209	224	217	232	225	213	211
83	219	210	218	216	218	216	232	216	212	204
84	220	223	214	208	228	218	223	221	216	217
85	213	215	214	219	221	225	226	222	215	215
86	222	214	219	216	222	220	228	228	216	209
87	216	216	217	215	218	220	230	222	214	213
88	216	218	219	219	219	221	222	221	216	208

89	215	223	210	212	219	223	222	232	213	208
90	221	215	213	204	224	217	227	225	214	212
91	221	215	206	209	231	223	225	225	214	203
92	217	215	215	209	223	218	229	224	215	212
93	215	215	221	205	227	222	226	226	211	216
94	217	219	221	217	223	223	231	227	216	212
95	216	218	216	208	227	222	227	225	220	215
96	218	225	217	208	228	228	222	222	213	210
97	215	218	214	211	224	220	232	230	208	214
98	211	222	217	211	223	223	231	213	211	208
99	221	219	218	209	226	223	226	221	223	211
Média	217,1	217,2	216,2	211,1	222,7	220,5	225,0	222,9	214,8	210,9
DP	3,246	3,740	3,536	4,435	3,688	3,505	3,719	4,474	3,802	3,600
γ	0,636	0,733	0,693	0,869	0,723	0,687	0,729	0,877	0,745	0,706

Tabela 24 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Sonar* com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5	
	C1	C2								
0	54	57	62	62	54	42	58	56	52	56
1	61	55	60	55	50	49	51	51	52	54
2	61	55	60	57	47	43	55	50	58	49
3	59	48	56	54	43	40	62	69	54	55
4	60	52	57	60	50	44	60	59	54	52
5	54	55	60	52	45	43	59	57	45	53
6	54	50	61	67	49	42	57	54	56	46
7	58	60	59	55	47	45	51	48	52	49
8	53	52	63	54	50	37	56	57	52	45
9	59	57	61	53	47	43	55	60	49	58
10	50	51	59	63	47	40	57	55	56	51
11	56	56	57	60	53	44	57	62	53	44
12	60	56	59	55	54	45	52	56	49	50
13	53	53	58	56	50	40	54	53	54	53
14	57	47	59	50	52	48	58	53	56	48
15	53	57	60	56	47	48	58	74	56	53
16	50	48	61	57	49	47	67	53	53	54
17	54	53	53	54	51	45	59	54	56	58
18	63	59	63	56	49	44	58	67	52	55
19	57	53	63	56	50	47	56	57	54	53
20	59	53	61	59	45	42	59	62	57	50
21	54	57	58	52	51	47	56	54	59	54
22	59	60	61	57	50	41	60	50	57	50
23	55	54	66	64	48	50	53	57	53	46
24	58	53	59	49	50	43	59	65	53	47
25	58	55	59	59	53	49	56	53	53	53
26	62	55	61	61	42	46	57	56	57	57
27	52	53	59	57	47	50	61	56	51	52
28	58	58	61	56	46	47	58	50	54	55
29	54	59	64	54	51	46	62	54	58	52
30	58	53	63	61	48	45	56	58	57	52
31	52	51	56	63	51	45	66	53	57	57
32	57	54	56	54	51	41	58	55	52	50
33	55	49	66	65	49	45	58	58	53	50
34	50	49	57	54	48	46	54	57	55	53
35	56	57	60	60	52	42	56	56	55	48
36	59	50	62	67	45	44	59	61	50	49
37	56	52	56	54	57	42	56	55	57	53
38	59	53	58	59	47	41	53	57	51	56

39	54	56	56	60	46	44	55	60	57	50
40	53	56	61	56	44	42	64	56	56	47
41	58	53	60	70	50	48	60	62	53	52
42	53	50	61	55	55	44	61	48	55	53
43	58	58	61	61	43	46	56	53	58	53
44	57	50	63	56	47	43	59	56	55	53
45	62	57	60	53	48	40	57	65	54	48
46	57	50	59	57	54	43	56	51	53	52
47	57	64	62	60	45	40	59	56	58	50
48	54	50	57	56	45	47	55	59	55	56
49	54	57	60	56	47	45	50	57	55	54
50	53	51	56	58	46	47	57	52	56	54
51	58	52	64	49	48	36	52	51	55	52
52	52	54	62	63	46	48	54	62	54	53
53	59	47	65	54	50	46	56	52	58	60
54	55	53	58	60	46	48	56	54	49	52
55	56	52	55	55	52	48	56	59	53	52
56	58	49	62	47	55	43	59	54	53	50
57	54	50	61	52	52	50	54	54	51	57
58	58	53	62	54	48	45	53	57	56	46
59	57	52	60	53	53	47	52	66	56	50
60	59	54	60	60	48	39	62	56	52	50
61	62	58	61	60	48	42	63	58	49	52
62	59	49	59	62	57	45	62	59	57	49
63	55	49	66	61	52	42	61	58	56	53
64	56	61	62	56	50	42	61	54	55	49
65	54	63	62	56	50	51	65	61	53	51
66	60	51	65	60	44	43	59	72	59	51
67	55	54	58	58	43	39	61	54	55	49
68	59	54	56	57	48	51	62	54	50	54
69	67	47	64	57	47	46	58	54	54	55
70	56	57	59	57	51	44	62	59	58	48
71	53	58	55	63	50	41	55	50	55	49
72	55	55	62	58	52	38	62	55	55	48
73	57	54	55	53	49	43	61	56	54	54
74	54	53	59	64	51	50	60	56	56	49
75	53	50	56	59	56	50	52	55	54	57
76	56	55	53	58	47	51	53	49	49	47
77	50	51	64	67	46	58	57	64	56	45
78	55	49	68	64	47	46	55	63	56	53
79	56	54	59	58	54	49	60	56	57	52
80	56	46	57	60	52	48	52	57	55	52
81	52	52	63	65	46	40	58	55	53	55
82	57	49	55	59	51	44	57	66	54	46
83	53	51	56	51	43	42	59	51	55	47
84	60	60	58	55	53	41	58	57	55	46
85	56	49	58	63	53	48	59	51	54	52
86	57	51	59	53	49	39	58	54	58	50
87	61	56	64	49	52	43	53	52	56	54
88	56	51	62	59	47	47	66	68	57	57
89	59	52	59	66	50	49	60	73	53	53
90	56	59	65	52	53	43	47	52	53	54
91	57	51	60	63	45	42	60	56	54	48
92	60	49	61	53	49	47	59	57	53	51
93	51	54	61	61	46	41	61	58	54	58
94	58	51	60	58	52	41	57	65	59	51
95	58	54	59	57	46	49	61	59	54	50
96	55	53	57	60	47	54	56	59	56	51
97	63	53	59	66	51	43	62	54	58	53
98	53	48	62	57	53	44	64	57	57	50

99	55	52	59	56	53	42	56	57	50	53
Média	56,38	53,3	59,96	57,73	49,16	44,65	57,72	56,97	54,4	51,6
DP	3,187	3,677	2,981	4,514	3,317	3,753	3,703	5,230	2,628	3,324
γ	0,624	0,720	0,584	0,88	0,650	0,735	0,725	1,025	0,515	0,651

Tabela 25 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Sonar* com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6		Conf. 7		Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	46	52	56	44	57	58	58	58	54	50
1	51	49	50	43	56	56	59	61	48	40
2	54	49	47	49	60	54	60	64	45	50
3	52	48	53	45	61	59	63	62	48	48
4	53	51	55	40	62	54	60	49	56	48
5	55	47	51	46	63	63	59	56	48	48
6	58	48	46	43	60	59	60	59	53	42
7	54	55	50	51	58	58	60	57	51	51
8	54	45	49	45	59	59	60	61	51	43
9	53	47	49	51	60	59	62	59	48	50
10	51	51	50	47	64	58	64	64	44	40
11	51	55	51	45	60	63	66	62	38	50
12	51	47	50	54	59	56	61	59	55	46
13	51	44	50	45	58	63	57	59	47	43
14	55	54	50	46	61	52	61	63	47	41
15	54	53	45	45	60	63	62	64	55	45
16	54	48	54	48	56	51	56	62	51	37
17	57	50	58	49	66	57	57	61	56	40
18	59	55	55	48	57	55	61	58	51	42
19	54	46	54	38	56	57	56	55	51	45
20	55	47	51	55	59	55	62	54	51	44
21	54	50	49	48	53	58	61	57	53	48
22	57	51	48	47	62	53	66	57	49	43
23	51	56	53	47	57	53	64	62	52	52
24	53	50	56	47	58	61	64	56	52	39
25	55	53	50	43	59	57	61	65	50	47
26	59	51	51	44	61	60	55	54	56	41
27	59	51	47	48	63	59	57	54	56	45
28	60	48	55	44	62	49	57	57	46	46
29	52	55	48	45	63	51	66	66	47	43
30	59	46	51	50	59	55	61	59	51	45
31	56	53	44	45	57	56	63	71	50	50
32	54	51	54	51	63	52	64	56	47	46
33	55	51	50	47	54	53	58	58	53	41
34	60	55	47	46	60	59	67	55	53	42
35	58	54	44	49	53	54	66	54	47	49
36	55	57	53	44	53	64	62	55	46	46
37	49	52	46	49	60	52	59	56	51	43
38	61	54	53	41	56	53	66	57	46	51
39	56	52	50	49	60	58	63	57	49	46
40	53	48	46	39	62	63	62	63	46	50
41	52	59	47	46	59	57	57	55	49	45
42	48	53	51	43	64	60	60	54	53	45
43	55	46	49	39	53	52	60	60	50	41
44	61	52	53	45	59	58	60	57	53	46
45	59	50	52	53	53	56	61	70	55	37
46	56	49	56	43	57	56	59	65	41	43
47	54	51	48	47	61	59	58	59	48	43
48	56	47	49	44	55	59	56	61	44	45

49	52	48	44	41	61	55	56	63	50	47
50	57	52	45	45	59	58	57	60	50	48
51	54	51	51	48	55	63	62	70	46	49
52	53	47	44	47	58	57	58	58	49	46
53	55	48	51	47	57	51	61	63	51	44
54	54	54	47	51	54	59	58	61	49	48
55	50	50	51	51	60	51	60	61	51	45
56	58	47	45	45	62	49	65	57	47	40
57	51	49	50	45	60	55	60	51	48	41
58	58	48	53	37	56	50	60	59	49	47
59	57	49	60	46	58	56	60	56	46	45
60	58	48	47	48	59	52	56	63	49	45
61	57	53	53	41	59	55	62	72	52	44
62	57	54	43	47	59	63	63	63	56	45
63	54	50	55	41	59	57	65	62	49	41
64	51	53	47	46	56	57	56	55	44	45
65	57	47	48	50	59	54	62	57	50	46
66	56	47	52	55	64	49	64	55	48	45
67	55	51	45	49	59	61	65	54	53	46
68	49	48	53	51	59	52	62	54	47	47
69	59	52	57	40	57	63	60	56	46	46
70	53	49	50	47	56	50	54	61	48	46
71	54	49	45	48	55	48	66	57	48	45
72	58	48	45	40	61	61	61	59	45	50
73	60	48	55	52	56	59	59	57	50	42
74	53	48	52	50	57	60	56	64	49	42
75	50	49	53	54	58	53	58	65	54	48
76	49	49	41	46	55	56	60	57	45	47
77	54	53	47	50	63	55	58	78	47	40
78	56	51	56	42	58	58	61	59	47	49
79	52	49	48	50	63	54	62	58	59	46
80	53	50	59	45	55	62	55	61	60	47
81	56	50	49	46	67	62	61	49	47	39
82	55	48	49	41	61	55	55	65	51	43
83	56	48	52	50	55	56	58	57	51	43
84	57	51	53	44	62	61	58	60	50	46
85	50	58	53	50	59	48	67	56	45	46
86	58	53	48	47	59	59	65	53	52	45
87	55	53	55	48	60	58	60	58	49	42
88	52	52	49	43	54	55	52	54	48	47
89	54	53	53	42	56	57	60	68	45	41
90	51	54	43	45	58	59	64	58	57	43
91	55	49	50	46	58	49	61	56	47	51
92	52	55	52	47	58	52	58	60	49	50
93	55	43	45	42	59	53	56	72	48	44
94	57	51	50	47	57	60	64	59	51	46
95	49	54	53	48	62	58	65	57	53	42
96	54	47	47	47	53	55	63	58	48	50
97	53	54	47	44	55	54	62	57	51	50
98	57	52	51	39	60	52	57	62	45	49
99	53	52	49	55	57	56	59	59	54	45
Média	54,52	50,52	50,14	46,26	58,65	56,28	60,44	59,41	49,64	45,15
DP	3,086	3,079	3,827	3,870	3,029	3,959	3,248	4,886	3,726	3,361
γ	0,604	0,603	0,7509	0,758	0,593	0,776	0,636	0,957	0,730	0,658

Tabela 26 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1	Conf. 2	Conf. 3	Conf. 4	Conf. 5
------	---------	---------	---------	---------	---------

	C1	C2								
0	813	931	830	938	815	919	832	930	810	922
1	819	925	817	941	811	920	823	920	809	917
2	818	928	826	927	822	923	841	931	816	926
3	819	938	806	942	811	931	844	928	814	933
4	815	924	827	941	819	920	835	938	819	931
5	822	934	822	936	805	932	829	949	812	923
6	821	924	819	933	812	923	835	931	827	922
7	834	930	809	945	817	936	825	946	809	923
8	822	934	816	941	809	922	843	930	808	940
9	814	934	828	930	827	926	837	938	814	921
10	816	927	835	930	821	928	832	930	802	925
11	807	933	821	937	813	920	828	946	810	914
12	809	930	835	945	819	925	831	937	816	926
13	807	925	814	939	807	930	833	937	815	928
14	820	926	824	936	818	929	825	932	813	924
15	819	931	833	934	814	923	849	931	810	931
16	811	936	831	941	814	922	825	943	809	930
17	827	929	827	931	815	928	840	930	814	927
18	817	919	831	938	824	927	820	936	814	927
19	816	927	829	929	813	935	837	933	808	932
20	809	923	817	941	806	926	824	935	819	935
21	822	927	832	934	810	929	822	935	817	930
22	813	932	825	942	811	925	818	930	805	913
23	813	922	822	945	814	925	840	939	809	931
24	814	930	825	944	825	920	828	937	816	924
25	817	925	817	941	819	925	825	941	820	930
26	815	917	818	938	813	927	821	945	799	933
27	812	930	836	935	819	929	832	933	807	931
28	825	942	823	943	816	926	821	947	809	934
29	817	920	822	932	824	933	816	932	806	928
30	820	932	824	934	803	924	827	927	807	921
31	823	920	816	944	811	926	824	930	817	924
32	818	936	825	947	822	918	833	919	829	929
33	815	930	818	935	817	922	839	932	817	918
34	826	929	817	930	813	911	820	939	811	926
35	822	928	821	934	816	932	833	933	810	925
36	820	929	819	941	818	927	827	946	812	930
37	814	926	819	937	819	926	824	941	805	922
38	813	928	819	949	822	918	833	934	805	933
39	826	937	809	939	816	925	825	933	812	928
40	833	927	823	939	815	942	832	940	808	926
41	811	929	819	940	824	930	829	939	811	929
42	812	931	820	947	826	934	827	946	801	925
43	818	922	832	935	807	929	836	942	812	929
44	816	921	830	944	824	928	830	945	814	924
45	820	930	818	933	823	917	814	928	816	920
46	825	942	828	937	811	917	825	932	810	935
47	824	931	813	940	827	927	827	917	807	923
48	820	927	815	939	801	925	843	929	822	917
49	812	930	836	930	828	926	819	928	810	921
50	811	931	822	939	813	924	832	935	812	926
51	822	927	823	941	822	913	822	928	812	922
52	817	927	828	943	816	921	838	945	812	918
53	808	929	810	925	817	925	838	939	813	929
54	817	928	830	933	808	917	825	938	812	927
55	814	930	836	934	814	924	830	933	810	927
56	814	922	832	936	821	920	824	942	816	922
57	808	930	827	933	818	923	817	931	812	926
58	800	925	831	948	815	921	824	926	817	927

59	812	926	825	941	822	923	819	930	817	928
60	814	931	818	927	816	916	825	939	814	929
61	829	928	817	944	814	923	828	941	809	933
62	813	922	818	933	820	907	826	929	811	932
63	822	929	816	936	825	917	829	939	811	934
64	809	925	832	936	824	926	830	935	810	928
65	813	924	823	944	818	932	826	940	809	920
66	821	924	834	933	814	929	822	944	808	924
67	810	938	816	941	818	926	828	932	814	925
68	819	931	823	931	827	932	827	932	816	930
69	814	928	827	928	831	930	834	940	806	937
70	827	928	829	948	815	919	835	931	805	930
71	816	926	830	943	818	920	827	929	806	929
72	820	920	836	932	820	921	840	933	807	925
73	815	933	829	935	823	920	827	924	814	928
74	831	932	820	936	820	929	819	934	812	925
75	822	927	835	934	813	925	837	927	817	916
76	813	921	814	931	820	927	824	929	819	924
77	816	931	829	932	828	930	831	926	819	931
78	812	928	818	945	826	928	826	931	803	924
79	834	925	825	936	829	913	830	932	811	929
80	813	931	811	928	821	926	833	919	812	924
81	819	928	824	949	815	924	819	939	813	931
82	820	934	827	936	824	924	826	931	812	926
83	813	936	818	947	821	926	830	925	822	929
84	808	927	817	941	821	924	826	932	813	927
85	814	924	826	937	829	929	821	943	799	926
86	823	921	830	948	813	923	835	931	822	923
87	818	930	837	940	812	933	829	923	806	926
88	814	932	821	935	817	914	835	943	804	921
89	811	926	819	933	816	918	829	945	800	922
90	815	917	822	936	818	919	818	932	806	927
91	816	921	826	930	817	927	825	939	815	923
92	810	915	835	940	804	929	822	945	809	929
93	830	938	819	938	825	922	838	932	805	920
94	824	926	823	941	812	932	841	930	812	931
95	821	930	836	943	816	925	842	935	816	925
96	819	927	817	930	829	919	827	931	805	924
97	819	928	824	933	819	919	822	932	816	918
98	829	926	815	930	803	927	827	940	819	928
99	828	934	821	950	822	918	823	944	807	922
Média	817,4	928,1	823,5	937,6	817,4	924,4	828,8	934,5	811,5	926,2
DP	6,439	5,133	7,158	5,800	6,431	5,693	7,101	6,858	5,558	4,956
γ	1,262	1,006	1,403	1,137	1,261	1,116	1,392	1,344	1,089	0,971

Tabela 27 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6		Conf. 7		Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	816	925	830	927	819	937	813	929	825	923
1	798	920	824	933	814	942	823	938	829	926
2	816	925	825	923	824	934	820	936	823	919
3	807	928	817	937	813	944	811	928	830	920
4	812	921	823	927	814	927	822	931	817	927
5	816	919	825	933	822	944	817	928	824	919
6	809	926	817	924	822	931	822	925	808	927
7	807	928	822	930	820	926	816	933	813	927
8	808	918	825	921	829	942	821	943	828	928

9	806	927	840	931	825	934	817	934	820	935
10	806	922	825	923	817	934	817	937	832	932
11	808	927	815	923	811	930	815	927	824	931
12	814	927	822	923	829	939	811	941	823	940
13	810	925	820	920	815	933	822	927	837	930
14	814	921	819	933	815	932	818	929	825	924
15	814	916	819	930	820	926	818	936	822	923
16	809	930	825	914	819	944	821	928	824	931
17	810	910	834	913	832	937	814	935	822	926
18	819	926	833	927	827	931	827	931	826	934
19	804	919	831	929	810	931	816	937	828	920
20	809	920	830	928	821	939	818	941	824	921
21	808	925	820	923	810	939	834	932	821	928
22	811	916	828	927	821	925	828	927	821	921
23	814	919	821	925	826	927	811	932	818	928
24	807	925	807	927	819	946	824	935	823	939
25	810	916	823	933	823	933	825	939	827	927
26	811	929	827	925	818	929	817	927	826	919
27	809	927	824	928	817	936	810	937	816	928
28	807	922	831	923	815	932	818	930	824	926
29	813	922	833	933	828	936	828	938	828	932
30	814	921	822	925	815	934	815	953	823	923
31	802	925	823	927	811	932	828	931	822	928
32	810	920	818	923	827	949	826	922	835	926
33	800	918	826	924	817	937	818	936	823	940
34	812	927	823	930	816	940	825	936	827	927
35	804	919	841	923	814	939	821	920	824	925
36	799	924	823	938	835	940	833	940	811	927
37	809	931	809	934	828	933	817	925	818	930
38	811	917	815	933	816	939	825	940	817	938
39	803	915	830	918	822	927	810	931	813	926
40	808	930	820	911	820	945	809	932	826	926
41	812	924	829	930	809	925	817	931	829	929
42	804	918	819	930	816	934	807	942	823	934
43	809	919	817	933	822	939	813	938	814	917
44	812	924	832	922	810	939	822	937	816	938
45	814	928	833	919	821	934	814	942	819	922
46	806	926	822	921	820	938	829	937	817	936
47	812	924	818	918	816	936	821	941	830	922
48	818	925	825	938	824	936	813	935	827	925
49	814	922	822	931	805	941	819	928	827	929
50	808	928	829	925	832	945	816	931	832	927
51	806	919	831	923	810	926	825	934	819	922
52	801	923	823	930	817	930	818	929	824	922
53	806	928	828	937	833	929	819	942	821	937
54	815	923	832	925	813	948	813	920	819	931
55	802	919	821	935	815	937	824	931	838	923
56	805	919	833	927	814	937	825	936	830	927
57	804	921	825	918	819	943	820	929	830	928
58	811	916	823	921	823	938	807	935	823	921
59	806	917	829	922	821	933	815	930	830	926
60	806	924	832	930	819	938	819	941	819	939
61	807	928	839	934	813	935	814	934	830	926
62	808	925	838	934	815	933	811	943	832	934
63	817	925	821	919	816	926	826	939	810	931
64	801	917	837	940	814	930	815	950	830	932
65	807	922	817	925	815	938	826	940	828	923
66	812	920	830	916	822	936	812	943	829	927
67	804	917	813	931	807	933	820	939	828	922
68	810	917	822	930	821	930	818	939	829	920

69	810	920	831	930	812	947	813	922	815	927
70	804	921	820	933	823	934	823	940	836	928
71	811	923	825	931	822	938	817	942	823	934
72	795	927	823	934	822	936	825	932	825	922
73	817	925	823	934	825	937	828	936	837	925
74	808	933	815	931	820	948	813	932	823	932
75	812	927	814	927	817	936	816	930	824	931
76	814	920	829	925	816	937	823	936	821	926
77	804	915	819	927	812	942	824	940	827	931
78	810	918	819	933	811	924	818	924	824	929
79	807	919	826	917	819	933	829	943	810	927
80	813	929	821	939	816	935	819	936	834	931
81	814	926	827	933	813	937	817	930	819	929
82	809	928	826	928	817	935	817	930	838	927
83	812	922	820	927	810	928	818	942	820	924
84	804	920	811	921	817	932	806	936	823	929
85	803	926	824	927	817	935	810	938	825	934
86	804	922	834	933	815	931	818	927	835	928
87	807	924	828	926	818	932	827	939	824	931
88	815	918	818	927	815	932	818	941	821	929
89	814	918	816	927	822	943	822	936	831	934
90	812	914	826	933	812	931	822	928	821	920
91	812	918	820	934	829	944	817	930	821	931
92	813	922	826	924	820	936	824	939	822	937
93	807	926	835	911	827	933	815	934	820	916
94	801	926	823	917	824	938	814	942	836	925
95	813	926	823	922	824	945	816	930	817	923
96	801	915	830	929	816	941	809	935	816	934
97	809	925	824	936	812	941	832	930	820	930
98	803	918	828	939	817	938	819	935	823	931
99	808	918	832	931	821	934	815	932	813	927
Média	808,7	922,3	824,6	927,2	818,5	935,7	818,8	934,4	823,9	927,7
DP	4,780	4,471	6,660	6,346	5,992	5,727	5,976	6,132	6,508	5,336
γ	0,937	0,876	1,305	1,244	1,174	1,122	1,171	1,202	1,276	1,046

Tabela 28 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5	
	C1	C2								
0	824	931	833	942	819	932	836	943	815	932
1	822	933	824	938	813	931	841	937	809	929
2	818	931	827	941	817	928	831	936	822	933
3	824	931	825	952	817	925	830	932	820	921
4	819	931	838	943	818	920	823	948	810	927
5	815	937	813	932	808	923	829	935	825	925
6	824	935	835	941	816	936	836	928	816	924
7	819	929	827	936	813	914	835	940	815	939
8	823	936	828	939	809	920	815	931	820	933
9	824	917	827	933	811	927	824	929	822	932
10	821	938	838	947	816	926	825	932	821	933
11	812	936	826	940	811	916	826	938	819	931
12	819	928	823	935	815	928	822	945	811	921
13	815	935	832	928	807	924	841	933	815	932
14	830	932	844	951	812	925	836	933	814	927
15	819	929	831	940	809	923	839	949	819	923
16	819	933	828	950	817	920	829	931	823	932
17	812	923	825	936	816	923	827	933	805	934
18	821	935	839	947	806	921	831	939	810	924

19	819	937	843	937	821	929	819	938	816	927
20	824	927	823	933	815	919	823	939	811	929
21	815	931	832	941	812	913	828	929	811	934
22	817	923	833	948	807	934	821	931	820	923
23	824	925	830	929	813	930	831	947	822	928
24	822	939	833	943	809	922	829	934	812	927
25	841	935	830	922	807	932	831	934	816	933
26	820	931	833	938	809	917	823	927	813	923
27	817	933	831	934	808	925	831	939	810	920
28	811	930	826	942	815	920	829	935	814	922
29	825	932	830	938	815	914	825	948	818	923
30	805	932	834	949	809	920	824	943	810	939
31	821	932	836	947	817	931	832	935	820	927
32	830	928	822	943	808	913	827	937	821	926
33	822	928	830	942	815	917	834	937	816	926
34	821	936	831	942	819	918	828	930	820	920
35	822	928	834	944	817	922	843	949	811	931
36	818	932	833	934	817	904	828	937	812	923
37	810	945	832	937	815	923	827	934	814	921
38	827	932	825	940	813	923	816	938	820	923
39	824	928	826	944	824	917	829	933	818	919
40	818	935	823	943	821	923	826	937	822	926
41	819	928	820	947	812	922	819	934	818	927
42	821	924	830	933	820	921	826	940	820	917
43	814	925	837	935	809	933	831	934	824	927
44	815	926	833	934	811	927	823	933	812	922
45	825	933	823	938	815	923	832	943	810	924
46	829	930	821	942	816	922	830	929	820	927
47	822	935	825	943	816	915	818	933	818	927
48	830	927	834	937	816	917	839	934	801	919
49	819	929	826	951	808	915	829	935	809	937
50	820	927	825	936	804	925	819	938	815	926
51	813	933	835	935	808	926	826	933	814	931
52	825	934	832	933	808	921	819	923	820	925
53	806	937	829	943	816	921	827	936	816	930
54	815	928	831	938	818	913	820	942	820	931
55	827	943	825	945	811	923	827	934	812	923
56	820	934	831	933	815	921	824	942	811	934
57	820	931	821	944	803	918	824	930	820	931
58	815	930	827	943	816	924	828	937	803	929
59	831	933	837	939	811	927	821	935	819	927
60	822	928	826	939	806	924	829	937	831	929
61	811	935	834	932	806	920	823	937	821	921
62	820	935	827	944	809	914	822	937	810	923
63	829	930	837	940	812	921	831	935	822	928
64	823	929	830	937	810	926	826	949	810	927
65	821	929	827	937	812	906	816	943	815	928
66	816	929	820	945	814	918	821	942	810	922
67	822	933	831	942	813	915	831	939	813	928
68	815	933	833	925	821	923	825	928	812	927
69	822	921	825	936	817	928	822	936	814	925
70	819	932	833	936	815	932	827	948	813	927
71	825	928	836	938	813	924	819	933	814	933
72	824	934	826	950	816	929	824	944	811	931
73	814	921	838	949	814	921	831	942	815	927
74	817	930	821	932	812	920	833	931	816	931
75	829	924	828	946	813	929	826	935	818	924
76	817	927	839	938	821	927	818	933	807	930
77	814	932	835	935	807	923	828	933	812	937
78	824	927	830	946	803	924	823	934	814	926

79	826	921	825	933	828	918	832	934	813	925
80	815	918	830	943	816	919	837	940	815	925
81	814	925	825	946	815	930	817	933	822	927
82	830	930	824	937	809	917	826	930	813	932
83	811	929	829	939	811	925	827	932	814	940
84	812	939	823	933	815	922	834	933	813	934
85	822	932	844	944	809	927	824	937	821	927
86	818	927	826	937	819	933	841	922	814	932
87	827	934	832	940	808	927	825	933	816	924
88	826	930	836	936	814	924	830	941	812	922
89	821	933	828	938	810	918	830	934	811	926
90	813	916	827	933	817	923	823	938	820	930
91	821	926	832	937	820	920	839	935	811	932
92	821	943	836	947	821	918	834	937	815	934
93	826	930	828	932	802	920	834	925	819	938
94	823	928	839	934	810	923	832	938	817	929
95	816	934	837	931	811	920	845	920	816	931
96	828	931	822	940	816	934	825	929	810	936
97	823	933	842	936	808	930	825	922	810	937
98	816	931	831	935	805	928	835	940	813	922
99	818	928	836	943	810	919	827	935	808	929
Média	820,3	930,6	830,0	939,3	813,0	922,6	827,8	935,7	815,2	927,9
DP	5,818	5,081	5,823	5,849	4,89	5,865	6,317	5,914	4,983	4,976
γ	1,14	0,996	1,141	1,146	0,958	1,15	1,238	1,159	0,977	0,975

Tabela 29 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6		Conf. 7		Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	819	932	816	924	818	936	830	934	816	915
1	811	939	813	933	819	934	835	945	813	932
2	812	920	811	922	824	936	819	932	815	930
3	812	925	822	931	828	926	828	935	817	922
4	817	929	821	931	826	925	836	945	818	934
5	813	926	825	925	832	947	819	948	815	919
6	813	925	815	928	833	937	824	941	806	919
7	819	917	817	932	827	942	838	949	820	927
8	808	929	826	935	824	932	833	940	818	927
9	812	922	823	939	821	931	831	939	812	933
10	809	932	831	928	827	943	840	940	818	920
11	813	920	821	919	829	928	824	936	815	925
12	818	926	823	925	821	941	824	944	816	929
13	814	931	828	932	829	931	823	941	808	926
14	814	932	829	916	827	934	825	938	817	932
15	808	929	818	935	816	944	824	934	817	926
16	804	918	811	929	824	939	833	947	828	927
17	830	921	815	924	825	938	814	930	816	926
18	813	921	819	915	817	936	834	939	815	929
19	807	922	816	924	829	937	836	935	818	922
20	812	924	828	925	835	943	822	942	816	927
21	806	924	814	935	835	927	825	939	818	935
22	810	930	818	923	828	936	836	939	810	925
23	806	923	820	930	837	943	826	937	815	932
24	809	920	817	924	824	940	832	936	809	933
25	814	931	814	917	829	940	831	949	816	933
26	810	924	811	929	827	934	825	943	813	921
27	816	924	827	939	832	928	830	938	811	915
28	807	918	825	930	822	935	831	931	806	944

29	818	919	820	940	826	938	839	939	820	922
30	810	933	815	932	824	937	828	944	822	929
31	816	923	822	924	827	946	824	934	821	926
32	816	926	820	925	832	936	836	939	816	935
33	808	927	820	925	833	932	828	939	812	941
34	812	929	818	927	827	943	834	940	812	935
35	810	933	822	934	832	938	829	930	819	923
36	819	922	818	932	823	933	820	940	812	932
37	811	928	812	928	820	931	834	948	814	922
38	811	927	823	928	833	933	824	940	808	938
39	813	927	813	929	827	937	833	941	811	927
40	806	921	822	923	830	925	836	938	826	928
41	822	927	817	911	832	938	824	941	821	933
42	815	924	810	923	827	934	832	929	820	931
43	817	925	818	930	829	929	833	948	817	927
44	816	921	821	923	832	933	828	938	812	937
45	811	921	815	929	829	947	831	937	815	924
46	820	918	814	931	823	937	825	939	823	925
47	813	925	817	940	828	936	828	951	810	935
48	811	923	815	925	829	931	829	939	818	927
49	817	927	809	926	829	935	828	938	820	928
50	816	923	813	917	821	942	839	925	815	919
51	815	929	815	937	837	934	829	939	808	931
52	811	925	817	928	829	928	820	929	807	925
53	815	926	817	927	835	939	820	944	825	927
54	815	926	818	924	826	939	829	940	814	924
55	810	926	824	925	825	927	827	943	814	929
56	812	931	817	920	817	932	821	942	817	926
57	818	919	823	935	832	938	831	932	823	934
58	808	922	816	922	826	943	832	937	813	926
59	814	928	828	925	826	938	834	930	819	928
60	823	920	821	922	824	925	831	943	817	934
61	814	928	818	929	829	936	830	932	819	927
62	808	925	823	913	816	941	827	938	812	929
63	817	926	818	928	826	923	821	950	819	926
64	806	915	808	912	820	942	827	932	818	933
65	815	931	810	934	825	940	831	938	817	917
66	812	927	815	934	824	943	829	940	822	930
67	821	915	813	923	829	940	829	935	817	933
68	823	925	812	916	828	931	839	940	817	933
69	813	924	814	926	823	938	826	948	833	928
70	818	929	815	936	823	934	831	929	818	928
71	825	929	816	924	831	930	837	928	820	933
72	814	922	812	931	824	931	827	936	818	921
73	812	931	827	918	826	937	826	939	813	934
74	810	925	822	934	827	932	826	947	817	923
75	810	922	818	926	828	934	818	940	817	914
76	817	929	816	935	828	935	834	934	812	933
77	810	927	812	918	813	930	822	937	806	930
78	812	927	813	932	826	930	836	939	813	934
79	817	929	818	923	825	940	831	943	816	938
80	808	919	818	918	825	937	830	937	817	933
81	809	925	817	929	815	933	832	937	817	924
82	816	917	815	926	830	932	835	931	818	924
83	817	924	813	934	830	920	823	931	819	926
84	810	926	822	932	822	934	821	946	812	937
85	816	920	819	938	834	936	836	932	811	927
86	813	925	818	924	822	933	832	935	820	924
87	817	926	820	929	828	931	823	925	821	921
88	817	926	817	928	823	934	840	936	818	928

89	807	917	821	927	826	933	827	941	808	930
90	816	923	820	936	824	924	824	926	834	930
91	813	927	816	934	827	930	835	943	816	930
92	805	928	816	921	827	937	830	934	822	935
93	810	921	823	930	831	940	820	945	819	922
94	819	932	821	928	828	931	833	936	823	924
95	803	929	822	922	820	935	821	945	818	932
96	816	934	818	934	828	937	831	944	814	925
97	810	928	815	927	826	945	823	940	821	931
98	802	926	815	942	821	940	828	942	815	923
99	820	939	819	934	818	934	835	935	813	921
Média	813,2	925,3	818,1	927,5	826,3	935,2	828,9	938,5	816,3	928,0
DP	4,888	4,706	4,759	6,514	4,876	5,512	5,652	5,741	5,057	5,68
γ	0,958	0,922	0,933	1,277	0,956	1,08	1,108	1,125	0,991	1,113

Tabela 30 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Iris* com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1			Conf. 2			Conf. 3			Conf. 4			Conf. 5		
	C1	C2	C3												
0	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
1	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
2	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	7
3	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
4	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9
5	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
6	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
7	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9
8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
9	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
10	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
11	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	9
12	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9
13	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9
14	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
15	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9
16	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9
17	0	5	8	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	8
18	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
19	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8
20	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
21	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8
22	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
23	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	10	0	5	8
24	0	5	10	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
25	0	5	7	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9
26	0	5	7	0	5	7	0	5	7	0	5	8	0	5	8
27	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9
28	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
29	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9
30	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9
31	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
32	0	5	7	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9
33	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	10
34	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
35	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
36	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9
37	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8
38	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8

39	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
40	0	5	9	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
41	0	5	9	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	8
42	0	5	8	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9
43	0	5	7	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	8
44	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	9
45	0	5	9	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9
46	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
47	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
48	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
49	0	5	9	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	8
50	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8
51	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
52	0	5	10	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9
53	0	5	8	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	8
54	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
55	0	5	9	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
56	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	9	0	5	8
57	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	10
58	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	7	0	5	8
59	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
60	0	5	9	0	5	10	0	5	8	0	5	8	0	5	8
61	0	5	9	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9
62	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9
63	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	10
64	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
65	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	8
66	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9
67	0	5	10	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8
68	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
69	0	5	8	0	5	7	0	5	7	0	5	8	0	5	8
70	0	5	8	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9
71	0	5	9	0	5	7	0	5	7	0	5	8	0	5	9
72	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	7
73	0	5	8	0	5	9	0	5	7	0	5	7	0	5	8
74	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
75	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
76	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
77	0	5	7	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
78	0	5	9	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
79	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	7
80	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
81	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
82	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
83	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9
84	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	10	0	5	8
85	0	5	9	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	7
86	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8
87	0	5	9	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8
88	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	9
89	0	5	8	0	5	7	0	5	7	0	5	9	0	5	8
90	0	5	9	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	8
91	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9
92	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
93	0	5	7	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
94	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
95	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9
96	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
97	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
98	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8

99	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8	0	5	9
Média	0	5	8,17	0	5	8,27	0	5	7,7	0	5	8,25	0	5	8,29
DP	0,00	0,00	0,60	0,00	0,00	0,60	0,00	0,00	0,62	0,00	0,00	0,52	0,00	0,00	0,59
γ	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00	0,11

Tabela 31 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Iris* com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6			Conf. 7			Conf. 8			Conf. 9			Conf. 10		
	C1	C2	C3	C1	C2	C3									
0	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
1	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8
2	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
3	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
4	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8
5	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	8
6	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
7	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	9
8	0	5	9	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	8
9	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	7
10	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9	0	5	8
11	0	5	9	0	5	8	0	5	10	0	5	9	0	5	7
12	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	7
13	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
14	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8
15	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	9
16	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	10	0	5	7
17	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
18	0	5	7	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
19	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
20	0	5	10	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
21	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
22	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
23	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	11	0	5	7
24	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
25	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
26	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
27	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
28	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9
29	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
30	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	10	0	5	8
31	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
32	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	10	0	5	9
33	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
34	0	5	9	0	5	9	0	5	9	0	5	9	0	5	8
35	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	10	0	5	8
36	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	10	0	5	8
37	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
38	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	10	0	5	8
39	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
40	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	7
41	0	5	9	0	5	8	0	5	10	0	5	9	0	5	8
42	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	7
43	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	7
44	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
45	0	5	9	0	5	9	0	5	10	0	5	10	0	5	8
46	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
47	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8
48	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	7

49	0	5	7	0	5	6	0	5	8	0	5	8	0	5	8
50	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	9	0	5	8
51	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
52	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
53	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
54	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	9	0	5	9
55	0	5	8	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	7
56	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	7
57	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	10	0	5	7
58	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
59	0	5	9	0	5	7	0	5	7	0	5	10	0	5	8
60	0	5	9	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	7
61	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	10	0	5	8
62	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8
63	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	11	0	5	7
64	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
65	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8
66	0	5	8	0	5	8	0	5	10	0	5	8	0	5	8
67	0	5	8	0	5	7	0	5	10	0	5	8	0	5	8
68	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	9	0	5	8
69	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
70	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
71	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	8	0	5	8
72	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	7
73	0	5	9	0	5	7	0	5	10	0	5	9	0	5	7
74	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	8	0	5	7
75	0	5	9	0	5	7	0	5	8	0	5	11	0	5	8
76	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
77	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	7
78	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
79	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	9	0	5	7
80	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	10	0	5	8
81	0	5	8	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
82	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	7
83	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
84	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
85	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
86	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	10	0	5	8
87	0	5	7	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
88	0	5	8	0	5	7	0	5	8	0	5	9	0	5	7
89	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8
90	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	8	0	5	8
91	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	10	0	5	8
92	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
93	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	9
94	0	5	9	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8
95	0	5	9	0	5	7	0	5	9	0	5	9	0	5	8
96	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	7
97	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	9	0	5	8
98	0	5	8	0	5	8	0	5	9	0	5	8	0	5	8
99	0	5	8	0	5	8	0	5	8	0	5	10	0	5	7
Média	0	5	8,35	0	5	7,77	0	5	8,59	0	5	8,9	0	5	7,83
DP	0,00	0,00	0,59	0,00	0,00	0,60	0,00	0,00	0,63	0,00	0,00	0,74	0,00	0,00	0,51
γ	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00	0,14	0,00	0,00	0,10

Tabela 32 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Bupa com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1	Conf. 2	Conf. 3	Conf. 4	Conf. 5
------	---------	---------	---------	---------	---------

	C1	C2								
0	119	139	121	137	113	136	117	144	117	135
1	115	141	120	134	114	131	117	146	110	141
2	115	138	120	147	99	133	117	140	115	133
3	114	133	116	142	110	136	112	144	110	134
4	113	134	113	140	111	137	116	143	111	130
5	108	131	114	140	111	130	119	136	117	135
6	113	136	119	140	117	139	122	145	110	132
7	113	137	116	131	111	128	118	140	111	134
8	115	132	115	142	117	134	120	138	111	133
9	118	137	118	139	114	133	120	139	114	136
10	122	139	112	136	112	131	113	145	110	131
11	112	135	116	145	108	138	122	146	112	126
12	110	141	118	146	109	136	113	139	113	132
13	110	135	118	143	114	129	125	136	113	131
14	109	136	119	148	113	142	115	144	109	143
15	114	130	122	130	116	131	113	139	110	131
16	111	140	117	147	111	142	115	141	117	132
17	108	144	119	136	110	132	119	138	118	137
18	119	135	113	136	112	130	116	146	113	130
19	117	137	121	135	109	131	118	137	114	128
20	114	146	115	138	110	131	118	134	109	126
21	121	144	117	141	114	130	113	148	112	129
22	118	134	112	134	113	128	118	140	113	132
23	112	138	116	140	106	129	115	136	109	129
24	109	132	118	133	115	139	119	136	107	142
25	119	130	116	146	107	137	117	137	113	134
26	117	135	112	141	112	134	120	138	116	133
27	109	130	122	142	112	129	112	148	109	133
28	118	133	116	137	111	134	120	140	113	132
29	113	131	122	143	112	132	114	149	107	134
30	113	142	117	144	115	132	116	135	111	132
31	112	142	108	138	112	134	116	137	119	131
32	114	134	117	138	111	136	117	143	112	124
33	114	135	113	136	103	127	117	145	109	132
34	111	139	116	142	112	131	121	148	112	133
35	109	135	115	135	112	127	120	138	112	142
36	113	141	114	140	114	134	121	146	114	128
37	112	135	119	139	113	143	118	142	116	135
38	119	131	119	138	111	136	115	141	118	134
39	115	130	117	146	113	130	116	139	110	132
40	114	133	119	144	111	126	116	141	107	134
41	118	140	117	145	117	135	110	131	109	134
42	111	133	115	136	111	129	116	134	112	133
43	117	135	118	140	113	128	115	138	113	130
44	111	136	119	139	109	130	115	136	110	133
45	111	143	114	141	113	131	115	146	108	125
46	118	140	114	138	114	140	120	137	105	136
47	109	142	115	147	112	135	121	146	110	134
48	111	136	110	142	114	134	120	141	115	128
49	109	139	118	133	112	135	111	141	115	133
50	117	139	115	144	111	133	120	144	114	138
51	116	135	116	130	117	135	115	143	115	138
52	115	137	123	135	116	130	117	144	108	132
53	111	133	122	144	117	131	108	134	113	135
54	115	134	118	147	112	138	111	137	112	130
55	117	133	119	143	113	129	117	137	109	139
56	118	137	120	140	114	142	121	137	121	140
57	117	127	110	141	106	146	114	130	115	134
58	110	141	118	142	109	133	116	136	115	135

59	120	133	118	146	113	134	116	145	118	137
60	110	137	113	138	115	132	123	138	111	135
61	123	136	118	143	112	127	120	138	110	131
62	111	136	112	138	108	140	115	135	113	132
63	110	144	119	144	117	136	113	138	117	136
64	115	135	120	147	108	134	119	141	115	134
65	113	135	107	142	112	135	119	136	112	130
66	115	143	116	137	109	135	118	133	109	138
67	120	134	112	144	114	133	111	144	109	129
68	113	137	114	140	116	131	116	126	114	134
69	113	128	118	140	111	138	122	137	115	133
70	117	134	120	137	112	125	119	141	114	134
71	114	139	112	138	112	138	116	136	110	134
72	113	140	116	143	107	128	111	139	110	130
73	115	137	121	141	111	133	120	137	112	131
74	115	144	126	132	106	133	120	134	116	131
75	113	135	116	134	114	124	117	147	112	140
76	115	139	120	141	105	134	118	137	115	140
77	111	142	126	132	112	128	121	141	116	125
78	120	137	111	137	117	128	119	139	110	134
79	114	136	117	136	112	133	119	141	109	138
80	113	136	118	135	110	127	116	144	113	131
81	114	134	116	145	115	133	119	144	115	137
82	114	133	112	142	109	136	112	132	117	138
83	114	135	120	135	109	136	124	137	107	133
84	115	128	119	144	112	134	120	135	107	137
85	119	142	114	137	115	131	122	147	122	139
86	119	138	113	137	111	134	116	138	113	134
87	113	130	112	145	112	136	113	139	118	142
88	110	129	117	139	108	133	121	136	113	133
89	113	135	114	135	112	132	120	146	112	132
90	109	130	108	135	107	132	124	140	111	133
91	113	138	117	134	111	135	122	144	106	131
92	116	139	114	141	115	142	117	147	111	136
93	113	139	118	136	111	134	121	144	108	131
94	120	139	117	137	110	122	119	130	106	133
95	109	143	117	138	110	127	120	137	117	131
96	120	135	120	141	115	132	116	137	114	134
97	111	134	120	138	116	135	118	142	111	141
98	113	137	120	144	110	136	124	143	116	127
99	114	143	116	146	113	137	113	143	115	141
Média	114,14	136,38	116,62	139,7	111,74	133,15	117,37	139,87	112,41	133,52
DP	3,470	4,141	3,567	4,319	3,174	4,345	3,443	4,611	3,432	3,978
γ	0,680	0,812	0,699	0,847	0,622	0,852	0,675	0,904	0,673	0,780

Tabela 33 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados Bupa com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6		Conf. 7		Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	110	128	119	131	113	135	116	135	114	126
1	112	135	117	135	116	134	114	143	109	133
2	112	129	110	132	128	132	118	138	113	141
3	111	130	116	131	113	139	116	136	114	129
4	115	127	109	133	120	136	120	147	106	133
5	114	132	115	131	118	134	110	138	112	134
6	106	135	116	146	110	131	121	135	112	140
7	112	133	121	139	114	144	119	137	114	131
8	109	133	109	130	112	136	121	132	109	135

9	108	136	117	137	112	141	116	135	112	131
10	107	128	112	135	113	133	120	138	120	142
11	104	132	115	130	118	137	117	135	113	131
12	112	130	113	132	119	138	117	141	117	133
13	109	127	121	136	112	133	117	139	109	131
14	115	138	112	133	112	126	123	134	117	136
15	112	130	116	140	120	141	111	140	109	131
16	105	143	120	135	110	134	113	137	114	132
17	113	134	116	136	121	132	120	137	115	143
18	110	132	115	141	119	132	116	138	119	130
19	107	131	116	129	113	137	123	140	110	129
20	104	136	118	134	115	135	113	146	114	135
21	112	131	119	132	123	139	117	140	118	132
22	110	130	119	140	109	132	114	135	112	130
23	110	133	114	137	111	137	113	142	115	131
24	107	131	111	135	120	128	112	144	112	130
25	112	138	111	135	114	140	118	131	110	133
26	110	133	114	130	118	137	124	138	111	130
27	106	131	111	143	112	128	117	127	113	129
28	111	134	115	127	120	144	120	132	110	132
29	106	139	113	129	108	141	116	131	107	134
30	114	136	112	124	119	139	119	129	116	124
31	110	129	114	131	124	132	124	136	111	134
32	112	136	112	131	117	143	121	130	116	136
33	115	128	118	140	121	142	116	138	112	130
34	110	137	116	134	115	145	115	142	115	137
35	114	140	114	130	115	139	119	131	117	136
36	111	127	110	131	117	132	120	132	113	135
37	118	131	115	135	115	135	117	136	112	128
38	111	131	109	132	118	137	120	141	110	142
39	110	139	117	131	109	139	116	136	113	134
40	105	130	113	133	116	142	113	139	110	126
41	111	135	113	133	116	135	116	146	113	132
42	111	130	119	141	124	135	122	133	107	134
43	106	131	113	133	112	136	117	135	111	131
44	111	132	113	141	118	142	124	136	111	131
45	113	129	115	142	114	126	112	137	112	130
46	113	128	117	132	114	131	120	138	113	142
47	112	137	111	137	115	148	112	140	115	138
48	113	130	118	133	114	132	119	135	114	131
49	111	129	116	141	115	139	119	146	113	141
50	111	136	114	137	114	134	118	139	114	126
51	109	136	118	125	114	132	116	132	116	134
52	109	139	120	132	117	138	123	135	113	138
53	110	137	116	133	117	142	120	137	113	129
54	111	127	113	140	113	135	118	145	112	130
55	114	132	119	139	112	134	126	138	109	133
56	113	131	111	132	118	140	121	145	113	128
57	114	127	115	136	117	144	116	134	112	134
58	113	129	112	132	118	139	119	138	118	141
59	109	142	109	133	120	127	114	141	113	136
60	109	133	120	134	120	134	114	139	114	132
61	110	134	113	130	117	133	115	137	113	134
62	112	133	114	135	116	139	113	143	108	134
63	115	127	117	134	113	136	115	138	110	126
64	111	127	114	140	114	143	116	135	111	132
65	115	126	107	134	114	136	117	146	111	130
66	107	134	117	135	118	136	120	135	115	131
67	109	132	117	133	119	140	114	141	112	140
68	114	131	113	135	113	134	122	144	114	132

69	107	131	110	135	112	143	117	135	114	133
70	110	127	117	133	117	136	119	136	115	143
71	113	132	120	136	123	145	114	139	113	130
72	110	135	114	135	117	147	115	134	114	135
73	108	132	121	133	112	130	120	135	115	128
74	104	131	117	135	120	138	110	138	117	141
75	108	133	113	136	118	132	122	134	113	133
76	114	133	111	135	116	132	114	131	111	136
77	109	133	122	133	108	136	114	138	118	133
78	114	142	117	135	114	133	119	134	112	133
79	112	131	113	135	113	138	120	137	112	131
80	105	132	115	139	116	143	116	141	112	139
81	110	131	110	145	118	140	117	134	117	132
82	111	130	118	143	115	143	117	137	115	131
83	108	134	113	135	116	136	118	131	113	136
84	110	132	117	139	113	137	121	136	118	133
85	109	130	112	130	119	136	123	145	115	128
86	114	129	110	136	117	132	122	142	115	133
87	106	132	112	135	113	144	112	134	115	130
88	106	136	114	136	114	138	117	137	114	130
89	110	125	113	133	111	137	118	137	114	128
90	110	130	114	140	116	138	111	139	114	131
91	107	132	114	133	118	140	114	135	119	133
92	106	138	114	139	117	133	119	139	114	138
93	105	142	112	127	111	132	115	132	110	143
94	106	132	119	138	111	141	117	141	115	133
95	108	133	115	136	122	128	119	137	111	135
96	115	132	106	135	118	136	114	131	111	128
97	111	132	111	138	111	136	120	134	113	133
98	105	133	118	134	117	135	113	140	120	129
99	112	132	115	139	117	136	121	145	118	134
Média	110,2	132,44	114,61	134,79	115,75	136,62	117,38	137,37	113,22	133,12
DP	3,052	3,801	3,342	4,073	3,726	4,658	3,475	4,256	2,841	4,231
γ	0,598	0,745	0,655	0,798	0,730	0,913	0,681	0,834	0,557	0,829

Tabela 34 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Ionosphere* com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5	
	C1	C2								
0	67	16	61	25	56	12	75	21	58	18
1	61	19	64	19	65	13	67	15	59	14
2	74	19	72	18	73	18	61	18	58	18
3	60	16	70	25	61	13	70	19	66	15
4	77	17	66	21	52	13	81	21	63	14
5	70	20	76	20	60	12	74	17	70	15
6	62	20	67	17	58	10	66	18	66	21
7	69	20	63	20	59	15	65	16	63	11
8	71	21	78	27	70	17	72	19	59	16
9	68	12	64	20	57	13	65	17	65	16
10	72	16	70	18	62	12	76	18	67	17
11	76	19	75	17	68	15	71	19	67	14
12	71	15	74	20	52	14	65	16	57	19
13	70	19	65	20	68	9	77	21	46	18
14	59	18	67	21	61	13	75	22	66	13
15	79	16	66	24	65	16	71	15	58	14
16	68	11	74	16	56	15	68	15	71	14
17	75	15	70	25	65	14	82	21	65	13
18	65	15	64	16	59	11	71	23	65	19

19	61	14	73	22	54	11	67	22	70	16
20	67	14	73	19	59	10	67	20	69	19
21	69	15	74	27	50	12	65	15	65	15
22	52	16	69	24	62	11	67	15	61	15
23	63	14	73	13	53	12	76	21	58	21
24	69	16	73	22	61	10	66	18	65	15
25	71	16	74	17	62	16	69	16	55	12
26	53	15	65	22	58	13	71	19	63	20
27	57	17	63	13	72	13	68	25	61	19
28	76	15	65	14	64	15	62	19	67	15
29	65	16	68	24	62	12	74	19	68	16
30	68	16	68	20	58	13	75	24	69	12
31	70	18	67	18	64	11	69	15	62	13
32	54	19	76	17	67	16	60	20	63	15
33	71	17	67	17	70	14	66	17	66	14
34	75	14	73	20	60	15	57	16	72	20
35	59	20	62	22	65	13	75	20	57	18
36	74	16	68	22	76	19	57	17	64	12
37	79	14	71	19	59	13	73	21	66	15
38	65	17	60	22	52	16	63	12	65	13
39	72	20	77	23	59	14	73	19	72	14
40	62	20	71	17	61	13	71	18	61	15
41	72	15	72	19	64	11	70	20	59	20
42	79	14	76	19	61	12	65	14	73	15
43	64	15	74	23	67	10	75	26	67	21
44	69	16	62	25	54	11	68	22	68	15
45	75	23	65	19	70	13	57	17	68	20
46	70	14	72	21	56	14	73	20	61	17
47	66	13	62	21	68	13	76	19	61	15
48	76	24	65	15	53	12	59	19	70	21
49	66	17	79	21	62	12	73	17	62	16
50	60	12	65	24	57	15	71	15	57	15
51	65	19	67	27	64	15	72	20	63	16
52	71	16	76	20	65	13	70	22	67	13
53	61	16	72	21	74	13	81	13	59	15
54	67	14	62	16	62	16	69	19	73	14
55	64	15	69	16	63	12	68	15	66	24
56	68	21	70	26	60	13	68	22	72	21
57	61	13	65	15	71	15	77	19	56	17
58	57	18	75	24	68	19	67	20	74	19
59	60	16	76	22	58	15	72	23	56	11
60	84	18	75	17	60	12	75	17	54	14
61	79	17	75	17	66	16	66	18	61	14
62	48	12	58	16	53	11	71	14	65	20
63	65	23	75	21	56	15	75	19	71	15
64	76	15	72	16	59	15	64	15	70	19
65	59	14	65	13	59	14	62	17	72	13
66	60	18	60	25	67	15	59	21	52	19
67	71	13	65	21	63	12	75	19	59	16
68	75	15	70	21	71	11	69	19	69	15
69	73	12	75	20	58	10	78	11	74	13
70	78	11	66	16	76	14	68	19	60	14
71	64	21	60	21	64	12	61	25	51	21
72	64	13	69	16	62	13	86	22	65	16
73	74	17	78	22	61	15	77	16	64	13
74	80	19	66	19	61	12	73	14	71	15
75	62	16	76	23	61	14	76	19	70	20
76	74	15	77	15	63	14	73	20	67	16
77	66	16	65	17	71	13	66	21	63	17
78	61	23	55	19	67	12	71	20	56	12

79	77	20	76	15	66	13	55	13	60	11
80	63	19	73	19	58	18	66	22	62	18
81	58	19	72	19	70	13	74	12	69	20
82	62	16	71	21	61	12	74	22	67	21
83	68	14	61	18	57	15	69	15	67	19
84	61	17	60	19	56	13	68	20	73	12
85	67	19	79	19	73	14	85	17	70	20
86	65	13	59	22	66	11	67	17	69	16
87	79	15	66	30	74	14	70	22	65	14
88	65	14	65	19	69	13	76	18	54	16
89	65	21	61	21	61	15	64	16	64	13
90	68	15	77	16	64	18	60	20	68	14
91	73	16	76	21	57	15	80	17	67	17
92	80	14	59	21	59	14	67	15	66	17
93	76	20	73	25	65	11	86	22	72	17
94	63	19	51	21	60	13	67	17	55	14
95	74	14	64	23	63	13	78	19	65	12
96	67	17	65	19	70	13	68	17	67	13
97	83	19	68	16	67	13	76	16	67	20
98	64	17	65	27	60	14	70	18	74	18
99	57	17	68	18	64	11	62	18	68	23
Média	67,85	16,57	68,71	20,01	62,5	13,37	70,01	18,4	64,43	16,15
DP	7,263	2,790	5,916	3,492	5,781	2,013	6,381	2,988	5,739	2,959
γ	1,424	0,547	1,159	0,684	1,133	0,395	1,251	0,586	1,125	0,580

Tabela 35 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Ionosphere* com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6		Conf. 7		Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	55	14	49	16	64	16	66	17	83	18
1	56	16	68	15	61	13	71	16	63	13
2	67	16	67	15	72	10	77	22	76	19
3	58	16	67	10	67	17	67	14	70	15
4	66	21	76	13	59	19	72	14	58	15
5	80	13	61	11	64	17	75	15	65	14
6	63	12	59	15	67	20	54	18	66	14
7	62	18	72	16	58	22	64	18	66	13
8	57	16	65	17	66	17	68	16	60	21
9	72	15	62	14	61	17	60	14	86	11
10	68	17	64	15	67	15	73	22	77	14
11	50	10	56	14	63	23	73	17	76	14
12	61	13	67	14	53	17	63	14	60	10
13	56	16	72	12	67	12	67	19	69	14
14	70	14	68	14	66	13	60	14	70	15
15	55	17	77	17	61	19	66	20	82	14
16	62	17	65	13	64	16	74	18	58	18
17	59	16	65	18	70	23	62	16	61	15
18	62	12	66	15	73	14	66	12	65	15
19	53	15	64	13	57	15	69	12	64	16
20	63	17	64	14	72	21	65	18	66	15
21	68	14	66	17	47	20	62	19	64	13
22	64	13	60	16	53	17	68	20	79	17
23	55	11	71	11	64	19	63	15	62	15
24	65	15	63	15	65	16	68	20	72	13
25	63	16	65	15	56	14	71	17	59	10
26	53	16	63	12	62	15	68	15	63	13
27	56	13	56	13	63	18	67	12	58	22
28	65	12	77	13	63	16	61	13	60	16

29	61	13	68	17	71	13	63	16	54	9
30	72	13	64	17	67	20	63	18	64	17
31	58	15	68	13	52	19	55	23	73	15
32	62	12	70	11	63	18	68	13	67	11
33	66	16	60	13	72	20	66	20	68	13
34	62	23	65	14	68	20	66	16	65	15
35	62	20	80	16	69	12	72	13	62	11
36	65	19	68	19	62	15	67	13	67	17
37	58	15	63	14	51	20	66	15	58	19
38	66	12	79	11	63	18	62	19	72	11
39	72	12	62	14	57	23	65	14	61	15
40	62	12	60	16	70	24	64	16	62	13
41	60	18	69	14	58	17	72	13	65	14
42	63	15	76	12	55	15	64	25	67	16
43	64	12	74	10	67	19	69	15	69	15
44	67	15	66	13	58	16	65	17	58	16
45	61	16	79	14	59	23	57	12	66	12
46	56	15	77	16	49	12	69	18	70	14
47	60	21	61	12	71	18	58	17	58	11
48	55	15	64	14	63	21	67	13	74	10
49	63	17	66	9	64	14	67	14	61	14
50	57	16	58	17	64	13	76	16	61	12
51	72	20	66	17	64	15	63	16	67	14
52	61	13	69	11	65	20	60	18	59	11
53	64	20	62	17	69	15	75	18	65	14
54	63	12	53	14	57	14	58	13	70	16
55	64	15	59	12	62	21	61	24	59	11
56	60	17	62	13	56	19	59	13	60	13
57	67	17	69	14	54	16	69	14	66	16
58	55	13	56	13	67	22	61	15	66	17
59	59	16	66	13	54	14	54	15	73	13
60	65	17	73	13	52	13	60	15	61	17
61	66	19	58	13	61	17	68	25	64	13
62	61	17	63	16	72	20	73	13	69	14
63	59	15	63	18	63	14	70	18	63	12
64	57	13	65	18	62	16	68	19	74	14
65	55	12	65	22	68	16	63	12	60	16
66	70	14	58	17	64	20	72	17	60	13
67	59	15	62	19	73	16	57	17	65	13
68	69	17	58	19	57	20	70	11	59	14
69	54	17	60	14	61	19	75	14	75	18
70	53	19	62	16	66	22	66	15	69	15
71	65	20	64	15	60	19	61	15	68	13
72	58	12	66	14	55	21	72	16	60	16
73	65	16	73	12	67	23	65	14	63	18
74	65	19	68	12	57	20	64	15	65	13
75	70	16	60	13	64	15	74	15	65	17
76	61	10	66	12	61	16	70	12	57	18
77	64	18	67	18	64	15	65	19	69	10
78	54	13	60	18	66	14	75	14	64	15
79	56	20	63	16	60	17	62	16	64	16
80	60	15	72	13	61	18	70	15	75	16
81	70	19	70	10	73	20	64	15	68	14
82	65	17	66	16	66	20	61	15	65	16
83	54	16	75	13	73	18	62	15	71	12
84	72	16	68	20	54	13	63	15	67	12
85	64	11	69	18	52	24	57	17	71	20
86	61	14	65	13	50	13	63	19	67	12
87	66	13	61	12	68	13	65	21	65	11
88	63	17	68	15	62	14	63	18	70	17

89	62	20	66	14	68	20	70	12	74	16
90	51	12	69	15	61	16	59	19	57	12
91	62	14	74	16	64	14	67	20	68	14
92	64	15	62	15	64	14	58	16	70	16
93	64	12	68	12	59	17	56	18	59	13
94	69	17	64	18	60	15	68	17	66	16
95	63	13	59	16	61	19	67	22	74	12
96	52	21	57	18	60	23	66	18	64	14
97	61	17	72	18	72	20	73	17	66	13
98	71	15	64	18	63	16	74	16	62	12
99	60	17	66	17	64	13	63	12	56	20
Média	62,01	15,46	65,63	14,65	62,54	17,3	65,8	16,28	65,94	14,4
DP	5,573	2,736	5,874	2,496	5,991	3,227	5,339	3,009	6,184	2,551
γ	1,092	0,536	1,151	0,489	1,174	0,632	1,046	0,590	1,212	0,500

Tabela 36 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Breast-W* com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5	
	C1	C2								
0	34	28	37	33	33	28	35	32	36	29
1	36	30	38	32	30	25	44	34	34	33
2	37	32	41	34	32	28	38	34	37	34
3	34	31	37	34	31	26	33	31	34	29
4	41	33	41	38	31	26	40	35	36	32
5	31	35	40	44	28	28	33	37	33	30
6	34	28	34	33	28	30	38	31	35	28
7	33	34	38	38	28	22	36	31	35	31
8	33	36	37	37	36	27	35	33	31	30
9	31	31	39	40	25	26	42	34	36	30
10	33	32	33	41	28	27	37	32	35	31
11	31	31	37	33	26	22	33	31	33	36
12	38	32	38	37	28	27	35	34	33	29
13	33	30	37	33	33	29	36	29	29	34
14	31	29	42	37	28	26	37	30	31	29
15	37	32	43	34	32	25	35	27	36	30
16	33	32	44	34	30	26	35	32	33	31
17	36	33	40	39	28	26	36	37	32	33
18	31	29	42	34	30	26	40	30	35	33
19	38	32	32	35	35	27	42	30	36	34
20	36	31	36	37	31	25	42	34	35	35
21	35	33	37	35	30	21	36	30	32	36
22	30	27	39	34	33	25	37	35	36	32
23	33	30	37	38	32	22	44	34	35	31
24	34	34	40	33	31	25	36	34	35	32
25	35	35	44	34	33	27	37	34	32	33
26	34	37	41	31	33	25	32	29	34	30
27	35	29	37	34	31	32	34	27	37	31
28	34	28	36	32	27	29	42	34	37	31
29	41	33	38	43	33	25	36	31	39	32
30	38	30	34	34	28	25	38	32	35	29
31	35	31	36	39	33	26	43	34	34	30
32	39	32	40	33	36	25	42	28	34	37
33	33	31	36	40	27	28	37	32	34	34
34	38	33	40	35	33	26	39	31	36	29
35	29	32	40	39	26	23	38	34	30	32
36	36	36	40	41	33	25	46	33	39	31
37	31	30	35	36	32	29	38	29	33	29
38	31	33	41	35	34	27	37	31	30	30

39	32	29	39	30	34	27	37	32	36	32
40	37	35	39	40	29	27	38	32	37	33
41	35	34	37	41	29	25	34	35	33	28
42	34	29	45	36	29	26	41	33	33	31
43	37	31	41	39	35	24	39	33	30	33
44	41	38	42	34	26	25	36	29	38	40
45	32	32	34	30	30	24	31	32	35	34
46	40	35	34	36	33	27	41	30	33	30
47	34	34	39	38	30	25	38	36	27	34
48	37	35	40	37	34	25	34	34	31	28
49	35	29	39	36	32	29	33	31	33	37
50	37	32	34	30	27	34	41	33	36	30
51	39	30	40	35	30	25	34	32	30	38
52	37	28	38	40	31	26	39	35	37	30
53	37	31	34	37	30	28	38	32	38	27
54	33	31	39	36	34	27	38	29	37	30
55	38	29	43	36	31	27	36	30	32	31
56	33	30	38	36	34	30	33	32	31	33
57	39	31	40	42	29	28	37	34	34	31
58	36	33	38	34	34	25	39	31	39	29
59	36	30	41	38	27	27	44	26	36	29
60	37	27	38	39	32	24	36	35	37	28
61	39	34	37	41	31	26	41	32	39	36
62	35	33	41	38	28	32	38	29	30	30
63	35	36	38	33	30	24	40	32	32	32
64	37	30	35	37	31	33	34	30	36	32
65	33	35	40	34	30	24	39	32	37	30
66	34	29	36	38	27	26	40	29	37	27
67	39	32	35	41	30	25	38	34	33	31
68	34	35	42	36	27	26	36	31	38	31
69	32	32	30	35	31	27	35	34	36	34
70	36	32	32	38	26	30	42	32	33	32
71	35	31	36	37	32	29	33	34	31	31
72	37	33	40	42	31	26	38	30	35	30
73	38	38	40	33	31	26	35	31	34	36
74	37	30	43	38	27	26	36	29	33	33
75	38	29	38	40	23	28	37	30	35	33
76	33	30	37	36	29	25	37	40	33	31
77	34	26	35	35	28	27	34	36	38	32
78	39	30	37	39	33	24	38	37	33	29
79	35	32	41	33	31	29	40	28	34	32
80	30	29	37	36	29	30	40	26	32	31
81	35	31	41	33	33	27	37	31	33	30
82	39	29	42	39	29	30	42	27	33	29
83	38	31	36	38	32	27	37	31	36	32
84	34	33	37	36	33	24	37	30	33	32
85	34	36	43	34	31	25	36	30	36	27
86	36	35	41	35	30	27	44	32	35	35
87	37	33	36	42	32	26	35	35	31	29
88	34	34	38	41	33	31	36	28	36	35
89	40	33	38	34	32	23	32	32	35	30
90	35	32	39	33	29	26	38	33	33	30
91	34	33	38	39	28	27	40	30	34	28
92	36	34	41	39	27	29	40	33	31	31
93	37	30	36	38	30	22	44	32	34	36
94	35	29	38	34	32	27	39	33	37	29
95	33	34	38	35	29	24	36	30	37	33
96	34	30	38	34	28	33	35	35	35	29
97	35	32	39	36	34	32	31	31	36	30
98	34	28	40	35	29	24	38	31	35	31

99	34	32	40	43	31	26	36	31	33	29
Média	35,22	31,73	38,38	36,41	30,43	26,55	37,55	31,87	34,32	31,44
DP	2,646	2,490	2,838	3,105	2,599	2,496	3,186	2,541	2,445	2,548
γ	0,519	0,488	0,556	0,608	0,509	0,489	0,624	0,498	0,479	0,499

Tabela 37 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MIRGA no conjunto de dados *Breast-W* com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6		Conf. 7		Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	34	32	34	28	40	38	46	40	33	24
1	32	28	31	25	35	42	40	35	32	26
2	32	29	31	27	37	33	40	38	32	25
3	34	32	35	26	37	34	37	30	33	21
4	32	34	35	24	33	33	37	42	29	34
5	33	33	27	24	36	37	39	40	29	26
6	31	30	38	26	34	34	39	36	33	26
7	35	30	32	27	35	40	41	39	29	23
8	35	31	33	31	34	37	38	39	25	26
9	34	30	36	26	34	34	38	42	28	25
10	34	33	31	28	37	39	41	38	29	24
11	33	34	31	28	39	37	34	35	36	30
12	37	29	31	25	38	44	38	40	30	21
13	35	30	29	26	38	37	38	37	35	28
14	30	30	29	25	35	36	33	35	33	26
15	34	31	30	26	42	41	36	36	27	25
16	30	30	37	23	36	35	43	31	32	22
17	31	30	26	24	41	38	41	42	29	22
18	33	29	32	26	37	37	41	36	30	25
19	33	32	34	25	40	35	37	37	34	27
20	36	33	34	22	37	36	41	39	39	28
21	30	30	35	22	40	32	42	35	31	25
22	35	31	32	29	39	33	40	39	30	22
23	33	33	27	23	34	41	38	33	31	28
24	30	38	33	31	35	30	42	39	34	25
25	35	31	32	27	40	36	35	39	32	25
26	35	30	27	27	36	39	36	40	30	28
27	35	36	35	26	36	33	36	43	32	28
28	35	29	31	26	36	36	38	39	28	22
29	35	34	29	23	35	34	39	34	33	24
30	32	29	32	25	40	35	40	37	30	22
31	31	30	30	28	43	39	40	36	32	25
32	37	33	34	24	38	35	39	38	28	21
33	36	32	30	25	38	37	38	39	37	27
34	33	32	38	27	36	38	43	37	30	24
35	33	29	27	22	37	33	41	40	33	26
36	34	32	36	26	36	41	42	37	33	26
37	35	31	28	24	39	39	38	35	34	23
38	32	31	29	24	37	34	38	42	34	24
39	33	31	31	24	41	38	39	37	31	25
40	31	28	31	27	34	31	42	36	29	28
41	33	30	30	28	35	37	41	40	29	28
42	35	32	37	28	34	34	35	43	31	32
43	36	32	31	27	36	38	36	41	30	26
44	36	32	34	25	35	38	40	44	34	24
45	38	32	29	29	35	35	41	37	29	28
46	29	28	30	24	37	37	39	41	29	27
47	31	31	31	27	35	37	34	37	28	24
48	36	31	33	27	41	36	45	36	34	27

49	35	29	30	26	39	34	35	33	35	23
50	37	33	32	25	37	38	41	41	29	24
51	34	34	31	29	35	36	38	38	29	26
52	33	33	32	25	35	38	33	42	25	25
53	30	35	32	24	44	36	33	35	31	26
54	31	37	29	25	38	34	42	41	31	22
55	35	30	30	25	35	42	42	40	36	26
56	37	30	29	28	38	40	36	39	32	24
57	32	31	34	25	41	37	40	39	29	27
58	32	35	32	28	36	36	39	40	26	25
59	33	28	31	25	36	37	36	39	38	25
60	32	32	32	26	40	40	36	41	31	25
61	34	26	33	32	38	33	41	40	27	27
62	36	30	30	28	41	38	41	40	31	24
63	32	34	37	26	38	35	37	38	36	24
64	37	29	35	24	37	34	41	35	27	27
65	33	32	33	28	42	35	37	39	33	24
66	35	27	27	31	35	39	39	36	33	29
67	34	34	37	26	35	35	43	45	31	25
68	31	29	36	26	37	35	38	41	31	22
69	33	29	31	31	37	34	34	40	31	27
70	30	36	32	28	35	35	34	37	31	27
71	33	33	29	27	36	33	47	38	30	24
72	34	32	31	25	37	42	36	33	30	27
73	33	32	29	26	40	43	33	31	36	28
74	33	34	33	24	39	40	46	35	29	30
75	30	34	36	25	40	40	37	42	34	23
76	31	28	27	28	36	37	40	41	29	28
77	33	30	34	25	39	37	40	34	30	23
78	35	34	25	30	32	34	43	39	28	24
79	34	30	37	30	40	37	35	40	32	26
80	33	29	31	25	38	39	39	38	35	25
81	30	32	35	26	35	34	40	38	27	23
82	33	30	31	30	35	35	35	38	33	23
83	37	34	30	29	40	34	38	34	28	25
84	33	30	32	25	38	35	40	41	34	27
85	33	33	31	23	39	36	41	38	27	25
86	36	35	28	27	40	38	40	41	34	25
87	34	31	30	28	38	38	36	37	31	34
88	34	35	30	25	39	43	36	39	30	25
89	36	28	31	27	34	34	38	40	36	23
90	34	28	26	22	46	35	38	35	30	25
91	35	32	32	26	38	39	40	39	29	24
92	35	36	29	27	36	33	35	38	32	25
93	31	34	36	25	35	38	39	33	30	26
94	32	31	33	27	41	37	41	42	30	24
95	37	31	28	30	41	34	38	41	30	24
96	30	30	35	29	34	33	39	37	34	23
97	34	31	31	26	38	39	46	41	34	24
98	33	33	31	29	39	42	41	36	28	23
99	30	35	30	26	35	38	39	41	29	22
Média	33,44	31,46	31,64	26,3	37,4	36,61	38,87	38,2	31,15	25,3
DP	2,071	2,337	2,911	2,190	2,586	2,832	3,024	2,934	2,819	2,447
γ	0,406	0,458	0,571	0,429	0,507	0,555	0,593	0,575	0,553	0,480

A.2 MDRGA

As tabelas abaixo apresenta a taxa de erro do algoritmo MDRGA nas 14 configurações e nos conjuntos de dados *Diabetes* (Tabelas 38 e 39), *Sonar* (Tabelas 40 e 41), Madelon 1 (Tabelas 42 e 43), Madelon 4 (Tabelas 44 e 45), *Iris* (Tabelas 46, 47 e 48), Bupa (Tabelas 49 e 50), *Ionosphere* (Tabelas 51 e 52) e *Breast-W* (Tabelas 53 e 54).

Tabela 38 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Diabetes* com as configurações 1 a 7.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5		Conf. 6		Conf. 7	
	C1	C2												
0	165	184	167	182	181	177	180	178	173	173	171	169	167	185
1	173	175	169	174	176	176	184	173	163	174	169	165	175	176
2	177	167	178	180	171	172	178	182	174	177	167	182	173	180
3	170	177	177	178	178	176	174	185	170	180	158	172	171	169
4	180	175	173	181	173	173	177	180	176	169	166	171	178	169
5	174	172	178	179	176	186	169	187	167	181	172	169	185	173
6	178	173	174	171	173	180	179	177	176	172	153	165	176	175
7	168	179	176	178	178	174	178	171	165	172	165	174	167	187
8	177	177	173	182	171	179	191	176	168	173	173	167	162	184
9	175	180	169	176	179	178	168	179	168	173	164	174	181	180
10	171	170	174	182	172	180	179	181	170	176	173	162	172	179
11	168	162	185	174	173	177	183	180	164	182	164	171	188	183
12	168	174	178	181	170	164	174	189	171	173	166	173	174	170
13	182	174	186	178	180	176	172	181	167	173	170	172	173	180
14	165	176	171	179	180	166	182	180	170	167	164	165	176	173
15	170	167	171	178	173	171	173	187	173	171	166	166	170	181
16	170	171	180	172	178	168	174	189	167	179	162	172	175	175
17	166	173	175	178	167	178	183	174	164	180	169	176	171	186
18	174	169	185	170	158	183	181	184	166	168	177	171	173	174
19	172	184	175	179	168	180	177	183	169	171	170	173	174	163
20	175	176	171	176	176	176	173	186	168	171	174	170	184	165
21	177	178	170	178	177	174	183	179	167	172	167	179	169	176
22	179	167	171	180	179	169	176	176	173	179	173	174	170	179
23	168	171	176	179	166	173	174	184	160	171	167	173	178	179
24	160	168	172	179	165	173	174	176	166	173	162	172	181	180
25	171	172	181	174	189	167	177	190	163	177	166	168	183	178
26	174	178	171	176	176	174	171	174	171	174	179	162	176	175
27	170	175	172	171	160	179	185	179	170	164	168	168	175	182
28	170	181	173	188	166	178	173	174	168	164	174	165	175	180
29	175	171	173	174	170	178	177	169	166	176	163	174	171	193
30	175	173	175	180	172	173	181	177	173	184	162	172	177	173
31	165	178	174	181	170	170	169	181	166	166	155	165	172	182
32	177	182	180	179	173	174	184	177	160	185	167	170	185	171
33	175	176	169	172	175	174	185	185	172	178	164	164	177	165
34	173	181	173	176	170	176	171	185	178	171	163	165	169	185
35	180	182	173	180	177	175	179	172	167	178	161	176	175	169
36	170	173	172	177	162	175	178	179	167	173	173	175	175	171
37	169	178	177	180	171	174	171	179	165	174	176	175	177	176
38	175	177	175	174	172	173	170	182	164	166	166	169	184	183
39	174	172	179	180	170	171	179	184	176	167	172	172	167	176
40	175	179	173	171	174	172	186	188	166	173	173	161	177	188
41	179	182	182	178	171	170	182	187	161	177	167	161	178	181
42	172	186	174	181	179	170	183	177	176	176	172	181	180	180
43	170	173	175	183	175	168	174	186	166	164	165	167	174	181
44	176	167	161	180	171	176	181	179	176	165	162	173	168	184
45	165	174	175	192	170	170	186	183	178	164	159	173	177	176
46	170	181	170	178	172	171	177	180	174	173	167	175	168	177
47	172	181	174	174	175	174	181	176	168	179	163	176	185	174
48	181	171	167	182	165	177	170	176	163	167	159	173	182	170

49	166	172	177	184	173	180	170	183	181	182	158	166	174	175
50	177	170	175	177	172	178	184	184	161	171	162	171	181	178
51	173	169	174	174	174	178	183	184	155	176	171	169	170	182
52	181	176	174	175	168	168	172	176	169	173	172	169	173	181
53	173	174	177	182	167	170	176	182	170	178	161	168	177	186
54	177	172	176	185	175	174	171	173	163	172	164	172	178	182
55	165	179	176	172	173	173	180	173	164	161	166	164	178	174
56	174	177	177	177	176	163	185	181	165	169	167	172	170	182
57	177	184	168	176	173	176	179	184	178	166	167	171	168	183
58	174	175	171	175	181	173	185	181	175	170	161	177	171	184
59	177	177	173	184	177	172	186	190	175	169	165	167	183	168
60	169	166	184	183	177	171	182	174	172	175	168	162	174	179
61	173	176	174	190	171	176	189	178	165	180	168	172	176	172
62	167	171	182	180	170	170	178	177	178	175	166	176	175	177
63	169	175	191	176	172	173	178	176	174	179	153	179	170	185
64	172	183	169	179	173	167	168	175	163	170	166	180	179	186
65	176	169	176	183	172	178	176	180	174	171	165	176	175	174
66	168	181	174	181	168	175	182	181	172	168	172	175	178	178
67	178	171	169	180	167	170	177	183	165	173	168	167	181	171
68	168	171	169	184	168	176	177	186	164	170	168	170	182	182
69	174	185	182	188	172	178	180	188	167	170	160	168	173	177
70	173	184	175	179	169	179	165	182	177	168	169	166	167	183
71	170	177	175	186	174	178	180	178	163	175	162	171	173	184
72	172	176	172	182	173	182	177	181	165	167	163	172	174	178
73	163	185	181	178	168	179	187	182	176	183	174	168	183	182
74	170	172	169	175	172	181	169	175	164	160	169	181	179	173
75	168	171	180	187	162	169	177	182	162	176	162	151	173	168
76	173	182	175	175	170	181	179	171	172	187	164	170	177	180
77	170	178	174	180	169	164	171	188	157	169	166	171	180	173
78	172	171	169	176	172	168	179	184	163	169	169	178	172	186
79	164	185	184	179	171	171	178	181	164	167	164	178	175	185
80	176	172	177	183	166	170	169	188	168	170	175	172	188	176
81	174	182	169	176	176	178	169	165	166	172	166	163	171	184
82	173	169	177	182	171	177	177	180	172	166	164	177	184	172
83	174	180	175	176	175	178	178	177	168	175	176	178	178	170
84	164	184	180	176	173	174	183	176	167	177	170	177	172	186
85	163	169	167	180	172	175	183	185	171	171	162	173	171	179
86	160	174	177	174	170	175	178	182	172	166	163	167	171	166
87	161	174	167	167	170	177	177	171	166	169	168	173	174	172
88	173	174	168	177	176	174	178	183	180	172	169	165	188	179
89	170	177	168	182	174	167	179	179	174	175	160	166	167	179
90	174	174	168	181	170	169	175	188	176	178	167	162	173	184
91	166	173	184	183	178	176	173	180	170	167	164	165	176	163
92	178	181	178	174	172	171	175	189	168	167	172	172	171	170
93	163	175	180	187	186	184	174	179	163	175	166	170	179	181
94	176	175	174	172	169	181	163	185	173	170	172	172	175	176
95	175	186	167	184	165	170	168	181	166	168	170	171	168	174
96	177	192	165	175	178	168	183	180	165	177	164	172	169	171
97	164	174	177	180	169	182	170	178	179	174	161	167	178	173
98	173	180	175	171	167	172	177	183	177	167	163	170	175	176
99	167	184	170	178	175	175	180	176	170	174	170	171	173	177
Média	172	176	174,5	178,7	172,3	174	177,4	180,3	169	172,5	166,5	170,6	175,3	177,5
DP	4,96	5,5	5,139	4,538	4,971	4,6	5,577	5,076	5,39	5,349	5,060	5,202	5,321	6,063
γ	0,97	1,1	1,007	0,889	0,974	0,9	1,093	0,995	1,05	1,048	0,992	1,019	1,043	1,188

Tabela 39 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Diabetes* com as configurações 8 a 14.

seed	Conf. 8	Conf. 9	Conf. 10	Conf. 11	Conf. 12	Conf. 13	Conf. 14
------	---------	---------	----------	----------	----------	----------	----------

	C1	C2												
0	178	176	174	175	166	183	171	183	165	179	173	178	171	178
1	179	172	175	171	171	177	171	168	169	178	181	171	173	173
2	174	181	181	178	167	177	175	173	183	167	174	185	170	178
3	178	186	175	185	167	169	187	185	177	176	172	181	171	179
4	163	172	172	174	175	178	176	168	171	168	177	183	187	179
5	167	174	174	178	174	169	179	179	176	181	177	169	175	183
6	171	174	171	174	172	166	176	165	164	178	169	179	185	172
7	181	178	166	172	174	173	178	187	167	169	177	177	169	178
8	178	170	176	177	172	172	173	174	176	172	178	184	170	179
9	182	176	179	172	167	170	172	167	177	164	170	172	178	169
10	168	165	164	182	174	169	165	181	178	168	180	184	168	177
11	173	175	169	174	169	169	179	178	168	182	178	179	177	173
12	179	184	171	182	160	168	173	180	165	179	175	185	164	177
13	175	178	168	180	166	181	172	182	176	175	178	189	171	177
14	184	173	181	169	179	182	169	190	172	175	180	184	166	179
15	170	173	176	179	171	176	187	170	175	174	171	184	174	169
16	170	173	177	182	180	181	176	176	185	176	178	188	171	170
17	171	180	177	177	183	179	181	189	182	180	176	186	185	182
18	170	178	183	173	179	181	179	172	169	175	165	187	179	176
19	168	179	178	184	185	180	181	169	176	177	176	181	167	174
20	167	181	171	183	167	171	181	175	168	172	176	181	172	176
21	167	174	177	187	170	174	160	171	171	175	182	177	178	180
22	180	172	177	177	178	169	172	177	176	185	172	184	171	174
23	176	174	175	182	170	179	169	171	175	174	175	195	172	175
24	168	175	175	187	173	172	173	183	173	179	168	183	174	176
25	177	176	179	171	165	168	176	179	178	176	173	183	168	189
26	169	183	171	181	175	171	168	171	171	171	181	169	170	170
27	172	178	175	178	173	180	187	181	170	175	175	169	171	181
28	165	183	167	190	172	175	164	181	172	178	179	189	160	171
29	173	180	173	176	177	174	166	170	178	171	178	178	178	169
30	175	180	174	172	178	182	181	174	168	181	173	175	173	173
31	176	176	166	176	181	170	168	175	167	173	178	174	173	177
32	174	180	180	184	167	173	167	188	180	174	177	180	174	175
33	168	184	177	193	168	181	172	179	179	179	176	187	173	167
34	168	180	178	179	171	172	173	179	172	166	183	186	177	170
35	171	173	167	170	175	179	171	183	179	168	184	188	163	180
36	175	182	173	178	167	177	169	176	168	178	168	171	168	170
37	169	174	183	180	171	180	175	185	173	165	179	188	176	159
38	179	171	165	172	176	185	179	184	172	169	175	183	167	178
39	179	181	171	176	169	171	176	177	170	182	179	181	174	174
40	170	167	171	167	172	179	172	175	179	178	180	183	184	187
41	171	190	182	182	165	176	170	177	174	183	178	183	173	180
42	179	183	185	184	179	176	182	174	179	187	169	187	169	180
43	170	172	174	190	177	180	175	174	171	178	182	181	173	166
44	180	173	177	182	168	172	170	179	174	173	174	179	168	184
45	176	189	179	181	176	175	176	172	175	176	186	183	174	184
46	170	181	174	181	179	179	170	175	167	177	170	180	171	173
47	173	179	171	175	169	183	169	176	185	183	174	174	164	181
48	171	176	174	175	189	179	180	180	177	182	176	174	181	179
49	171	186	174	173	176	176	169	179	181	182	191	189	171	178
50	172	177	172	173	173	172	175	178	171	176	176	185	179	169
51	171	179	166	180	164	167	179	167	170	182	168	184	164	177
52	170	181	182	185	173	178	178	178	178	170	176	181	173	169
53	166	175	182	176	179	175	171	183	173	177	181	174	174	182
54	172	185	177	178	174	180	178	172	176	171	170	182	173	184
55	169	189	174	176	174	178	177	168	175	169	178	174	165	170
56	173	173	158	178	179	173	180	171	180	174	175	190	167	177
57	182	174	173	180	173	180	179	183	167	180	175	182	177	183
58	178	184	169	180	173	182	179	185	175	182	175	188	166	172

59	173	184	171	174	185	180	178	183	166	181	177	169	168	178
60	174	178	180	173	171	171	175	179	173	173	176	176	182	184
61	169	179	183	185	168	181	167	182	172	181	182	175	167	174
62	176	173	173	190	172	168	168	181	173	171	174	177	176	173
63	169	166	184	179	167	175	183	179	168	175	176	184	176	170
64	179	185	176	171	168	175	180	179	163	180	179	178	177	174
65	178	179	175	175	168	176	180	176	177	175	182	175	172	171
66	172	171	170	178	170	179	182	182	166	175	181	178	161	170
67	170	182	185	185	171	175	178	166	178	172	176	176	181	178
68	170	181	178	175	169	172	170	176	180	174	179	184	164	176
69	170	178	177	182	171	178	176	163	174	184	175	173	182	180
70	174	174	161	175	166	172	169	180	173	170	177	180	178	176
71	172	181	183	184	182	181	174	168	173	161	174	177	179	172
72	171	178	173	176	175	171	179	177	165	187	178	179	173	179
73	179	184	171	186	171	179	171	174	181	174	173	189	175	174
74	170	182	181	186	172	176	178	171	169	169	185	177	170	178
75	179	169	174	179	184	182	167	173	176	184	172	189	166	173
76	184	189	173	177	177	175	181	169	177	165	178	179	171	168
77	174	174	168	177	169	174	166	183	182	185	179	182	183	175
78	176	172	176	174	178	176	177	184	169	177	175	178	169	180
79	166	177	173	184	176	165	169	176	176	173	173	178	172	173
80	175	168	172	181	176	184	172	176	184	160	171	177	182	175
81	188	167	178	181	180	184	173	170	171	171	186	184	169	166
82	174	183	175	179	174	169	174	181	166	166	168	182	165	178
83	167	184	171	181	165	174	173	181	172	166	169	181	184	186
84	171	175	173	185	164	185	174	189	173	176	175	181	187	181
85	180	179	179	172	178	179	166	180	165	174	175	193	173	169
86	168	183	172	177	169	179	171	165	175	179	171	181	176	182
87	173	178	169	183	168	163	161	184	174	177	179	172	172	171
88	166	181	171	168	171	174	172	176	179	178	177	178	179	171
89	171	173	173	174	174	175	182	173	174	183	174	177	174	179
90	183	171	177	184	175	183	179	168	173	172	181	171	179	188
91	176	182	179	184	174	180	175	176	170	183	176	196	175	179
92	177	181	169	185	182	171	172	174	163	178	177	179	175	174
93	168	181	177	186	177	186	165	179	183	167	172	178	173	176
94	168	178	169	174	182	179	177	181	177	177	176	189	160	182
95	177	180	165	186	175	168	181	175	172	165	179	179	172	178
96	173	162	176	179	182	172	163	180	170	168	177	176	181	169
97	177	179	169	176	172	177	172	173	170	170	181	183	167	189
98	182	178	170	178	180	182	184	180	171	178	177	185	173	178
99	184	176	180	176	178	175	162	177	168	177	161	181	177	170
Média	173,5	177,6	174,2	178,8	173,3	175,8	174	176,8	173,4	175,2	176	180,8	173	176
DP	5,070	5,521	5,288	5,314	5,514	5,063	5,83	5,891	5,187	5,842	4,66	5,777	5,9	5,5
γ	0,994	1,082	1,036	1,042	1,081	0,992	1,14	1,155	1,017	1,145	0,91	1,132	1,1	1,08

Tabela 40 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Sonar* com as configurações 1 a 7.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5		Conf. 6		Conf. 7	
	C1	C2												
0	33	34	34	34	28	34	38	37	29	28	23	29	32	26
1	28	32	27	33	30	35	37	33	27	26	27	34	29	32
2	31	27	30	35	31	33	35	33	27	31	23	26	28	35
3	24	37	27	32	36	28	35	32	23	31	22	31	25	34
4	31	28	33	34	33	28	33	41	29	35	28	32	29	34
5	33	33	36	29	30	35	28	38	33	26	30	28	29	42
6	30	36	28	37	39	28	39	41	27	32	30	30	31	34
7	34	32	26	33	35	31	38	39	32	31	24	28	30	39
8	32	26	29	40	33	32	38	40	25	36	30	26	35	32

9	34	30	33	32	30	35	36	38	28	31	25	32	35	33
10	27	28	32	36	30	31	33	37	27	32	26	34	32	32
11	28	33	35	32	30	31	34	41	29	31	29	29	32	34
12	29	33	37	33	35	33	32	40	27	29	25	22	30	36
13	34	36	27	33	32	35	35	32	29	27	28	29	36	32
14	30	36	32	32	27	37	34	39	30	36	29	27	32	36
15	33	34	34	33	29	28	33	35	29	32	27	29	33	38
16	29	34	34	36	30	31	31	31	28	35	30	24	34	33
17	34	39	31	32	34	33	34	36	32	30	26	30	29	35
18	29	30	37	27	34	34	39	31	26	28	27	27	34	36
19	34	32	29	34	33	33	33	36	29	30	31	28	35	37
20	34	36	34	31	29	34	36	38	35	34	28	29	31	34
21	34	35	27	34	32	37	37	38	28	33	24	35	34	32
22	29	38	31	31	31	32	34	39	34	36	32	29	36	37
23	30	32	29	30	29	36	33	37	29	34	28	31	33	36
24	29	33	33	32	30	34	38	35	28	31	27	33	33	31
25	31	32	31	32	32	24	40	34	30	30	28	28	32	32
26	34	33	30	35	33	37	39	42	31	33	28	29	32	35
27	28	33	35	26	30	34	31	32	28	32	31	28	33	35
28	30	33	33	31	36	28	37	36	33	30	24	25	36	34
29	27	34	30	34	35	28	38	40	31	28	30	33	33	35
30	34	32	31	32	34	34	35	38	27	24	30	30	33	32
31	30	38	31	32	32	37	38	38	30	30	29	32	27	35
32	29	33	28	32	31	36	34	38	28	31	29	30	29	34
33	34	34	28	36	33	32	39	33	32	25	28	28	31	33
34	25	29	29	30	25	33	36	35	30	29	26	26	33	34
35	32	32	29	34	29	30	37	42	30	26	26	32	30	30
36	32	34	33	32	26	35	39	44	28	29	28	25	33	34
37	31	32	29	32	35	37	31	40	27	26	24	28	31	34
38	29	36	33	32	31	31	32	39	29	31	29	27	32	36
39	30	36	29	34	38	31	32	39	30	30	28	25	34	32
40	32	34	34	34	32	28	38	33	28	36	31	28	30	34
41	31	38	32	34	34	32	37	39	35	31	25	28	36	40
42	34	33	34	37	31	31	33	37	31	26	25	29	34	28
43	32	35	32	29	34	34	37	37	31	32	27	32	33	32
44	29	31	34	34	32	29	34	39	32	33	30	22	30	30
45	29	29	27	33	33	26	36	39	31	33	27	28	33	33
46	31	40	30	38	32	34	33	38	30	31	26	29	31	28
47	27	29	31	41	33	31	33	35	26	25	32	34	34	29
48	29	32	31	33	36	34	31	31	27	29	27	27	32	39
49	28	33	32	31	27	32	34	35	28	26	29	25	31	29
50	32	29	33	29	35	31	35	44	29	32	29	25	34	31
51	31	31	28	36	29	33	33	41	30	32	27	33	32	34
52	31	33	32	36	34	32	34	40	29	31	27	33	39	36
53	31	34	31	31	32	37	41	38	30	34	30	30	30	37
54	29	33	32	27	34	33	34	40	30	29	28	27	29	38
55	32	31	30	27	32	35	37	35	28	30	29	28	33	37
56	35	32	30	34	26	34	33	35	32	32	26	32	30	40
57	35	34	34	32	27	31	38	39	32	28	28	26	30	32
58	27	34	31	35	34	41	34	40	29	29	31	26	35	28
59	25	35	34	38	31	28	36	31	28	34	25	27	29	36
60	31	32	35	37	35	33	35	36	30	31	30	27	33	26
61	29	32	31	31	34	32	33	37	31	28	24	26	32	32
62	30	32	25	31	31	34	36	33	28	35	24	37	32	37
63	29	38	31	30	31	25	38	41	24	34	26	31	34	32
64	29	30	35	36	32	35	33	38	32	30	30	26	29	35
65	27	31	30	33	29	36	41	37	29	28	24	32	37	33
66	34	36	29	30	30	30	30	40	30	36	30	20	33	37
67	28	36	37	31	32	31	32	31	29	36	29	27	33	33
68	27	29	32	38	31	38	35	38	32	32	30	32	33	31

69	31	28	33	32	29	38	31	40	29	36	23	32	25	28
70	35	34	34	31	29	31	40	33	35	31	32	31	31	32
71	36	34	34	35	33	33	39	37	29	32	31	31	32	32
72	34	30	31	39	33	31	36	37	26	28	28	28	33	41
73	28	26	33	34	30	33	38	40	31	27	28	25	32	39
74	29	37	31	31	30	30	32	31	29	28	27	30	36	39
75	32	31	36	30	29	36	36	32	27	33	25	27	31	34
76	27	31	29	39	29	34	37	40	32	32	29	29	33	35
77	33	30	29	33	33	33	31	31	21	33	28	23	33	38
78	33	29	36	35	27	32	33	40	27	38	30	28	31	31
79	26	32	33	34	33	33	39	30	25	29	29	32	34	31
80	31	32	33	37	31	31	30	37	31	28	28	25	30	33
81	31	26	31	34	30	34	36	32	31	33	29	21	34	30
82	37	32	29	32	33	32	39	38	27	35	30	28	28	30
83	31	32	28	32	35	38	33	33	33	26	33	29	29	33
84	30	36	26	35	32	33	38	34	28	29	23	32	31	37
85	30	28	35	32	27	31	36	32	29	31	31	28	34	37
86	31	37	34	35	32	32	34	41	27	29	24	33	35	38
87	35	30	30	33	31	38	28	37	21	32	32	32	30	36
88	34	28	28	33	30	29	37	37	30	32	31	33	31	33
89	32	32	27	35	33	28	36	42	26	32	27	35	28	22
90	31	30	33	32	33	31	33	35	30	33	28	26	28	35
91	32	30	30	35	31	36	35	33	31	28	26	32	32	33
92	30	34	33	35	35	36	36	34	32	33	24	24	29	34
93	30	33	34	41	39	30	35	42	29	32	25	31	33	34
94	35	29	26	38	27	32	31	38	26	36	29	25	37	29
95	33	32	29	31	28	35	28	40	33	32	27	25	35	30
96	31	35	28	32	27	36	35	37	29	26	25	26	26	33
97	28	36	34	32	39	31	36	40	26	29	29	29	30	29
98	31	37	32	33	35	35	37	35	24	33	28	31	29	32
99	35	30	34	37	30	33	37	33	28	28	29	33	33	30
Média	30,8	32,6	31,3	33,3	31,66	32,7	35,07	36,85	29,07	30,86	27,71	28,79	31,9	33,6
DP	2,67	3,01	2,79	2,91	2,907	3,063	2,896	3,377	2,664	3,035	2,483	3,295	2,607	3,444
γ	0,52	0,59	0,54	0,57	0,570	0,600	0,568	0,662	0,522	0,595	0,487	0,646	0,511	0,675

Tabela 41 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Sonar* com as configurações 8 a 14.

seed	Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10		Conf. 11		Conf. 12		Conf. 13		Conf. 14	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	33	34	36	34	32	35	30	36	28	35	33	42	30	38
1	35	28	32	41	32	29	36	33	32	36	37	36	32	39
2	32	35	32	41	31	35	33	32	31	32	40	41	29	34
3	31	38	31	37	27	33	29	28	32	34	38	37	29	31
4	31	38	31	41	32	26	32	32	35	29	30	43	32	28
5	30	32	33	34	33	31	34	34	31	31	39	34	35	34
6	32	34	31	39	31	30	30	34	29	35	38	38	33	36
7	32	29	28	40	35	37	33	32	33	34	37	38	26	33
8	34	32	27	35	23	34	33	30	30	30	39	40	34	36
9	33	34	35	39	30	34	31	35	31	35	38	38	28	37
10	30	31	33	39	34	31	29	29	31	37	37	47	29	30
11	30	34	32	40	32	28	31	32	32	33	37	40	30	31
12	34	31	32	35	28	34	29	32	31	27	39	36	33	34
13	31	32	33	38	25	33	28	36	34	31	34	33	33	36
14	28	32	36	37	30	28	34	34	29	33	32	38	31	38
15	30	32	35	36	34	37	33	30	27	34	38	37	30	36
16	32	29	37	45	30	27	33	36	31	30	36	43	29	32
17	29	38	29	32	30	34	29	31	29	34	37	42	30	34
18	35	30	31	31	30	36	28	29	35	32	38	38	30	33

19	26	34	33	41	33	33	35	33	30	32	35	37	29	38
20	34	36	37	40	38	32	33	29	29	40	36	49	37	34
21	33	33	34	42	28	30	27	33	29	32	31	38	32	29
22	33	32	38	38	33	35	34	38	27	35	36	40	31	36
23	29	38	33	38	32	32	28	33	27	33	37	37	34	35
24	31	29	30	32	31	34	34	36	27	31	32	41	34	27
25	35	32	34	36	34	30	32	37	31	27	38	39	32	32
26	31	34	33	32	30	31	31	34	29	34	38	37	31	36
27	31	37	34	38	28	33	33	34	31	34	32	40	32	32
28	33	30	35	38	34	34	29	31	30	29	36	47	31	36
29	28	33	29	35	32	31	35	29	31	30	39	42	35	32
30	32	34	33	39	32	31	31	32	33	31	42	37	32	34
31	28	37	34	39	30	36	34	34	31	30	37	39	32	36
32	27	33	32	40	31	32	34	38	34	30	34	38	30	33
33	29	32	39	40	28	37	28	32	31	28	34	38	32	34
34	33	35	39	30	29	39	31	34	31	35	30	25	34	37
35	33	37	35	35	30	35	36	31	29	35	36	42	34	30
36	36	30	34	34	29	31	37	32	34	33	38	36	31	26
37	37	34	31	35	30	35	31	34	29	31	37	39	30	32
38	29	35	34	35	33	33	26	32	35	31	40	42	30	29
39	31	34	37	37	26	38	32	35	32	32	33	42	29	32
40	33	40	35	37	28	28	30	33	35	36	37	46	33	35
41	27	37	32	28	32	33	30	36	32	30	41	41	31	35
42	34	33	32	39	31	31	35	33	28	32	41	43	35	33
43	30	36	35	41	31	33	35	31	30	32	37	34	27	35
44	31	36	34	37	32	32	30	29	27	27	34	42	36	32
45	35	38	40	39	33	30	31	30	33	33	43	44	27	33
46	35	38	35	33	30	34	34	34	30	30	38	46	30	35
47	31	33	35	39	35	33	33	32	35	32	35	37	31	34
48	29	38	33	39	35	35	28	35	34	31	38	41	31	34
49	28	36	34	35	32	33	31	38	31	29	34	39	33	29
50	36	33	34	28	32	32	33	37	35	31	32	45	30	30
51	29	32	36	33	34	30	32	27	31	30	38	42	33	32
52	29	35	33	34	28	35	30	34	36	36	38	31	33	36
53	34	34	38	36	28	29	36	42	26	34	34	38	30	33
54	25	36	35	40	34	37	33	27	32	33	34	46	37	30
55	32	35	34	33	25	34	26	33	28	33	39	38	33	34
56	30	33	32	42	30	32	33	34	28	32	31	36	33	31
57	30	35	31	37	32	34	33	36	36	33	39	39	33	35
58	34	36	35	35	28	29	34	32	31	30	34	31	27	34
59	30	33	34	40	34	32	32	35	28	35	42	32	29	31
60	33	36	35	42	33	33	25	37	26	32	35	44	31	38
61	32	32	28	33	31	39	31	37	33	30	33	37	29	36
62	33	33	38	40	34	37	27	34	27	33	32	41	33	36
63	29	36	33	38	31	41	29	34	30	40	35	34	33	28
64	34	36	32	36	33	35	32	29	29	32	39	37	30	35
65	29	35	32	37	31	35	33	38	32	31	36	37	36	33
66	29	34	35	40	30	35	34	38	31	33	36	36	30	34
67	32	32	30	30	32	35	32	34	31	28	36	39	29	37
68	31	35	34	42	30	34	32	37	36	36	33	35	31	35
69	30	37	37	37	31	34	34	32	30	32	33	38	31	31
70	31	32	37	38	30	25	30	29	27	32	36	38	30	36
71	29	36	32	33	31	31	30	34	32	33	33	42	35	35
72	31	37	34	36	32	39	36	38	31	34	42	37	32	29
73	35	30	28	41	37	34	32	34	33	32	39	42	31	29
74	33	34	29	42	32	35	34	36	31	33	34	40	31	32
75	32	34	32	36	29	37	34	33	30	33	33	40	34	37
76	34	40	37	37	32	34	33	36	29	36	40	40	28	34
77	31	31	39	35	34	26	32	35	32	30	36	40	34	33
78	31	37	34	36	30	36	32	30	35	29	39	34	28	31

79	33	35	35	39	32	35	28	32	32	28	37	41	32	41
80	33	37	37	41	33	31	34	32	27	35	29	37	35	35
81	26	36	36	38	32	36	31	30	34	31	36	42	35	35
82	34	30	29	44	27	30	36	25	31	36	37	41	36	33
83	32	33	33	37	30	32	32	36	29	40	34	37	31	32
84	32	39	33	35	36	37	33	33	35	31	36	42	27	34
85	33	29	32	38	29	32	33	33	36	37	34	40	35	34
86	31	37	32	33	30	37	34	32	32	38	33	41	31	31
87	31	28	29	33	25	32	36	36	32	32	35	39	34	30
88	31	35	31	44	29	38	36	35	31	29	38	43	28	36
89	34	38	34	35	30	31	33	35	32	29	37	43	31	33
90	32	32	37	35	29	33	26	32	29	36	34	42	29	36
91	30	32	30	39	35	36	29	39	27	36	44	39	32	36
92	33	40	32	40	33	32	32	34	26	30	34	42	29	35
93	34	41	32	30	32	32	30	34	32	32	37	40	33	34
94	30	32	33	36	30	33	34	32	37	30	35	33	34	35
95	28	33	32	36	33	32	28	27	31	32	37	35	32	34
96	33	32	39	35	31	28	32	33	35	33	39	41	28	38
97	31	36	31	38	28	39	30	35	25	33	29	38	32	40
98	27	35	29	40	33	38	26	34	32	29	36	44	29	37
99	35	32	34	40	29	31	29	36	25	29	38	42	27	33
Média	31,45	34,18	33,45	37,08	31,03	33,2	31,7	33,34	30,92	32,39	36,16	39,3	31,4	33,72
DP	2,434	2,851	2,776	3,466	2,611	3,13	2,69	2,969	2,755	2,785	3,028	3,79	2,46	2,850
γ	0,477	0,559	0,544	0,679	0,512	0,61	0,52	0,582	0,540	0,546	0,593	0,74	0,48	0,559

Tabela 42 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 1 a 7.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5		Conf. 6		Conf. 7	
	C1	C2												
0	813	831	822	834	822	815	828	846	816	815	798	819	836	825
1	813	827	803	821	809	829	821	842	810	823	779	823	818	836
2	809	834	810	828	811	835	826	836	798	811	802	823	816	834
3	802	829	810	834	806	833	822	841	821	832	806	817	831	838
4	812	831	823	827	809	839	804	847	798	822	803	812	809	829
5	816	830	802	835	807	825	826	842	803	812	798	828	824	835
6	800	817	802	833	818	831	832	840	799	814	788	816	826	843
7	796	834	808	822	812	836	829	836	799	825	793	811	837	842
8	806	830	806	839	817	829	819	854	805	825	796	820	807	840
9	807	823	815	835	818	836	819	824	803	803	804	811	826	830
10	816	823	825	822	809	833	834	845	801	814	800	815	826	833
11	826	831	818	842	816	838	823	853	802	817	806	817	827	837
12	822	826	804	830	814	822	818	848	799	819	800	813	819	839
13	809	825	815	832	807	834	828	849	801	814	803	820	833	838
14	821	826	803	832	821	831	815	843	808	817	788	815	824	837
15	817	831	810	828	821	823	820	850	799	822	803	820	824	833
16	818	825	816	830	810	833	808	848	785	827	790	829	819	846
17	815	828	803	829	813	833	801	837	795	827	790	816	831	834
18	817	829	815	831	808	837	810	846	807	827	803	822	834	845
19	809	828	812	828	818	835	809	845	789	813	784	805	836	834
20	812	828	803	836	821	827	818	836	793	818	792	816	838	840
21	822	820	810	830	804	832	823	840	803	812	800	816	833	834
22	806	832	807	829	797	824	841	845	803	816	797	813	820	849
23	804	810	799	830	807	822	823	846	806	828	815	811	823	833
24	810	832	807	820	812	838	824	842	801	824	802	815	823	846
25	812	825	799	831	792	822	818	837	800	813	799	826	825	844
26	814	830	816	839	809	829	812	851	809	812	787	805	824	840
27	812	835	816	829	803	824	821	841	783	827	792	821	824	841
28	815	824	803	825	805	836	831	830	779	829	806	820	833	845

29	816	834	813	826	819	832	825	837	791	818	786	815	831	825
30	825	834	809	825	816	833	835	856	804	820	787	812	824	835
31	818	831	821	834	805	837	835	831	805	832	799	809	823	833
32	808	831	822	827	810	830	828	828	791	821	811	816	834	838
33	800	827	819	828	803	834	830	839	795	810	795	818	823	839
34	811	823	821	823	812	828	835	850	793	828	782	826	829	847
35	806	824	816	839	820	826	823	852	796	818	781	816	825	836
36	799	822	795	827	810	835	813	843	791	830	793	817	834	823
37	816	839	821	832	814	832	817	831	808	822	799	821	834	843
38	793	815	816	826	807	816	827	847	816	818	789	812	823	838
39	801	828	812	831	812	826	825	845	811	810	794	824	828	845
40	814	819	830	830	825	819	819	837	801	816	811	814	833	837
41	803	830	810	821	815	831	826	829	798	821	789	817	817	850
42	811	831	802	829	806	826	826	832	792	817	802	814	820	834
43	804	827	816	835	825	832	830	850	804	820	796	821	826	831
44	803	825	810	838	807	827	824	848	798	817	804	816	835	847
45	824	823	805	837	800	841	817	837	787	829	810	828	830	847
46	811	826	809	818	810	824	815	836	796	823	797	818	829	834
47	803	827	799	829	817	826	813	835	800	814	802	820	820	838
48	811	834	799	841	818	823	819	844	806	820	790	822	827	846
49	811	830	818	831	811	833	824	847	810	828	807	816	831	836
50	808	821	807	834	812	836	815	837	792	828	797	829	821	839
51	800	832	793	838	815	827	834	838	791	834	800	822	821	837
52	810	831	804	832	798	833	827	833	804	830	796	815	831	843
53	819	830	813	829	804	832	803	824	804	809	811	825	832	846
54	815	832	801	829	821	835	824	835	788	817	788	814	825	828
55	805	837	820	827	808	828	816	840	804	828	784	811	819	833
56	809	843	816	824	808	825	820	844	809	812	799	817	832	836
57	807	825	806	833	815	832	820	840	807	814	798	818	821	837
58	807	822	809	827	819	832	834	834	790	819	793	821	818	838
59	811	824	816	825	807	837	821	835	807	826	795	815	819	844
60	802	829	808	835	815	840	825	841	790	828	788	807	845	843
61	813	814	809	846	800	839	822	842	798	811	782	828	832	842
62	811	831	805	834	825	832	832	834	807	811	791	814	825	839
63	825	829	820	841	815	824	815	840	784	825	800	813	796	829
64	809	829	811	814	796	829	809	855	806	819	798	812	822	845
65	802	824	796	831	808	835	817	826	803	821	793	812	814	840
66	815	829	784	822	810	832	810	829	799	817	797	819	839	845
67	808	824	801	831	803	845	820	824	801	818	806	814	831	843
68	796	836	822	835	810	825	819	844	804	827	797	822	821	848
69	816	829	800	836	816	833	805	830	808	822	809	822	836	845
70	811	831	798	823	806	835	823	845	804	826	793	823	823	842
71	807	820	804	818	799	827	832	839	797	808	792	816	826	829
72	818	827	818	827	800	829	821	823	794	828	805	798	825	832
73	794	833	817	818	809	829	825	839	802	820	799	816	830	848
74	802	835	807	835	802	823	825	834	799	819	803	815	813	825
75	822	834	797	828	823	822	829	852	798	815	799	823	827	845
76	809	833	809	834	811	826	828	835	803	815	790	817	824	846
77	797	822	798	812	807	827	817	835	797	817	795	823	816	844
78	814	834	803	833	806	816	830	843	800	811	804	814	801	831
79	820	823	797	830	823	822	819	848	794	829	795	823	826	844
80	806	826	810	829	817	835	832	831	812	826	796	818	829	838
81	819	808	812	804	826	830	823	841	813	827	801	819	826	836
82	814	835	820	840	819	822	837	844	807	820	787	821	825	844
83	798	823	803	842	816	832	831	843	797	826	782	817	837	832
84	818	829	814	838	797	824	830	821	811	816	796	805	814	839
85	811	829	814	829	810	822	821	853	808	826	807	804	831	839
86	812	834	806	835	819	827	825	847	801	825	796	812	830	840
87	822	819	817	817	804	835	822	846	802	815	801	825	835	837
88	803	835	812	825	808	832	815	834	810	821	790	822	830	839

89	821	828	825	824	814	831	827	836	803	813	797	806	830	841
90	810	832	815	816	823	813	836	866	788	828	785	809	838	847
91	806	827	808	839	811	824	822	843	813	812	791	819	824	844
92	817	833	822	834	806	844	821	852	800	831	806	816	809	837
93	818	820	821	823	814	824	818	846	812	815	792	815	822	847
94	811	814	810	829	816	837	827	855	789	816	782	821	818	834
95	824	832	797	818	808	833	839	826	805	813	797	815	816	836
96	786	832	799	827	827	828	816	847	795	817	806	817	836	836
97	802	815	801	827	821	825	828	837	806	818	796	815	832	839
98	803	829	819	828	814	830	821	848	806	815	805	814	823	838
99	796	827	813	811	820	821	833	827	799	822	788	818	823	841
Média	810	827,6	809,7	829	811,6	829,7	822,7	840,6	800,7	820	796,5	817	825,6	838,7
DP	8,01	6,078	8,534	7,3	7,475	6,220	8,087	8,504	7,838	6,5	7,776	5,76	8,123	5,966
γ	1,57	1,191	1,673	1,4	1,465	1,219	1,585	1,667	1,536	1,3	1,524	1,12	1,592	1,169

Tabela 43 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 1 com as configurações 8 a 14.

seed	Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10		Conf. 11		Conf. 12		Conf. 13		Conf. 14	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	802	834	788	833	819	834	817	820	826	814	779	820	840	845
1	788	829	788	811	824	827	802	830	814	832	787	827	832	852
2	795	820	784	844	824	840	796	822	811	828	797	823	813	837
3	806	829	778	834	816	829	821	830	823	829	789	828	829	838
4	811	829	801	828	813	832	800	823	829	840	787	813	831	829
5	791	830	799	839	825	832	813	832	820	831	783	827	819	835
6	798	816	792	832	831	844	802	837	814	830	774	810	825	840
7	798	835	787	828	820	833	801	817	811	838	786	828	825	817
8	798	820	767	834	817	835	810	825	815	823	780	828	816	835
9	801	826	804	835	834	839	804	824	821	841	809	825	832	834
10	791	832	808	819	838	833	794	829	821	837	800	816	843	853
11	807	840	795	826	816	830	814	822	815	837	787	819	833	846
12	807	816	806	832	819	833	814	819	807	832	767	839	844	846
13	791	835	790	837	825	840	803	829	817	844	802	824	825	826
14	809	823	798	843	823	847	803	832	799	841	792	830	825	834
15	807	832	800	829	819	843	822	831	815	831	795	826	828	846
16	800	843	784	833	817	841	813	822	815	832	773	817	820	841
17	788	820	792	826	823	827	799	824	803	830	797	824	821	836
18	794	821	803	837	812	827	820	827	797	829	806	805	832	837
19	810	809	782	816	815	827	808	826	822	816	783	821	825	839
20	808	814	796	834	816	834	813	832	798	834	795	824	841	843
21	792	818	794	816	821	832	809	834	818	821	794	816	832	838
22	792	820	793	833	823	837	820	819	818	826	795	833	835	828
23	810	836	789	821	833	844	800	826	813	818	783	823	819	841
24	794	811	781	833	817	834	802	815	827	833	802	826	830	845
25	775	822	794	839	824	838	802	828	821	826	782	814	827	830
26	800	830	784	826	818	837	789	823	822	827	804	816	812	848
27	793	820	800	840	831	818	804	843	811	838	787	817	822	840
28	804	829	803	820	826	845	802	838	802	830	787	832	825	853
29	801	816	794	820	816	835	818	833	826	835	784	826	823	834
30	791	837	798	839	832	840	827	824	808	835	775	839	827	837
31	800	824	794	840	830	837	803	833	820	833	790	833	833	836
32	784	837	789	839	813	846	802	827	806	820	787	820	824	827
33	802	832	785	827	822	821	806	809	814	838	786	815	827	831
34	790	835	804	830	819	839	803	831	816	839	789	829	822	822
35	807	837	788	830	834	830	808	824	814	834	780	822	837	841
36	801	821	808	831	823	845	806	829	818	835	790	830	828	833
37	806	825	788	831	828	835	814	831	822	833	799	817	819	837
38	804	834	790	819	813	824	812	831	807	819	795	836	827	834

39	806	829	802	826	821	832	796	819	820	833	793	824	840	832
40	792	826	806	839	837	831	807	840	818	835	790	842	830	846
41	792	820	789	827	809	836	818	836	812	836	783	804	839	842
42	788	838	789	827	826	834	815	828	814	826	789	824	817	833
43	810	825	809	825	799	839	811	821	811	823	786	821	823	843
44	809	836	798	833	830	836	807	828	815	833	771	820	822	844
45	813	826	803	825	817	836	801	815	799	832	778	824	828	834
46	809	823	803	823	826	833	816	826	813	837	782	826	815	835
47	802	837	798	832	832	838	817	823	815	830	796	832	821	845
48	808	822	796	819	824	834	808	824	817	834	799	834	825	846
49	801	829	797	816	815	823	821	837	819	821	796	823	828	822
50	796	836	795	828	818	835	810	829	803	846	785	819	835	843
51	813	817	814	844	815	847	810	836	818	831	790	838	814	842
52	803	839	805	827	832	837	822	825	820	820	781	823	834	842
53	798	819	797	840	810	836	814	828	812	829	789	832	816	845
54	794	819	786	838	810	833	793	820	806	842	794	835	830	824
55	787	837	796	815	828	837	815	836	820	835	793	834	821	843
56	813	840	791	828	826	842	808	841	817	839	799	813	808	837
57	800	819	802	834	822	842	801	838	813	824	788	844	817	840
58	787	832	787	830	810	834	803	817	820	827	808	825	825	844
59	794	827	804	825	825	836	809	825	809	830	791	818	829	826
60	797	823	795	817	834	837	811	832	819	830	789	834	822	837
61	813	829	807	825	834	835	804	823	811	832	790	834	827	837
62	807	835	800	827	822	836	801	832	812	835	785	818	825	840
63	808	826	805	834	817	829	809	839	805	834	796	819	829	833
64	792	826	810	815	823	832	799	828	807	830	789	836	820	832
65	810	826	787	833	819	828	807	831	823	837	788	844	829	845
66	804	827	800	824	818	844	789	827	820	823	795	816	815	838
67	795	819	804	819	820	844	813	836	825	834	802	835	825	843
68	804	816	810	838	821	846	816	834	813	837	782	833	818	845
69	796	824	792	839	820	815	813	822	820	837	784	833	832	838
70	802	817	804	841	816	837	797	823	809	827	779	827	817	838
71	794	821	790	815	821	828	798	832	823	829	792	822	843	840
72	806	835	795	842	827	828	808	824	819	833	804	823	829	844
73	781	828	801	842	819	827	814	818	820	842	793	828	807	833
74	789	822	801	834	832	833	794	821	812	831	797	832	828	833
75	796	827	803	821	817	835	818	820	821	834	785	827	800	836
76	810	815	792	841	834	831	794	832	810	840	789	802	830	834
77	785	833	783	814	819	834	807	827	805	823	802	814	829	840
78	796	831	778	842	829	820	794	817	819	840	783	837	815	848
79	813	833	801	824	836	837	809	823	808	834	792	838	828	848
80	793	828	800	818	810	826	814	835	811	832	777	812	834	838
81	805	819	791	817	821	836	803	830	825	832	792	823	816	845
82	811	815	783	837	829	832	809	838	817	825	795	819	837	838
83	805	841	794	846	828	838	816	825	811	831	787	831	811	839
84	799	821	793	830	828	832	811	818	818	833	792	841	828	832
85	804	824	803	839	829	826	813	821	807	839	787	830	815	830
86	799	832	796	824	806	833	798	825	810	822	788	837	835	843
87	804	833	791	833	827	831	808	818	805	836	778	831	812	833
88	814	831	796	839	823	842	804	826	818	819	780	819	836	843
89	803	832	777	819	818	834	819	828	804	829	777	820	831	840
90	800	831	799	816	832	836	794	807	810	828	784	838	821	838
91	808	831	804	821	818	819	791	821	808	832	792	817	825	845
92	804	813	811	810	821	841	803	822	814	838	788	834	835	832
93	814	835	793	839	810	834	802	836	821	833	790	843	835	828
94	804	833	802	829	816	826	783	844	820	839	788	827	826	834
95	794	835	795	830	823	839	811	830	812	824	797	827	817	831
96	802	830	783	842	793	831	804	835	808	830	802	836	825	858
97	797	829	793	817	821	843	800	843	805	827	790	845	825	838
98	807	829	793	824	824	839	819	837	819	837	785	833	799	833

99	801	833	807	819	823	835	805	815	805	827	789	822	817	838
Média	800,3	827,2	795,5	829,2	822	834,4	807	827,4	814,2	831,5	789,3	826	825,3	838
DP	8,224	7,600	8,657	8,871	7,97	6,528	8,5	7,423	6,951	6,431	8,159	9,10	8,812	7,09
γ	1,612	1,490	1,697	1,739	1,56	1,279	1,6	1,455	1,362	1,261	1,599	1,78	1,727	1,39

Tabela 44 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 1 a 7.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5		Conf. 6		Conf. 7	
	C1	C2												
0	801	819	813	826	797	831	792	828	795	822	802	816	809	826
1	814	824	803	824	799	826	804	837	800	808	798	813	821	836
2	793	831	798	820	803	822	824	841	799	812	787	816	824	836
3	802	818	809	828	798	818	817	831	790	819	795	808	809	838
4	807	833	798	822	792	815	807	809	792	825	786	814	813	837
5	801	824	807	839	813	824	796	839	771	807	799	805	817	823
6	800	818	794	835	816	815	828	837	808	818	788	810	825	832
7	794	830	795	833	820	827	819	822	795	809	790	814	819	825
8	795	823	783	820	801	821	833	832	778	818	798	809	829	829
9	792	819	810	806	796	824	809	843	795	804	780	815	807	826
10	803	824	798	816	816	822	824	838	790	826	795	808	807	832
11	804	819	797	818	785	812	816	831	798	823	793	824	836	813
12	797	826	802	833	804	814	815	836	797	815	796	818	808	818
13	805	821	799	828	805	835	826	837	799	814	793	816	820	839
14	790	820	811	823	816	831	818	831	797	820	795	809	829	840
15	802	831	793	834	799	832	809	830	804	820	790	803	814	827
16	807	815	799	825	806	817	825	834	794	823	791	806	812	828
17	800	816	816	818	804	822	834	840	805	814	795	816	801	828
18	803	820	820	816	804	820	819	839	793	817	792	811	814	822
19	801	828	802	823	809	822	806	828	792	826	791	809	814	825
20	802	815	802	811	804	807	817	839	803	826	795	805	809	833
21	810	831	801	829	807	814	810	845	802	811	788	826	812	824
22	796	827	808	835	820	822	825	841	797	824	791	815	800	835
23	810	829	795	824	825	815	817	839	803	814	784	807	813	820
24	807	829	809	823	800	831	817	826	810	819	790	812	821	829
25	802	824	803	823	818	822	827	839	799	818	802	811	814	826
26	808	821	819	826	791	827	815	833	799	819	789	807	819	832
27	814	832	798	829	800	816	808	837	812	816	796	812	824	832
28	805	822	811	813	798	823	797	828	798	816	780	815	815	826
29	809	825	818	831	802	828	822	834	805	819	781	799	812	830
30	808	814	796	822	803	813	821	835	807	811	778	804	823	825
31	804	824	805	817	806	813	823	820	802	816	779	816	798	839
32	808	831	816	821	816	819	821	840	804	826	784	803	821	821
33	814	824	806	829	806	820	828	830	796	822	795	814	814	833
34	804	824	801	833	802	824	824	832	805	813	801	816	824	832
35	817	827	802	830	808	819	822	815	782	813	785	813	830	828
36	804	815	792	822	807	820	808	839	806	803	786	800	811	824
37	792	830	800	813	801	819	817	835	799	817	788	816	837	837
38	805	820	804	836	816	823	805	820	795	834	786	814	811	839
39	802	818	805	829	819	811	826	829	794	812	778	819	814	819
40	808	819	805	819	808	817	807	832	805	820	783	807	809	839
41	802	820	804	827	809	823	818	822	810	814	797	816	805	840
42	804	822	798	814	799	826	806	836	805	827	799	813	820	839
43	795	820	801	827	810	823	813	845	799	823	791	813	820	831
44	805	833	812	814	796	820	828	841	794	826	797	815	808	834
45	799	822	800	827	802	823	829	834	788	805	792	821	823	832
46	806	804	807	826	781	836	814	839	786	814	794	796	820	833
47	796	820	811	826	803	828	818	829	794	811	798	807	806	836
48	808	826	805	835	806	820	820	849	790	823	784	813	826	822

49	806	812	799	818	809	820	818	842	792	822	783	809	822	835
50	810	815	801	816	809	818	810	838	792	800	805	815	823	839
51	783	822	797	833	806	823	824	832	796	827	784	813	826	834
52	807	833	811	811	814	807	812	842	795	824	790	821	834	833
53	808	816	815	823	814	814	800	825	802	813	802	811	818	840
54	792	810	801	825	809	821	818	835	787	829	792	807	817	836
55	795	817	805	819	795	820	819	827	794	814	795	798	821	826
56	808	827	787	823	801	824	798	834	788	827	792	807	816	832
57	801	826	796	823	813	808	813	824	787	819	788	815	814	836
58	801	832	801	831	801	822	814	835	809	821	792	796	815	824
59	810	831	790	825	791	824	828	836	807	820	789	811	807	838
60	806	819	796	835	808	812	809	825	798	817	800	809	817	823
61	809	815	806	814	793	821	804	836	778	813	785	814	826	832
62	789	820	801	831	804	824	802	838	796	810	786	804	818	835
63	791	816	795	838	801	826	804	835	797	821	802	819	818	835
64	801	810	789	812	809	826	824	846	805	826	798	815	810	826
65	802	823	805	837	808	818	801	831	797	814	784	813	826	838
66	799	811	789	824	810	818	826	842	797	822	785	805	813	841
67	801	824	801	827	807	837	820	839	799	815	779	807	825	831
68	803	833	790	832	793	821	805	840	805	809	796	805	814	841
69	811	821	801	827	810	822	812	828	803	816	785	813	803	831
70	811	825	804	829	798	808	814	814	789	805	793	810	836	838
71	801	823	788	821	812	819	809	829	794	816	787	813	812	834
72	800	828	812	830	799	834	824	835	799	797	780	827	828	824
73	818	812	805	833	811	821	818	827	800	816	786	812	812	833
74	814	821	794	831	808	818	829	835	787	815	785	812	821	830
75	791	825	802	834	811	834	818	840	800	805	791	820	819	829
76	787	831	794	824	808	828	818	838	798	816	802	806	806	837
77	799	832	792	826	800	820	829	843	806	820	786	813	816	835
78	809	819	805	821	808	821	814	844	789	804	791	807	826	830
79	806	828	805	816	787	823	805	834	794	816	799	818	813	816
80	804	823	808	833	800	826	827	835	799	817	793	811	817	832
81	794	824	796	822	804	835	801	826	804	812	780	806	835	830
82	810	823	811	831	802	824	821	825	800	812	800	810	824	831
83	797	828	801	817	812	825	822	839	798	806	795	807	810	823
84	798	829	802	828	807	831	816	836	795	811	792	809	819	827
85	798	819	805	825	811	824	818	842	786	820	800	801	811	843
86	801	829	789	817	805	819	823	843	794	819	779	821	811	827
87	802	827	795	827	796	829	821	847	803	817	795	811	811	819
88	799	822	789	830	818	824	819	836	804	815	778	821	819	836
89	794	820	795	819	805	812	812	844	788	811	791	817	805	837
90	807	812	800	819	803	818	819	829	795	822	802	810	817	823
91	797	835	809	828	801	813	818	835	791	816	803	809	814	829
92	810	831	810	827	790	808	815	841	790	809	793	815	819	830
93	798	808	809	821	797	821	821	830	786	829	802	808	816	816
94	805	818	800	829	802	812	817	841	800	817	792	814	822	826
95	802	828	802	832	798	828	826	837	802	813	797	810	816	845
96	802	829	797	814	806	824	821	833	800	815	800	803	817	838
97	806	824	794	824	792	829	808	815	793	822	790	802	802	836
98	800	826	798	825	821	830	824	827	790	808	788	816	801	821
99	807	825	805	845	806	825	826	843	803	814	803	811	813	826
Média	802,6	823	801,7	825	804,7	821,6	816,4	834,2	797	816,5	791,3	811,2	816,6	831
DP	6,660	6,42	7,545	7,2	8,168	6,639	8,863	7,590	7,37	6,848	6,973	6,045	8,246	6,7
γ	1,305	1,25	1,479	1,4	1,601	1,301	1,737	1,488	1,44	1,342	1,367	1,185	1,616	1,3

Tabela 45 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Madelon 4 com as configurações 8 a 14.

seed	Conf. 8	Conf. 9	Conf. 10	Conf. 11	Conf. 12	Conf. 13	Conf. 14
------	---------	---------	----------	----------	----------	----------	----------

	C1	C2												
0	808	833	782	829	804	828	793	830	800	816	778	821	812	833
1	806	817	788	819	812	831	795	806	807	830	782	812	816	820
2	785	822	796	819	803	828	815	825	802	823	799	810	809	821
3	792	826	790	821	809	809	794	829	827	813	791	824	813	827
4	808	825	794	829	811	826	788	810	806	823	796	811	816	829
5	772	822	790	816	808	840	813	835	816	811	791	821	824	828
6	800	817	781	829	804	814	804	821	806	825	794	805	806	821
7	803	826	799	829	792	833	801	822	794	829	787	820	814	838
8	790	819	804	822	821	830	788	827	804	822	781	824	804	825
9	783	831	800	807	817	830	810	822	804	817	786	820	820	827
10	791	814	802	816	835	834	796	826	815	819	789	812	802	829
11	794	810	802	822	802	832	804	823	807	818	779	804	809	821
12	793	827	790	830	800	826	808	833	809	827	784	816	810	836
13	796	835	803	833	807	837	790	820	808	828	783	800	815	829
14	805	819	802	829	809	831	803	816	804	824	774	800	807	834
15	783	815	775	826	820	822	797	832	818	829	783	822	816	841
16	801	820	787	828	816	829	795	824	788	826	790	812	815	836
17	781	820	792	829	825	813	804	834	803	820	784	817	816	823
18	799	820	806	820	815	815	808	815	806	832	790	819	811	824
19	791	809	809	825	815	831	788	827	809	833	795	824	821	830
20	796	824	788	820	812	829	809	826	793	828	783	807	831	824
21	782	820	799	832	816	832	786	818	814	816	777	820	830	806
22	793	828	793	822	799	833	793	838	813	823	774	816	806	827
23	793	815	790	826	811	825	810	826	813	818	795	812	818	831
24	791	831	779	804	815	825	806	837	806	816	777	827	826	837
25	808	834	805	827	801	821	799	829	812	820	794	816	821	838
26	789	822	786	831	808	830	797	844	803	825	790	810	809	830
27	800	823	787	827	810	824	804	817	801	829	783	823	803	835
28	798	818	787	829	816	809	796	821	811	821	779	808	821	834
29	799	830	784	817	818	821	802	828	802	833	788	813	814	837
30	799	825	791	807	823	827	812	828	798	816	793	815	821	813
31	804	822	791	816	805	833	795	828	798	820	786	817	814	812
32	803	820	789	812	810	830	800	820	798	816	787	825	823	831
33	795	831	804	821	817	822	803	825	797	824	785	819	816	835
34	797	821	798	820	809	833	806	822	796	832	785	818	813	834
35	791	827	804	818	830	831	791	831	793	823	790	821	816	847
36	791	805	790	820	817	829	792	826	813	830	788	817	822	836
37	798	812	781	823	816	828	791	831	802	819	792	824	818	829
38	790	817	792	824	806	835	807	827	821	831	795	825	814	827
39	790	817	791	832	817	828	792	828	784	821	784	816	816	833
40	797	807	795	823	816	814	797	830	815	834	792	812	827	825
41	798	829	792	830	810	821	797	830	806	834	787	821	814	833
42	785	822	800	819	811	832	804	824	809	828	783	826	820	826
43	797	821	789	824	819	829	792	820	798	822	774	798	804	832
44	796	825	784	815	826	833	798	832	823	815	784	823	801	838
45	793	824	798	812	806	836	807	824	804	827	786	823	819	827
46	783	828	780	818	805	827	803	817	803	813	783	829	833	830
47	798	835	799	816	813	824	805	827	808	827	793	816	823	828
48	791	823	790	826	810	821	816	828	807	822	799	807	802	820
49	798	820	789	829	815	821	796	828	808	833	784	835	808	838
50	794	830	801	830	810	818	790	830	812	833	789	825	795	825
51	796	803	797	828	819	839	808	811	806	826	781	819	821	835
52	795	819	779	825	818	816	800	819	803	830	784	812	822	817
53	804	819	799	824	808	830	797	813	817	826	801	802	815	817
54	788	827	802	826	818	817	799	820	803	817	786	815	812	833
55	798	840	798	817	810	827	798	831	797	822	786	805	808	822
56	797	824	796	830	809	822	791	819	802	832	787	833	809	838
57	805	822	796	809	807	830	796	835	806	831	795	819	804	834
58	780	824	793	822	811	814	802	818	816	826	781	818	793	842

59	780	821	794	805	817	822	797	830	802	825	795	810	820	846
60	799	820	783	820	826	829	802	832	808	829	780	826	810	830
61	796	831	780	829	817	828	792	815	814	824	789	813	815	817
62	795	838	788	822	801	833	799	833	793	817	794	808	823	837
63	796	814	787	820	828	831	813	827	807	830	781	810	813	830
64	793	823	793	831	821	833	799	826	815	822	784	815	809	822
65	794	823	788	839	826	834	812	838	812	814	794	820	798	836
66	804	819	790	824	814	806	816	814	803	829	777	812	820	835
67	790	813	785	814	807	822	813	814	803	816	784	819	816	823
68	801	830	798	818	817	812	795	817	780	819	786	816	805	833
69	794	822	788	823	816	824	796	829	817	812	785	831	818	837
70	791	821	786	807	805	825	795	827	806	813	782	825	823	825
71	782	815	778	833	819	834	803	825	806	827	790	823	817	830
72	794	826	791	832	819	833	800	826	814	821	795	821	823	826
73	802	821	793	810	819	827	803	832	823	823	791	811	820	829
74	798	830	793	824	827	840	799	823	800	836	780	812	820	818
75	813	827	789	820	821	822	810	823	811	826	797	819	805	827
76	788	818	794	815	802	807	789	820	811	828	792	817	807	834
77	795	817	791	826	816	822	812	833	798	831	790	819	821	831
78	801	808	787	832	806	838	791	823	804	815	774	806	806	832
79	798	817	798	826	812	828	787	817	800	823	788	819	811	834
80	799	811	797	816	813	828	809	821	803	838	799	826	819	842
81	789	829	795	829	804	823	787	812	799	831	791	822	820	821
82	800	822	797	813	828	833	792	823	797	817	793	809	831	822
83	793	822	793	825	818	827	788	837	809	830	781	824	813	838
84	809	817	799	830	824	820	797	813	803	812	791	824	817	832
85	795	820	787	834	820	823	804	823	819	825	786	815	824	824
86	800	820	783	836	810	833	806	833	801	824	780	807	817	822
87	795	819	783	830	811	823	797	817	806	815	782	808	822	824
88	786	821	793	822	817	827	793	827	809	823	794	807	826	832
89	798	821	789	830	822	822	802	829	810	827	777	814	815	826
90	798	821	805	833	820	832	802	824	801	824	803	814	829	830
91	791	809	789	816	820	830	790	816	788	827	791	814	831	828
92	796	831	799	824	808	832	789	836	801	818	791	802	818	828
93	801	825	775	824	825	832	818	817	799	813	770	824	814	830
94	790	817	798	815	804	823	783	828	802	826	783	825	819	829
95	802	829	791	822	810	835	811	826	799	835	784	806	818	827
96	793	817	798	816	804	827	805	820	811	829	789	803	805	828
97	790	816	788	835	812	815	786	826	808	820	795	833	815	818
98	806	833	800	824	813	827	788	820	815	823	778	816	813	826
99	807	830	798	805	825	837	798	829	811	830	793	820	805	835
Média	795,2	822	792,3	822,8	813,7	826,5	799,5	824,8	805,6	824	787	816,5	815	829,2
DP	7,268	7,1	7,352	7,567	7,811	7,357	8,146	7,054	8,189	6,39	6,69	7,815	8,05	7,220
γ	1,425	1,4	1,441	1,483	1,531	1,442	1,597	1,382	1,605	1,25	1,31	1,532	1,57	1,415

Tabela 46 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Iris* com as configurações 1 a 5.

seed	Conf. 1			Conf. 2			Conf. 3			Conf. 4			Conf. 5		
	C1	C2	C3												
0	0	2	0	0	2	2	0	3	0	0	4	3	0	2	0
1	0	4	3	0	3	1	0	3	1	0	4	2	0	3	1
2	0	3	1	0	2	1	0	3	2	0	5	1	0	3	1
3	0	3	0	0	2	2	0	2	1	0	3	1	0	2	1
4	0	3	2	0	3	0	0	3	3	0	4	0	0	4	0
5	0	2	1	0	3	0	0	4	1	0	4	2	0	2	1
6	0	3	2	0	5	2	0	3	1	0	4	3	0	3	1
7	0	3	0	0	3	2	0	3	2	0	3	0	0	3	1
8	0	4	1	0	4	0	0	1	1	0	3	2	0	3	1

9	0	3	2	0	4	1	0	3	2	0	2	3	0	2	0
10	0	1	2	0	3	1	0	2	3	0	3	1	0	2	1
11	0	3	1	0	4	1	0	3	2	0	4	1	0	2	1
12	0	4	2	0	4	1	0	3	1	0	5	1	0	4	0
13	0	3	2	0	4	1	0	4	1	0	3	2	0	2	1
14	0	4	1	0	4	2	0	3	3	0	3	1	0	3	3
15	0	3	1	0	4	3	0	3	2	0	3	2	0	5	0
16	0	3	1	0	4	1	0	2	0	0	2	2	0	2	0
17	0	5	1	0	4	2	0	4	1	0	4	2	0	1	1
18	0	2	2	0	4	1	0	2	2	0	4	2	0	2	0
19	0	3	2	0	3	3	0	2	1	0	3	2	0	3	0
20	0	3	1	0	3	0	0	3	3	0	5	3	0	2	1
21	0	4	3	0	3	0	0	2	2	0	4	2	0	2	1
22	0	3	0	0	4	3	0	3	1	0	4	1	0	4	0
23	0	2	3	0	3	2	0	1	1	0	4	1	0	2	1
24	0	3	0	0	3	3	0	3	0	0	2	3	0	2	2
25	0	3	1	0	2	2	0	1	3	0	4	2	0	3	0
26	0	3	1	0	4	1	0	3	1	0	3	2	0	3	0
27	0	2	1	0	3	0	0	3	2	0	4	2	0	3	1
28	0	4	2	0	3	0	0	3	2	0	2	2	0	1	1
29	0	3	1	0	3	2	0	3	1	0	3	2	0	3	1
30	0	4	3	0	5	1	0	3	3	0	5	2	0	1	1
31	0	3	1	0	3	2	0	3	2	0	5	2	0	3	2
32	0	3	1	0	4	1	0	4	2	0	4	3	0	4	1
33	0	3	1	0	3	1	0	4	1	0	4	1	0	2	1
34	0	3	2	0	3	3	0	3	1	0	4	3	0	2	1
35	0	2	0	0	2	0	0	3	2	0	3	1	0	3	0
36	0	5	1	0	5	2	0	2	1	0	4	1	0	2	0
37	0	4	1	0	5	1	0	3	2	0	4	3	0	3	1
38	0	4	0	0	4	2	0	2	1	0	3	0	0	3	1
39	0	4	2	0	4	0	0	4	1	0	4	2	0	2	1
40	0	2	2	0	3	2	0	1	1	0	4	2	0	3	0
41	0	4	1	0	5	2	0	3	1	0	3	2	0	4	0
42	0	3	1	0	3	2	0	3	1	0	5	2	0	2	0
43	0	5	1	0	4	0	0	3	3	0	3	2	0	3	0
44	0	3	1	0	4	2	0	3	1	0	4	0	0	2	0
45	0	3	2	0	4	1	0	1	2	0	5	2	0	3	0
46	0	4	1	0	3	1	0	3	1	0	5	3	0	3	1
47	0	3	1	0	5	2	0	1	2	0	4	2	0	2	0
48	0	2	2	0	4	2	0	3	0	0	3	3	0	3	2
49	0	3	1	0	4	1	0	3	1	0	4	1	0	3	0
50	0	3	1	0	4	2	0	3	1	0	5	2	0	2	1
51	0	3	1	0	4	2	0	2	0	0	5	3	0	4	1
52	0	2	1	0	3	2	0	2	3	0	2	0	0	3	0
53	0	4	2	0	3	2	0	3	2	0	3	3	0	1	2
54	0	3	2	0	2	3	0	2	2	0	2	2	0	4	0
55	0	4	2	0	3	2	0	3	1	0	5	3	0	2	0
56	0	5	2	0	5	0	0	3	2	0	2	2	0	3	1
57	0	5	0	0	4	2	0	2	3	0	4	2	0	2	1
58	0	3	2	0	3	1	0	2	3	0	4	3	0	2	0
59	0	3	1	0	3	2	0	2	2	0	3	2	0	2	3
60	0	4	2	0	4	1	0	3	2	0	5	1	0	3	0
61	0	3	0	0	4	3	0	2	2	0	4	2	0	3	1
62	0	4	2	0	4	0	0	4	2	0	4	2	0	4	1
63	0	3	1	0	4	1	0	2	1	0	3	0	0	2	0
64	0	3	1	0	4	1	0	3	2	0	5	2	0	2	0
65	0	4	2	0	5	1	0	3	3	0	4	2	0	2	1
66	0	3	0	0	5	2	0	3	2	0	5	1	0	3	1
67	0	2	2	0	4	1	0	4	2	0	4	1	0	3	0
68	0	4	1	0	4	1	0	4	3	0	5	2	0	4	1

69	0	4	1	0	3	1	0	2	2	0	3	1	0	2	2
70	0	2	1	0	4	1	0	2	1	0	4	3	0	3	2
71	0	3	3	0	5	1	0	2	3	0	2	3	0	3	0
72	0	2	2	0	4	1	0	3	1	0	3	1	0	3	1
73	0	3	2	0	5	1	0	2	1	0	3	2	0	2	1
74	0	2	2	0	5	1	0	3	2	0	4	2	0	2	3
75	0	3	2	0	4	1	0	3	1	0	3	3	0	4	3
76	0	3	2	0	4	1	0	3	1	0	4	1	0	2	2
77	0	5	0	0	4	1	0	2	3	0	4	1	0	2	0
78	0	2	1	0	5	2	0	2	2	0	3	2	0	2	2
79	0	4	2	0	3	2	0	3	2	0	4	1	0	4	1
80	0	3	1	0	3	1	0	3	3	0	4	1	0	3	1
81	0	3	1	0	5	3	0	2	3	0	5	2	0	2	0
82	0	3	1	0	3	0	0	3	0	0	2	2	0	4	1
83	0	2	2	0	4	1	0	4	1	0	4	3	0	3	0
84	0	4	1	0	3	2	0	2	1	0	4	1	0	3	2
85	0	4	2	0	3	1	0	1	1	0	3	2	0	3	0
86	0	3	1	0	3	0	0	2	2	0	3	2	0	3	0
87	0	4	1	0	3	2	0	3	2	0	2	1	0	3	0
88	0	4	1	0	4	2	0	3	1	0	3	3	0	2	1
89	0	3	1	0	3	1	0	2	3	0	4	2	0	4	1
90	0	3	0	0	3	2	0	4	1	0	4	2	0	2	2
91	0	2	1	0	3	3	0	1	3	0	4	2	0	3	1
92	0	5	2	0	4	2	0	2	2	0	4	3	0	3	1
93	0	3	1	0	3	2	0	3	3	0	3	2	0	1	0
94	0	4	1	0	3	2	0	2	3	0	4	3	0	2	0
95	0	4	0	0	3	0	0	3	3	0	4	1	0	3	2
96	0	4	1	0	4	3	0	3	1	0	3	0	0	1	1
97	0	2	1	0	3	3	0	4	1	0	3	2	0	3	1
98	0	4	1	0	3	1	0	3	2	0	4	1	0	3	0
99	0	4	2	0	3	0	0	2	2	0	3	1	0	1	1
Média	0	3,24	1,3	0	3,61	1,41	0	2,67	1,7	0	3,66	1,81	0	2,63	0,8
DP	0,00	0,85	0,76	0,00	0,80	0,89	0,00	0,79	0,87	0,00	0,87	0,85	0,00	0,84	0,79
γ	0,00	0,17	0,15	0,00	0,16	0,17	0,00	0,16	0,17	0,00	0,17	0,17	0,00	0,16	0,16

Tabela 47 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Iris* com as configurações 6 a 10.

seed	Conf. 6			Conf. 7			Conf. 8			Conf. 9			Conf. 10		
	C1	C2	C3	C1	C2	C3									
0	0	3	0	0	3	1	0	3	2	0	4	2	0	2	2
1	0	5	1	0	3	1	0	3	1	0	5	2	0	2	0
2	0	2	1	0	2	3	0	4	2	0	4	3	0	1	1
3	0	3	0	0	2	3	0	5	0	0	5	3	0	4	1
4	0	2	0	0	4	1	0	4	1	0	3	3	0	4	2
5	0	2	1	0	3	3	0	4	2	0	5	2	0	3	1
6	0	2	0	0	1	2	0	3	2	0	4	2	0	3	2
7	0	3	0	0	3	1	0	4	2	0	5	2	0	3	3
8	0	1	1	0	5	2	0	4	2	0	4	2	0	3	1
9	0	2	1	0	1	2	0	3	0	0	4	1	0	2	3
10	0	3	0	0	1	3	0	3	1	0	5	2	0	4	1
11	0	3	1	0	1	2	0	4	2	0	5	2	0	3	1
12	0	1	0	0	4	2	0	3	3	0	3	2	0	4	1
13	0	2	2	0	2	2	0	3	1	0	4	2	0	4	1
14	0	3	0	0	3	1	0	3	2	0	4	1	0	3	2
15	0	1	1	0	3	1	0	4	2	0	5	2	0	4	2
16	0	3	2	0	4	2	0	4	1	0	5	2	0	3	2
17	0	2	1	0	3	1	0	5	1	0	5	2	0	2	2
18	0	2	0	0	4	1	0	3	2	0	5	1	0	3	3

19	0	1	1	0	3	3	0	3	2	0	4	2	0	3	3
20	0	1	1	0	3	1	0	3	2	0	4	1	0	3	1
21	0	3	2	0	5	2	0	3	3	0	5	1	0	2	1
22	0	3	1	0	3	2	0	4	2	0	2	2	0	4	1
23	0	5	1	0	2	2	0	3	1	0	5	2	0	3	2
24	0	3	1	0	3	1	0	5	3	0	3	1	0	3	1
25	0	2	0	0	3	3	0	2	2	0	2	2	0	2	2
26	0	4	1	0	3	1	0	4	0	0	4	2	0	3	2
27	0	3	2	0	3	3	0	4	1	0	5	2	0	3	3
28	0	3	0	0	2	2	0	5	3	0	5	2	0	2	2
29	0	4	0	0	2	0	0	4	1	0	3	2	0	2	1
30	0	2	1	0	3	3	0	4	0	0	5	2	0	2	1
31	0	2	1	0	3	2	0	3	1	0	5	2	0	3	2
32	0	3	1	0	3	1	0	5	2	0	5	3	0	3	1
33	0	3	1	0	2	3	0	4	2	0	4	2	0	1	2
34	0	2	1	0	1	2	0	4	1	0	4	2	0	3	3
35	0	2	0	0	3	2	0	4	2	0	5	2	0	2	1
36	0	2	1	0	2	2	0	4	2	0	5	2	0	4	1
37	0	3	1	0	2	3	0	3	2	0	5	2	0	3	2
38	0	2	0	0	3	1	0	5	1	0	4	1	0	2	2
39	0	2	0	0	3	1	0	4	1	0	4	2	0	3	2
40	0	1	0	0	3	3	0	4	1	0	4	2	0	3	0
41	0	1	0	0	3	2	0	5	2	0	4	2	0	1	2
42	0	3	0	0	2	2	0	5	2	0	4	2	0	3	1
43	0	1	0	0	3	3	0	4	2	0	3	2	0	3	3
44	0	2	0	0	3	1	0	3	1	0	4	2	0	4	1
45	0	1	0	0	3	2	0	4	2	0	4	2	0	3	1
46	0	2	0	0	2	1	0	2	2	0	5	2	0	4	2
47	0	3	1	0	3	1	0	4	2	0	5	2	0	2	2
48	0	2	2	0	4	2	0	4	1	0	4	3	0	3	3
49	0	2	1	0	4	3	0	4	1	0	4	1	0	4	1
50	0	2	1	0	3	0	0	3	2	0	4	2	0	4	3
51	0	2	0	0	4	2	0	3	2	0	5	2	0	4	1
52	0	4	0	0	3	2	0	5	2	0	4	1	0	2	1
53	0	1	2	0	2	1	0	4	1	0	5	2	0	2	1
54	0	3	0	0	2	1	0	3	2	0	5	3	0	2	2
55	0	2	1	0	3	3	0	3	2	0	4	3	0	4	2
56	0	1	0	0	4	3	0	4	1	0	4	2	0	2	2
57	0	1	0	0	4	1	0	3	2	0	5	2	0	3	2
58	0	2	0	0	2	1	0	3	2	0	5	2	0	4	2
59	0	3	0	0	3	2	0	2	3	0	4	2	0	1	1
60	0	3	1	0	4	2	0	2	0	0	4	2	0	4	1
61	0	2	0	0	3	2	0	4	1	0	4	2	0	4	2
62	0	3	1	0	3	3	0	2	2	0	5	0	0	3	1
63	0	2	0	0	3	3	0	5	1	0	5	1	0	5	1
64	0	3	1	0	4	3	0	4	1	0	5	2	0	4	1
65	0	2	1	0	2	2	0	2	2	0	5	2	0	2	2
66	0	3	0	0	3	3	0	4	1	0	2	3	0	2	1
67	0	1	0	0	3	2	0	3	2	0	4	2	0	3	0
68	0	3	0	0	3	3	0	4	1	0	3	2	0	3	2
69	0	3	1	0	3	3	0	4	2	0	4	2	0	4	3
70	0	2	0	0	3	3	0	3	2	0	5	2	0	3	3
71	0	3	0	0	2	2	0	5	2	0	4	2	0	2	2
72	0	2	0	0	3	2	0	4	1	0	4	2	0	1	3
73	0	2	0	0	2	1	0	4	1	0	4	2	0	2	3
74	0	2	0	0	3	1	0	5	2	0	5	2	0	2	1
75	0	2	1	0	4	2	0	3	0	0	4	2	0	3	2
76	0	2	0	0	4	0	0	4	3	0	5	2	0	2	2
77	0	3	0	0	3	1	0	3	1	0	5	3	0	3	2
78	0	2	0	0	3	2	0	2	1	0	4	2	0	3	1

79	0	3	1	0	2	2	0	3	2	0	5	2	0	2	3
80	0	2	1	0	2	2	0	3	2	0	3	2	0	3	2
81	0	2	1	0	2	1	0	3	1	0	5	1	0	3	2
82	0	3	1	0	2	1	0	3	2	0	5	2	0	2	3
83	0	3	0	0	3	2	0	3	2	0	6	2	0	3	2
84	0	2	0	0	3	2	0	5	2	0	4	3	0	4	2
85	0	3	0	0	3	2	0	4	1	0	4	2	0	3	2
86	0	2	1	0	3	2	0	5	1	0	4	1	0	2	2
87	0	1	1	0	4	2	0	3	1	0	3	1	0	1	2
88	0	3	0	0	3	1	0	5	1	0	4	2	0	3	1
89	0	3	0	0	3	2	0	3	1	0	4	2	0	4	2
90	0	2	2	0	2	2	0	2	1	0	5	1	0	4	2
91	0	1	1	0	2	2	0	4	2	0	4	2	0	3	1
92	0	2	1	0	4	0	0	3	2	0	5	2	0	2	1
93	0	2	1	0	3	3	0	3	1	0	5	1	0	3	1
94	0	2	1	0	1	3	0	4	2	0	5	1	0	3	2
95	0	2	0	0	2	2	0	3	0	0	5	2	0	3	2
96	0	2	0	0	3	2	0	4	2	0	5	2	0	3	3
97	0	3	0	0	3	2	0	3	2	0	4	2	0	2	3
98	0	3	1	0	5	3	0	4	1	0	4	2	0	2	3
99	0	2	0	0	4	3	0	4	2	0	4	2	0	3	2
Média	0	2,32	0,56	0	2,86	1,91	0	3,62	1,55	0	4,32	1,92	0	2,84	1,76
DP	0,00	0,84	0,62	0,00	0,86	0,83	0,00	0,84	0,72	0,00	0,76	0,54	0,00	0,87	0,78
γ	0,00	0,16	0,12	0,00	0,17	0,16	0,00	0,16	0,14	0,00	0,15	0,11	0,00	0,17	0,15

Tabela 48 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Iris* com as configurações 11 a 14.

seed	Conf. 11			Conf. 12			Conf. 13			Conf. 14		
	C1	C2	C3									
0	0	2	1	0	4	1	0	4	2	0	2	3
1	0	3	0	0	3	1	0	4	2	0	2	1
2	0	4	2	0	3	0	0	5	1	0	2	3
3	0	3	3	0	3	1	0	5	2	0	2	2
4	0	5	1	0	3	1	0	5	2	0	2	1
5	0	3	1	0	4	3	0	4	3	0	2	2
6	0	3	0	0	4	0	0	5	2	0	2	1
7	0	4	1	0	4	1	0	5	2	0	1	3
8	0	3	0	0	2	0	0	5	3	0	3	1
9	0	3	1	0	2	1	0	4	2	0	2	1
10	0	3	1	0	3	0	0	5	2	0	3	2
11	0	4	2	0	4	1	0	4	3	0	3	2
12	0	4	2	0	2	2	0	5	2	0	3	2
13	0	3	1	0	3	2	0	5	2	0	3	3
14	0	5	1	0	4	1	0	5	2	0	2	2
15	0	3	2	0	4	2	0	4	2	0	1	2
16	0	2	3	0	4	2	0	5	3	0	1	3
17	0	5	1	0	3	1	0	5	3	0	2	1
18	0	3	2	0	4	0	0	5	2	0	3	1
19	0	5	1	0	4	1	0	5	2	0	3	3
20	0	4	1	0	3	2	0	5	2	0	2	2
21	0	4	2	0	2	1	0	5	1	0	3	2
22	0	4	1	0	3	3	0	5	2	0	2	3
23	0	3	1	0	4	2	0	5	2	0	1	1
24	0	3	3	0	2	0	0	5	1	0	3	2
25	0	3	1	0	3	0	0	4	2	0	2	3
26	0	4	0	0	2	1	0	4	2	0	2	2
27	0	4	2	0	1	1	0	3	2	0	4	2
28	0	3	1	0	3	2	0	4	2	0	1	2

29	0	3	0	0	4	1	0	5	1	0	2	1
30	0	3	1	0	3	0	0	3	1	0	2	0
31	0	3	2	0	3	2	0	4	2	0	4	2
32	0	4	1	0	3	1	0	5	2	0	3	2
33	0	4	2	0	3	1	0	5	2	0	2	1
34	0	5	2	0	3	3	0	3	1	0	2	3
35	0	3	1	0	4	1	0	5	2	0	2	2
36	0	2	1	0	4	2	0	5	2	0	2	1
37	0	2	1	0	3	1	0	4	1	0	2	2
38	0	4	2	0	2	1	0	5	2	0	2	1
39	0	4	0	0	3	1	0	5	2	0	2	2
40	0	3	2	0	3	2	0	5	3	0	2	2
41	0	4	1	0	4	2	0	4	2	0	2	1
42	0	4	1	0	3	0	0	5	1	0	2	1
43	0	3	0	0	3	2	0	5	2	0	1	2
44	0	4	0	0	3	3	0	5	3	0	2	3
45	0	5	1	0	3	2	0	5	2	0	2	1
46	0	2	2	0	3	1	0	5	2	0	3	0
47	0	4	2	0	3	1	0	4	2	0	2	2
48	0	4	1	0	3	1	0	4	2	0	1	2
49	0	3	2	0	4	2	0	4	2	0	2	3
50	0	3	1	0	4	0	0	5	2	0	3	2
51	0	3	0	0	2	0	0	5	3	0	2	1
52	0	3	1	0	3	2	0	5	2	0	2	2
53	0	2	2	0	4	2	0	5	2	0	4	3
54	0	4	1	0	3	0	0	3	2	0	2	1
55	0	3	1	0	3	2	0	5	2	0	2	1
56	0	4	2	0	4	1	0	5	2	0	1	2
57	0	3	1	0	3	2	0	5	2	0	2	2
58	0	2	2	0	3	2	0	4	2	0	2	3
59	0	4	1	0	4	0	0	5	2	0	2	1
60	0	2	2	0	3	3	0	4	2	0	2	3
61	0	5	1	0	4	1	0	5	3	0	4	3
62	0	3	0	0	3	0	0	5	3	0	2	3
63	0	3	3	0	4	2	0	5	2	0	2	0
64	0	3	1	0	5	1	0	4	2	0	3	1
65	0	3	2	0	4	1	0	5	2	0	2	2
66	0	2	1	0	3	0	0	3	3	0	2	2
67	0	4	1	0	2	1	0	4	2	0	2	1
68	0	4	2	0	3	2	0	4	3	0	3	3
69	0	2	0	0	3	1	0	5	1	0	1	2
70	0	4	1	0	3	1	0	5	1	0	3	3
71	0	3	2	0	4	0	0	5	2	0	1	3
72	0	3	1	0	3	1	0	5	2	0	3	1
73	0	1	0	0	3	1	0	5	2	0	3	0
74	0	4	0	0	4	1	0	5	3	0	3	2
75	0	2	2	0	2	2	0	5	2	0	3	3
76	0	4	1	0	2	2	0	5	2	0	3	1
77	0	5	1	0	3	0	0	5	2	0	3	3
78	0	3	1	0	3	0	0	5	3	0	1	2
79	0	4	1	0	2	0	0	5	2	0	2	3
80	0	4	2	0	3	1	0	4	1	0	2	3
81	0	4	2	0	4	3	0	4	2	0	2	1
82	0	2	1	0	3	0	0	5	2	0	2	1
83	0	3	1	0	3	1	0	5	2	0	2	1
84	0	3	1	0	5	1	0	5	2	0	3	2
85	0	3	1	0	4	1	0	4	2	0	2	2
86	0	3	3	0	2	1	0	5	3	0	3	3
87	0	2	2	0	1	1	0	5	3	0	1	2
88	0	4	1	0	3	1	0	5	2	0	3	2

89	0	3	2	0	3	0	0	3	2	0	3	2
90	0	3	2	0	3	2	0	4	2	0	3	2
91	0	4	1	0	5	1	0	5	2	0	1	2
92	0	4	2	0	3	1	0	5	3	0	1	1
93	0	3	0	0	3	0	0	4	1	0	2	2
94	0	4	2	0	3	2	0	5	2	0	3	1
95	0	3	1	0	2	1	0	2	1	0	4	2
96	0	2	0	0	4	2	0	4	2	0	2	1
97	0	2	3	0	1	2	0	4	4	0	2	2
98	0	5	1	0	3	2	0	4	3	0	2	0
99	0	3	1	0	2	1	0	5	3	0	3	2
Média	0	3,34	1,27	0	3,13	1,18	0	4,57	2,08	0	2,24	1,85
DP	0,00	0,88	0,79	0,00	0,81	0,85	0,00	0,66	0,60	0,00	0,75	0,85
γ	0,00	0,17	0,15	0,00	0,16	0,17	0,00	0,13	0,12	0,00	0,15	0,17

Tabela 49 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Bupa com as configurações 1 a 7.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5		Conf. 6		Conf. 7	
	C1	C2												
0	82	91	88	88	90	90	95	87	84	84	84	76	84	87
1	82	83	85	88	87	84	88	89	84	76	85	77	80	88
2	85	88	82	85	80	86	91	85	79	84	85	84	83	85
3	80	86	93	86	89	88	91	96	84	79	85	81	83	91
4	91	89	79	90	86	90	86	90	84	82	87	82	87	91
5	83	87	89	89	83	90	90	89	84	84	80	77	86	86
6	88	85	85	87	82	87	95	91	86	82	83	85	81	89
7	87	90	84	92	87	76	92	99	82	87	84	80	83	87
8	87	86	93	83	84	84	88	87	87	81	87	82	83	89
9	87	84	87	83	87	86	87	89	85	81	77	82	86	92
10	84	92	91	83	84	86	94	96	80	84	82	82	76	84
11	89	82	92	88	92	90	85	94	79	86	86	84	83	81
12	85	83	90	89	83	84	86	80	79	85	83	82	82	89
13	82	81	94	86	85	86	87	87	83	83	80	84	90	97
14	88	81	85	84	86	89	87	93	85	87	78	81	83	88
15	91	93	86	84	87	82	90	87	83	83	86	84	83	89
16	83	85	86	89	85	86	102	93	87	84	84	86	81	87
17	87	82	94	87	83	84	92	87	78	89	80	76	86	93
18	88	82	86	82	85	85	93	86	85	84	84	78	74	85
19	89	88	85	86	88	90	87	88	83	77	87	81	82	89
20	85	86	89	84	94	85	89	89	83	83	82	82	83	86
21	85	85	86	80	82	85	89	90	83	84	84	83	83	86
22	78	85	94	79	92	80	94	85	86	85	78	84	78	86
23	86	89	91	85	86	90	94	90	78	84	77	80	78	82
24	84	85	86	86	94	85	92	89	83	85	82	85	83	81
25	85	86	86	93	86	82	88	91	88	86	81	77	84	92
26	87	85	93	84	87	91	94	91	81	81	81	84	82	84
27	82	80	89	81	85	82	93	93	81	88	85	80	81	92
28	82	84	84	87	87	86	80	88	82	82	82	79	87	92
29	88	94	90	86	86	84	97	94	83	83	78	85	87	87
30	87	88	91	90	88	83	90	92	80	85	82	81	79	84
31	87	82	97	86	80	85	92	93	85	88	79	78	79	87
32	80	86	86	88	87	84	92	91	84	80	83	81	88	86
33	93	76	87	88	88	83	87	84	86	85	78	83	79	88
34	82	87	88	81	86	83	92	89	89	79	82	88	79	83
35	88	86	87	85	84	91	90	86	81	83	84	83	83	88
36	86	86	93	86	87	84	90	87	86	84	83	82	88	81
37	86	83	92	85	90	80	89	82	82	76	81	82	77	86
38	89	84	88	93	83	85	93	91	83	82	78	78	79	82

39	84	84	92	89	88	88	94	86	79	84	81	81	84	87
40	86	91	88	85	80	88	87	93	81	89	82	82	81	84
41	84	87	88	81	86	93	87	94	80	81	80	86	87	83
42	85	83	87	85	92	85	92	93	87	85	84	83	85	88
43	90	90	90	91	84	89	94	92	81	82	87	85	87	86
44	81	81	93	83	86	89	98	89	82	81	74	80	84	83
45	82	80	90	91	88	87	88	93	87	87	89	82	87	94
46	88	79	95	88	85	88	92	90	86	86	84	82	80	86
47	85	86	89	90	77	86	88	87	87	83	84	77	83	87
48	89	85	92	84	86	88	89	97	81	80	85	84	83	88
49	80	89	86	85	90	86	94	89	84	85	81	82	87	85
50	93	90	82	85	86	89	91	89	89	83	77	84	82	86
51	86	85	83	87	80	88	91	90	83	85	78	81	85	89
52	85	89	91	79	90	83	89	93	83	85	82	80	81	85
53	84	93	93	86	86	87	96	90	86	86	87	84	88	87
54	93	82	93	89	86	89	90	93	85	87	81	80	79	87
55	88	92	88	87	78	85	88	90	81	78	78	81	86	85
56	83	87	93	83	89	86	95	87	82	87	80	85	85	87
57	84	83	91	84	89	89	83	88	82	81	81	87	82	91
58	86	86	90	90	86	80	85	85	84	84	83	83	83	86
59	87	89	92	84	89	92	94	87	82	84	89	74	81	89
60	84	89	89	90	85	86	88	95	81	79	80	81	85	88
61	82	84	94	93	87	90	87	94	83	82	82	85	77	85
62	90	89	96	83	84	87	85	89	85	84	81	79	78	85
63	87	84	90	86	86	85	94	101	82	85	84	85	84	94
64	88	76	92	91	89	89	85	95	83	82	85	86	86	83
65	88	86	88	90	81	84	91	90	85	83	83	82	84	83
66	87	90	89	86	90	90	89	93	83	88	84	84	82	80
67	85	84	89	95	92	89	93	89	82	87	81	75	81	90
68	84	88	88	89	84	89	90	87	83	79	87	83	83	83
69	91	80	84	86	85	88	87	94	86	83	84	81	76	88
70	82	84	89	89	88	87	97	82	85	83	73	81	80	88
71	87	82	93	86	87	86	96	92	88	81	84	85	89	90
72	85	80	96	89	87	86	88	88	81	81	84	75	81	89
73	87	85	82	85	81	94	89	94	83	81	82	76	89	89
74	84	89	78	87	85	83	90	88	79	83	79	85	87	87
75	85	85	90	79	85	86	91	89	82	88	81	78	85	88
76	83	86	86	84	87	84	90	92	80	83	82	79	89	87
77	91	87	88	91	87	88	97	93	87	79	81	80	84	84
78	86	82	85	83	89	90	89	89	89	83	80	86	81	86
79	81	81	88	84	89	88	91	91	80	78	89	87	85	86
80	87	85	87	84	93	85	85	89	85	83	81	84	86	82
81	89	87	83	87	91	85	92	94	83	84	81	82	87	84
82	81	89	90	85	86	86	94	89	80	81	76	84	82	83
83	82	86	86	88	81	82	91	94	82	84	85	84	75	84
84	90	94	93	87	85	87	82	95	82	82	81	79	88	84
85	86	87	88	90	85	84	90	89	81	86	78	80	88	80
86	90	84	88	92	85	85	94	91	81	82	79	79	83	86
87	83	85	81	89	86	84	87	86	85	88	78	84	86	85
88	85	84	90	82	81	89	94	78	90	81	86	81	91	89
89	82	83	87	86	92	85	93	86	86	86	83	86	88	87
90	90	91	94	87	86	86	85	89	82	82	82	78	87	85
91	84	84	92	88	89	85	98	87	83	82	77	83	83	85
92	88	85	86	91	87	85	89	92	80	78	83	78	86	91
93	91	87	88	87	87	87	91	93	80	74	79	83	83	83
94	87	91	89	87	86	82	91	89	82	84	85	78	86	83
95	88	84	84	82	83	85	97	89	77	81	83	79	83	84
96	91	87	95	87	85	86	96	93	89	83	82	87	84	87
97	86	92	87	87	91	80	94	91	79	78	79	83	86	89
98	85	86	92	91	86	89	86	97	86	87	82	82	87	84

99	83	86	90	87	86	86	89	93	86	77	81	86	85	83
Média	85,8	85,7	88,8	86,5	86,2	86,18	90,61	90,12	83,23	83,03	82,01	81,75	83,43	86,54
DP	3,19	3,64	3,81	3,3	3,3	3,033	3,835	3,799	2,814	3,060	3,170	3,060	3,497	3,230
γ	0,62	0,71	0,74	0,648	0,6	0,59	0,752	0,745	0,551	0,600	0,621	0,600	0,685	0,633

Tabela 50 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados Bupa com as configurações 8 a 14.

seed	Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10		Conf. 11		Conf. 12		Conf. 13		Conf. 14	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	88	86	88	87	79	87	89	85	87	85	95	87	84	81
1	93	91	92	81	83	82	88	89	88	83	93	90	83	90
2	89	86	87	91	82	83	90	94	81	84	88	92	83	87
3	90	81	94	88	89	86	89	87	82	90	83	85	88	88
4	85	91	88	90	75	81	89	90	93	83	88	78	82	81
5	85	88	91	86	82	81	91	85	86	78	90	85	87	87
6	89	85	86	83	76	86	96	88	84	87	96	91	82	80
7	93	88	90	84	85	89	93	82	78	83	87	90	90	86
8	79	89	88	84	84	83	91	87	87	93	85	88	82	84
9	89	88	92	85	79	83	94	89	87	89	86	89	78	83
10	92	86	85	88	80	91	89	86	79	84	87	92	87	79
11	86	87	88	84	78	84	87	81	79	83	96	83	83	82
12	89	87	91	90	81	85	87	83	82	79	98	85	81	84
13	91	90	93	88	85	89	88	84	82	80	88	94	78	86
14	86	90	87	83	85	87	87	86	82	83	86	88	87	85
15	91	88	92	83	83	83	90	92	86	83	93	88	82	90
16	95	79	86	89	82	84	84	90	83	83	87	91	86	89
17	87	88	89	86	83	80	94	90	86	84	97	83	86	78
18	94	92	77	88	87	88	95	82	80	85	90	90	86	85
19	86	88	92	88	85	88	82	86	85	84	97	86	82	84
20	87	85	100	90	79	88	89	87	83	84	91	86	81	84
21	87	89	95	84	84	85	88	89	88	86	99	83	86	84
22	87	85	84	90	87	90	89	91	80	85	96	92	87	88
23	88	98	87	87	81	87	92	84	74	84	90	93	86	85
24	91	89	95	88	86	85	95	95	84	85	98	93	84	81
25	95	83	86	81	89	86	85	82	85	86	91	85	85	89
26	89	91	84	85	84	83	88	87	83	81	91	91	84	93
27	91	83	90	87	80	88	92	89	81	84	85	82	85	84
28	90	86	88	95	83	82	85	86	84	86	93	83	81	85
29	91	85	90	83	87	83	89	91	84	88	88	90	84	87
30	92	83	85	85	87	85	85	91	90	92	89	86	80	82
31	84	89	91	92	71	92	88	85	88	88	85	94	86	85
32	92	84	90	88	83	89	91	89	86	86	81	89	78	86
33	95	88	85	92	83	87	88	94	80	86	88	92	88	84
34	88	86	94	82	86	89	89	92	83	82	97	85	84	85
35	87	89	95	87	84	87	89	86	85	81	89	86	87	80
36	88	87	94	94	85	88	92	90	82	88	91	81	86	81
37	85	86	86	85	81	83	82	85	83	84	94	80	82	85
38	89	83	87	89	78	84	91	92	81	88	92	83	81	86
39	85	89	92	89	78	84	81	89	86	83	91	83	85	88
40	84	85	87	86	89	91	84	81	83	91	95	87	85	87
41	92	89	90	87	78	87	88	89	81	84	87	88	85	88
42	92	84	85	94	83	89	90	93	87	83	92	89	87	86
43	91	80	86	82	89	84	86	88	79	83	91	84	86	91
44	88	81	90	93	83	86	88	89	74	82	95	80	87	93
45	88	89	91	88	80	85	87	89	85	84	94	92	83	83
46	83	92	87	91	84	87	91	88	85	87	95	92	87	86
47	90	92	86	91	78	83	89	97	84	86	93	95	78	94
48	97	86	86	88	87	85	85	87	88	86	90	86	89	84

49	86	89	89	89	81	85	91	88	85	88	91	85	85	85
50	90	86	94	85	87	80	90	88	85	85	92	84	81	88
51	92	81	88	89	86	85	84	86	82	89	84	90	80	87
52	81	86	86	91	85	82	86	89	84	83	90	84	84	87
53	87	89	89	90	88	86	86	91	81	84	87	90	90	87
54	90	88	86	90	82	85	86	90	83	88	95	85	84	83
55	84	83	86	87	85	88	92	91	80	87	85	80	81	87
56	86	87	86	81	86	84	89	89	82	84	91	90	87	85
57	91	93	86	88	88	82	93	88	89	82	90	85	84	86
58	80	88	92	84	86	86	86	89	80	88	90	86	80	86
59	87	85	94	87	87	81	92	93	86	84	89	89	84	82
60	88	92	91	91	88	81	88	93	87	81	89	86	80	88
61	92	89	94	95	86	82	95	90	91	92	85	89	76	79
62	96	87	88	89	78	78	98	80	79	84	91	93	80	89
63	91	86	89	89	86	86	90	89	81	88	95	86	87	87
64	91	84	85	86	88	86	89	87	85	87	93	91	89	88
65	90	86	84	86	88	88	86	86	91	86	89	87	84	86
66	90	85	92	90	87	86	89	91	86	92	96	85	85	90
67	93	92	89	95	82	87	92	88	89	87	97	84	82	84
68	89	89	90	80	79	91	88	88	81	82	92	89	78	81
69	90	92	97	90	83	80	92	87	86	86	92	84	89	84
70	87	87	90	88	87	85	92	85	82	83	94	86	85	85
71	85	87	88	88	80	88	87	88	87	88	89	86	83	85
72	90	89	90	83	75	86	82	90	84	89	90	88	85	86
73	90	88	91	90	89	84	88	82	90	88	90	92	82	84
74	87	85	91	87	82	79	93	92	85	82	95	84	79	83
75	91	84	88	91	88	88	86	84	82	86	91	88	87	82
76	82	90	93	88	85	84	79	90	86	86	89	90	75	83
77	90	86	90	86	81	82	90	87	81	85	82	94	79	85
78	90	88	94	84	82	85	87	79	92	83	95	89	85	89
79	92	91	88	84	80	88	88	81	85	88	84	83	85	84
80	88	90	88	88	85	87	92	86	85	84	92	87	85	91
81	86	87	88	81	87	86	91	85	81	86	90	91	85	88
82	92	88	90	86	82	87	90	87	84	85	91	92	87	91
83	91	89	90	81	85	84	87	84	85	81	89	91	76	86
84	86	88	92	83	84	83	85	89	80	86	93	88	81	89
85	83	82	93	79	84	83	93	77	82	89	92	87	86	80
86	89	89	94	79	84	92	88	91	90	84	94	96	78	83
87	91	88	91	89	83	90	93	88	82	92	88	95	81	90
88	82	86	85	88	88	87	89	87	90	85	91	84	78	87
89	90	87	95	90	75	88	87	85	84	84	89	85	86	89
90	92	90	92	88	87	86	84	86	86	82	92	90	83	86
91	83	90	89	84	86	83	89	91	90	86	95	88	73	85
92	93	89	83	84	82	85	90	86	88	90	86	86	80	84
93	88	83	91	87	86	87	92	86	78	82	85	92	83	86
94	83	83	90	87	80	82	90	87	88	88	90	92	83	89
95	90	89	88	90	88	86	88	91	81	89	91	88	88	84
96	87	89	88	89	84	90	86	89	84	83	92	90	78	86
97	91	89	94	91	80	79	91	90	90	82	88	94	81	88
98	85	83	83	85	86	91	83	86	78	86	90	91	83	84
99	85	91	87	90	85	77	85	79	85	88	91	88	88	79
Média	88,6	87,2	89,3	87	83,46	85,33	88,76	87,6	84,11	85,33	90,72	87,82	83,42	85,53
DP	3,54	3,14	3,56	3,5	3,718	3,156	3,415	3,63	3,701	2,992	3,809	3,828	3,517	3,214
γ	0,69	0,61	0,69	0,7	0,729	0,619	0,669	0,71	0,725	0,586	0,747	0,750	0,689	0,630

Tabela 51 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Ionosphere* com as configurações 1 a 7.

seed	Conf. 1	Conf. 2	Conf. 3	Conf. 4	Conf. 5	Conf. 6	Conf. 7
------	---------	---------	---------	---------	---------	---------	---------

	C1	C2												
0	14	16	16	16	15	16	25	23	14	15	14	14	17	17
1	18	17	16	16	17	19	19	21	13	16	16	16	17	18
2	15	16	15	17	17	17	17	19	15	18	14	12	20	19
3	17	17	17	15	19	13	19	17	15	12	12	14	12	15
4	18	17	16	13	17	17	20	20	13	14	17	14	20	20
5	15	16	15	15	15	14	20	21	15	16	13	14	17	20
6	18	15	17	15	17	17	21	20	16	17	17	13	19	19
7	18	18	15	14	17	14	22	23	15	16	16	14	15	17
8	18	15	20	15	20	16	17	19	15	16	13	17	20	22
9	22	15	14	15	19	16	21	18	15	11	15	16	17	19
10	18	14	15	15	18	14	21	19	15	15	14	13	16	15
11	17	15	16	15	14	15	18	17	17	15	14	13	16	16
12	19	14	15	16	16	15	18	18	14	17	12	16	19	19
13	16	13	17	20	20	16	16	21	14	16	15	12	18	18
14	16	15	15	15	19	14	18	18	18	14	12	14	16	15
15	17	17	14	18	14	13	17	23	14	16	12	13	15	14
16	14	16	18	14	19	17	17	19	12	13	14	16	17	17
17	17	16	18	16	16	14	19	16	14	16	14	13	18	16
18	16	14	16	16	15	18	19	18	19	14	14	12	15	17
19	16	13	16	18	19	15	23	19	15	16	16	15	19	19
20	15	14	19	17	17	15	20	16	18	12	15	14	18	16
21	19	15	17	17	14	18	15	23	16	15	14	15	19	15
22	13	17	17	14	16	15	20	17	17	17	13	13	19	16
23	16	15	16	17	21	14	21	20	14	14	15	14	18	16
24	13	15	16	13	18	17	24	19	17	13	11	13	17	20
25	17	18	17	20	17	14	20	18	12	16	15	11	19	21
26	18	18	16	16	12	14	21	19	15	15	11	16	17	17
27	18	19	14	15	15	14	16	20	15	17	14	13	14	19
28	18	15	21	18	17	17	17	22	15	11	14	15	18	17
29	16	16	15	16	17	14	21	18	15	14	14	13	18	16
30	18	19	17	19	15	17	20	17	18	15	16	13	17	16
31	16	15	15	16	16	15	19	19	15	17	15	14	18	19
32	15	18	19	16	16	16	19	22	17	12	16	14	18	17
33	16	15	16	17	18	18	20	23	14	14	14	14	21	19
34	18	16	16	17	15	15	22	18	14	17	16	17	17	15
35	19	18	19	19	15	14	23	19	15	17	17	13	19	20
36	18	17	16	15	17	15	20	17	14	17	13	14	19	15
37	15	17	15	16	16	17	22	19	15	14	17	15	14	17
38	19	17	17	19	19	18	20	18	13	13	14	15	17	17
39	20	15	14	16	16	17	17	17	14	13	15	12	18	20
40	19	17	15	17	17	16	20	20	16	15	15	14	18	18
41	18	16	15	18	19	16	19	19	14	18	13	15	20	17
42	17	16	17	18	17	15	21	16	16	16	15	15	17	16
43	15	19	17	15	15	15	17	22	14	15	13	13	20	19
44	20	20	15	17	20	13	19	18	14	15	14	16	16	21
45	15	17	18	15	18	17	21	19	17	12	14	15	17	17
46	14	15	13	18	15	17	20	19	16	15	15	15	20	17
47	17	15	19	16	19	14	24	21	18	18	15	16	16	16
48	18	17	15	18	21	13	17	17	14	15	19	14	17	17
49	17	17	15	16	18	16	17	20	16	17	16	15	15	18
50	15	19	15	17	17	14	19	20	17	16	14	13	16	18
51	15	16	14	16	19	15	14	22	15	16	14	15	18	18
52	18	20	13	17	19	18	20	19	15	15	15	17	18	20
53	17	17	15	17	19	19	19	16	16	13	15	14	16	17
54	16	19	16	14	20	15	21	19	14	15	14	15	21	19
55	15	13	16	17	18	15	19	19	15	13	14	14	19	19
56	19	17	15	18	16	13	19	22	21	17	14	12	16	19
57	15	18	16	12	15	15	23	18	15	20	16	14	17	18
58	16	18	15	15	17	15	22	19	16	15	16	14	17	17

59	18	16	16	18	19	16	21	25	14	14	14	17	19	19
60	17	18	18	18	16	17	22	20	14	14	13	15	17	18
61	18	15	17	16	18	15	18	17	15	15	14	11	19	17
62	17	14	15	16	18	14	21	17	17	18	16	10	18	17
63	16	15	14	15	17	14	22	20	13	17	14	16	19	15
64	15	19	12	19	17	16	21	20	15	17	16	14	13	17
65	18	19	17	17	20	13	21	18	17	13	14	15	19	18
66	17	14	16	17	22	16	20	17	17	13	17	13	16	15
67	17	17	15	17	17	15	22	18	15	13	14	13	17	20
68	19	19	17	19	19	14	18	18	16	15	14	13	17	16
69	19	17	16	17	17	13	20	20	15	17	15	13	17	16
70	18	18	16	16	16	17	20	19	14	16	15	14	19	18
71	17	18	16	17	19	14	18	20	15	17	14	13	15	20
72	17	16	14	15	16	16	19	23	17	17	12	14	20	19
73	16	15	14	17	19	17	20	17	13	13	16	14	21	15
74	15	19	17	14	19	16	17	21	16	16	14	15	17	15
75	18	15	15	14	14	13	14	22	15	19	17	14	18	15
76	19	13	16	14	15	17	17	20	14	16	15	16	17	16
77	19	17	17	17	15	17	18	19	17	16	15	16	18	17
78	14	15	16	15	15	15	20	19	17	16	14	12	19	19
79	15	17	16	14	17	15	21	20	15	13	14	12	14	17
80	16	20	18	16	19	19	17	18	13	16	15	17	17	19
81	15	16	17	15	14	15	18	17	15	13	16	17	18	20
82	16	16	18	18	16	18	21	21	15	15	13	16	21	16
83	18	13	15	15	17	15	22	20	17	15	14	12	15	19
84	17	14	16	17	15	16	18	17	17	16	15	15	19	15
85	17	15	14	17	19	15	21	16	15	14	14	16	18	16
86	17	17	17	16	16	18	21	17	15	14	14	16	17	18
87	16	17	17	16	15	15	23	18	16	14	15	15	18	20
88	14	16	15	14	18	17	20	20	16	16	15	15	20	18
89	17	16	16	15	18	18	17	21	17	12	14	13	17	19
90	17	15	18	15	15	19	22	20	15	15	14	15	18	20
91	17	17	16	16	15	16	19	17	13	15	12	13	19	15
92	16	14	18	14	18	16	21	19	16	15	14	13	20	18
93	18	15	13	16	17	18	21	19	15	15	13	13	17	15
94	21	16	16	15	16	14	17	20	19	15	13	13	18	20
95	16	20	14	15	16	17	24	24	15	15	14	13	20	18
96	17	17	17	14	14	13	19	20	16	14	17	14	19	19
97	18	13	14	16	20	18	23	23	13	14	13	14	22	18
98	14	14	16	16	17	15	19	19	13	16	13	14	17	19
99	16	17	17	16	16	17	16	19	16	16	16	14	19	19
Média	16,8	16,2	16	16,1	17,05	15,64	19,64	19,3	15,28	15,12	14,45	14,13	17,7	17,61
DP	1,69	1,77	1,5	1,56	1,898	1,618	2,209	1,972	1,570	1,731	1,417	1,468	1,817	1,757
γ	0,33	0,34	0,3	0,30	0,372	0,317	0,433	0,387	0,308	0,339	0,278	0,288	0,356	0,344

Tabela 52 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Ionosphere* com as configurações 8 a 14.

seed	Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10		Conf. 11		Conf. 12		Conf. 13		Conf. 14	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	22	17	19	14	14	16	20	17	18	19	23	21	19	18
1	15	16	18	17	17	14	19	15	17	14	16	24	17	14
2	15	18	19	16	20	15	21	16	14	16	22	20	16	16
3	19	16	19	16	16	21	18	18	16	18	18	19	17	18
4	18	18	20	12	17	16	19	17	16	17	16	17	19	16
5	15	15	17	16	18	18	18	13	17	17	19	21	21	15
6	18	18	15	20	17	16	19	17	16	14	18	19	18	18
7	16	15	19	23	14	18	17	15	17	17	15	25	19	14
8	19	17	13	19	15	17	17	18	15	16	21	16	19	18

9	18	15	18	20	15	15	19	17	19	18	19	19	20	16
10	19	13	18	16	19	14	16	15	18	16	23	15	18	17
11	17	17	18	20	17	18	16	19	15	14	26	20	17	14
12	19	16	17	17	15	16	16	15	16	18	20	22	19	18
13	17	17	20	17	15	17	17	14	19	17	17	17	19	17
14	13	15	18	18	20	17	16	18	17	16	16	15	17	20
15	17	16	17	17	15	16	15	17	18	19	26	19	15	17
16	15	15	17	15	17	16	16	16	16	17	20	15	18	17
17	16	14	16	15	15	16	18	18	16	18	20	23	20	15
18	18	15	16	20	15	18	17	17	14	14	17	15	19	19
19	18	17	17	17	17	17	17	18	18	19	19	23	15	18
20	17	15	18	19	16	17	15	18	17	16	16	17	15	16
21	16	17	17	17	20	19	17	18	18	14	22	12	16	14
22	20	16	16	17	19	16	21	16	17	16	23	16	17	15
23	17	17	21	20	18	16	20	16	16	16	19	22	17	18
24	16	14	21	15	19	15	18	20	16	16	22	22	19	16
25	18	15	18	17	16	17	17	19	19	11	17	21	16	19
26	17	16	16	20	14	14	19	17	17	14	22	24	15	18
27	17	16	18	13	17	18	16	13	18	15	25	19	17	18
28	17	17	12	15	18	15	18	15	17	17	17	18	18	19
29	16	14	19	14	18	19	15	13	18	16	16	15	17	17
30	16	16	17	15	15	20	17	16	15	15	15	24	18	16
31	16	15	24	18	20	14	18	14	18	13	16	18	16	18
32	18	17	20	21	18	14	16	14	19	13	22	14	15	16
33	16	15	19	20	16	17	17	15	17	18	14	21	17	16
34	19	13	18	23	17	16	14	15	18	17	17	19	16	15
35	17	17	19	17	19	19	17	17	17	13	16	20	21	17
36	12	18	18	21	18	16	17	14	16	15	19	21	17	16
37	16	19	17	16	18	18	16	13	16	19	18	22	17	16
38	15	19	21	18	16	17	17	19	17	14	19	18	15	15
39	19	17	17	14	16	16	17	18	20	15	22	15	17	16
40	19	20	17	18	16	20	16	19	18	16	22	18	19	16
41	17	18	19	22	17	13	15	16	17	18	21	16	22	20
42	16	17	14	21	16	17	13	14	18	17	20	17	16	15
43	16	16	18	16	15	17	16	18	17	16	26	22	16	16
44	16	14	20	18	17	17	14	14	17	15	25	16	18	18
45	13	17	22	20	15	19	17	16	21	19	16	27	16	16
46	19	15	15	18	14	15	18	16	16	13	19	16	19	19
47	16	14	15	19	17	14	20	17	14	15	17	23	19	15
48	22	14	21	13	16	18	16	20	19	15	18	21	17	18
49	16	16	16	17	17	20	16	18	17	16	18	19	17	15
50	21	17	16	17	16	17	20	18	17	19	17	19	18	16
51	20	15	21	18	15	18	17	17	19	16	18	18	20	16
52	12	17	17	20	17	19	16	14	17	17	19	20	15	16
53	20	14	16	17	16	21	16	18	13	13	25	17	18	16
54	17	20	17	16	17	18	16	16	18	15	22	18	19	16
55	18	17	17	20	16	16	16	19	20	17	22	21	18	16
56	18	18	22	13	13	18	17	12	14	16	14	14	18	16
57	16	21	17	19	16	19	17	18	13	15	19	18	17	14
58	19	19	19	17	20	20	20	17	18	14	18	16	17	19
59	19	16	17	17	17	16	17	18	18	15	27	16	20	19
60	18	18	19	17	17	17	15	15	17	18	18	21	17	16
61	19	13	17	17	16	18	16	19	17	15	16	15	17	15
62	18	13	21	24	16	20	19	15	17	15	19	21	18	19
63	16	15	15	20	15	13	18	19	18	20	13	18	19	15
64	19	18	17	14	14	15	17	17	15	15	14	18	16	17
65	19	15	20	16	20	22	18	19	16	12	23	22	16	18
66	17	17	16	18	18	20	18	15	18	13	24	21	20	18
67	20	17	18	17	15	16	17	18	15	17	18	15	15	19
68	18	21	24	19	15	20	15	17	16	17	17	18	17	15

69	16	16	19	19	18	17	16	13	17	19	25	16	18	19
70	17	18	19	18	15	17	16	18	14	19	18	19	19	15
71	16	19	21	14	17	20	18	17	18	19	16	18	17	18
72	19	14	20	18	19	16	17	16	20	15	20	20	17	18
73	17	15	20	16	16	16	19	18	17	16	17	22	18	15
74	16	20	25	16	21	20	15	16	19	20	31	16	18	20
75	18	15	17	14	16	15	16	16	18	14	18	22	16	18
76	16	16	16	18	17	17	15	18	15	16	16	17	16	18
77	17	16	19	20	19	15	15	17	17	18	17	15	19	18
78	14	16	17	16	16	20	16	17	16	16	25	16	19	16
79	15	17	15	16	16	16	16	16	18	17	21	19	18	20
80	15	18	18	19	17	19	16	17	15	15	21	18	13	16
81	16	16	22	18	16	18	17	17	16	19	17	22	16	18
82	11	13	22	13	16	18	17	18	17	15	22	18	21	16
83	18	19	20	19	16	20	17	14	17	16	19	15	19	20
84	17	16	18	17	15	17	16	15	16	13	20	18	20	18
85	17	16	17	17	16	16	18	20	18	18	24	15	17	16
86	14	14	21	17	15	17	18	14	17	17	18	14	23	17
87	16	15	23	21	19	18	16	16	17	16	22	14	15	17
88	17	14	20	16	17	17	20	15	15	17	21	22	16	16
89	15	15	19	18	17	17	14	16	17	17	14	16	16	17
90	20	17	21	22	19	16	18	20	18	18	22	21	17	17
91	16	15	16	18	19	16	17	18	19	14	25	19	14	19
92	15	14	20	16	16	16	17	17	16	14	19	19	17	16
93	21	17	18	20	18	19	18	17	18	14	24	20	20	16
94	19	17	22	17	18	20	18	18	16	16	19	18	17	15
95	19	17	21	13	17	15	19	16	15	16	17	20	17	16
96	18	18	16	21	16	19	17	15	16	16	19	15	18	18
97	20	14	18	16	14	18	19	19	18	16	18	15	20	19
98	15	13	20	19	17	17	17	18	20	17	19	16	20	15
99	18	16	18	17	16	19	15	15	18	17	17	24	20	14
Média	17,1	16,2	18,3	17,5	16,7	17,18	17,02	16,56	16,96	16,06	19,54	18,63	17,63	16,81
DP	2,04	1,81	2,34	2,43	1,65	1,909	1,576	1,833	1,556	1,874	3,404	2,980	1,796	1,594
γ	0,40	0,35	0,46	0,47	0,32	0,374	0,309	0,359	0,305	0,367	0,667	0,584	0,352	0,312

Tabela 53 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Breast-W* com as configurações 1 a 7.

seed	Conf. 1		Conf. 2		Conf. 3		Conf. 4		Conf. 5		Conf. 6		Conf. 7	
	C1	C2												
0	20	21	22	21	21	23	20	22	18	18	20	19	24	24
1	19	25	20	19	18	23	21	19	17	21	19	17	25	22
2	17	20	18	18	20	19	22	20	16	19	17	20	23	20
3	20	20	19	18	20	20	25	21	13	21	15	18	21	20
4	18	20	18	19	17	19	25	23	19	19	17	18	28	24
5	18	24	20	19	21	22	19	24	19	17	14	16	23	28
6	17	20	14	20	23	21	23	24	17	21	15	20	21	26
7	19	19	25	21	19	21	19	25	16	19	13	17	23	27
8	19	19	16	18	17	19	19	23	17	17	15	19	19	21
9	18	22	20	17	20	19	20	21	19	19	16	17	23	23
10	19	21	18	16	20	21	21	26	19	19	17	19	22	22
11	17	21	18	23	19	18	24	24	16	18	18	17	23	27
12	21	18	20	22	17	20	22	23	18	19	13	19	21	23
13	19	19	20	21	15	19	23	25	18	18	14	20	18	24
14	17	17	16	17	20	20	20	23	16	23	15	17	22	22
15	19	19	20	19	21	20	20	26	19	17	16	17	25	25
16	19	22	18	20	23	22	20	25	20	18	18	18	22	21
17	18	19	18	21	17	22	22	26	14	16	19	17	24	24
18	17	19	18	22	17	20	22	21	16	21	15	20	23	27

19	18	21	15	18	18	23	18	22	18	21	15	17	22	24
20	20	19	19	18	25	21	22	26	18	21	19	19	25	22
21	20	21	20	22	21	23	18	27	16	18	15	14	18	23
22	19	20	17	18	21	21	21	26	16	17	13	18	20	19
23	17	20	19	17	18	20	20	15	15	16	15	18	22	22
24	18	20	16	23	18	19	20	23	17	20	14	17	24	18
25	18	19	20	19	20	23	24	22	18	22	17	17	21	25
26	20	18	20	21	17	14	22	20	18	21	17	19	26	27
27	21	22	20	16	15	20	24	20	15	18	16	19	18	24
28	19	23	21	19	22	22	25	25	17	17	15	19	20	21
29	18	19	20	19	19	19	19	23	16	19	16	15	21	22
30	19	17	18	23	19	22	19	27	16	16	16	17	24	22
31	18	24	21	20	19	17	20	22	15	17	17	18	24	24
32	15	22	19	21	19	18	21	26	14	19	15	16	22	22
33	18	17	18	19	22	19	20	26	19	19	18	20	24	21
34	19	19	17	19	19	22	26	21	11	18	15	18	27	24
35	18	19	17	21	22	18	22	24	17	17	16	21	23	22
36	19	18	16	20	21	15	21	20	20	19	15	16	16	27
37	15	20	19	22	19	18	23	25	15	18	16	19	25	23
38	19	19	18	17	16	21	23	26	15	20	19	16	22	23
39	17	20	16	18	19	18	22	24	18	21	16	19	23	23
40	17	16	24	21	17	21	23	21	16	15	17	17	21	23
41	20	24	17	21	20	24	25	23	21	20	16	17	23	22
42	17	22	17	21	20	22	21	24	18	18	14	18	22	26
43	18	20	20	18	20	17	22	21	12	19	15	18	20	23
44	20	18	13	19	20	19	23	20	16	19	14	20	26	24
45	20	21	15	19	17	20	29	25	18	19	16	17	22	25
46	17	20	20	21	19	21	27	29	17	20	17	19	21	26
47	18	19	22	16	18	20	18	25	14	17	14	16	23	25
48	18	23	20	20	19	22	27	22	15	20	17	15	23	25
49	17	20	18	17	23	17	24	24	13	18	14	20	20	24
50	17	23	15	21	23	20	17	23	14	20	16	15	24	25
51	18	22	19	25	19	17	24	25	17	18	14	17	18	23
52	10	19	20	20	18	20	20	22	14	22	17	20	21	27
53	17	21	22	21	20	21	19	22	17	18	18	18	23	24
54	20	25	19	21	19	18	21	21	19	18	15	17	25	20
55	20	21	17	23	19	23	20	22	18	19	16	18	20	24
56	17	18	19	21	19	20	22	22	18	18	15	14	21	19
57	20	23	21	17	21	20	18	22	21	17	17	16	18	23
58	18	21	16	24	22	19	19	27	19	19	16	18	18	27
59	19	22	21	21	16	19	23	23	17	19	14	16	20	25
60	16	20	18	21	14	24	21	24	14	18	16	20	25	20
61	18	22	21	21	14	20	18	23	19	22	17	17	20	24
62	19	18	20	21	20	21	21	21	15	21	16	18	22	20
63	18	21	16	21	18	24	23	27	20	21	18	16	20	20
64	18	19	15	16	21	22	22	23	19	14	19	17	19	22
65	23	22	16	20	18	20	25	30	20	20	16	16	22	21
66	18	21	19	22	18	20	20	24	14	19	16	16	18	20
67	21	19	17	20	18	24	21	24	16	17	15	19	23	18
68	19	22	20	16	19	22	26	24	19	19	19	19	25	22
69	17	18	22	21	21	20	22	26	18	19	16	17	24	25
70	23	17	22	21	17	18	24	23	19	22	20	16	15	24
71	18	21	23	20	16	22	21	23	18	21	15	20	21	26
72	18	21	18	21	18	22	23	20	16	17	18	17	19	21
73	20	25	18	21	19	21	20	24	16	18	16	17	21	21
74	19	18	18	20	18	21	23	26	21	18	12	17	18	26
75	21	20	18	16	18	21	23	21	18	22	14	16	22	22
76	15	20	16	23	18	21	21	20	16	19	16	18	22	20
77	20	24	19	19	19	20	21	21	19	19	15	18	24	23
78	15	21	16	18	18	20	23	24	18	18	17	16	22	23

79	16	19	23	21	20	21	19	21	16	17	18	14	22	17
80	16	18	16	19	22	20	24	25	15	18	15	17	24	22
81	16	20	22	22	21	23	18	24	17	15	17	14	22	26
82	19	20	20	20	16	20	22	16	16	18	17	16	20	21
83	18	20	17	18	17	22	21	22	17	18	16	18	23	21
84	20	22	18	21	19	22	23	22	18	16	16	18	23	25
85	17	19	20	21	16	21	19	23	18	22	17	19	19	23
86	19	19	14	19	21	20	20	26	18	18	21	14	21	26
87	18	16	19	19	19	19	18	24	17	18	16	17	22	23
88	21	22	20	19	18	18	20	21	14	19	17	22	20	26
89	18	19	19	17	17	23	23	24	15	17	15	16	20	23
90	18	21	18	18	21	19	23	25	17	19	16	15	18	24
91	20	21	20	20	17	17	23	23	18	21	13	15	20	22
92	19	17	16	18	22	19	26	23	19	20	17	16	19	24
93	14	17	18	21	19	19	23	19	15	18	18	21	22	22
94	13	22	19	18	22	18	22	26	20	17	16	17	17	21
95	22	17	19	21	20	17	21	26	19	18	17	19	20	24
96	14	24	18	17	19	22	21	21	16	20	15	16	24	22
97	15	19	18	17	17	22	25	27	19	17	17	16	19	24
98	21	20	21	18	20	20	24	24	14	17	14	20	21	21
99	21	17	17	26	23	21	20	23	16	20	16	17	16	19
Média	18,2	20,1	18,6	19,7	19,11	20,27	21,72	23,27	16,94	18,74	16,08	17,5	21,6	23,02
DP	2,01	2,05	2,23	2,05	2,098	1,948	2,336	2,469	2,034	1,750	1,680	1,714	2,478	2,314
γ	0,39	0,40	0,43	0,40	0,411	0,382	0,458	0,484	0,399	0,343	0,329	0,336	0,486	0,453

Tabela 54 – Resultados das 100 sementes do algoritmo MDRGA no conjunto de dados *Breast-W* com as configurações 8 a 14.

seed	Conf. 8		Conf. 9		Conf. 10		Conf. 11		Conf. 12		Conf. 13		Conf. 14	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
0	15	18	16	21	19	20	17	22	25	22	18	26	24	18
1	17	21	19	19	19	20	21	18	22	16	23	27	20	22
2	21	18	18	18	22	21	15	21	16	20	18	21	23	19
3	16	18	21	18	22	17	18	25	16	18	19	23	20	23
4	16	18	19	26	19	18	15	19	20	21	20	26	20	22
5	19	21	18	20	20	24	16	20	22	23	20	23	21	21
6	19	19	23	19	22	21	18	18	19	20	18	21	16	23
7	19	19	21	21	20	23	23	17	20	18	21	20	21	23
8	16	18	18	21	22	20	17	18	21	19	20	26	23	24
9	18	17	21	24	22	24	24	18	16	20	22	21	23	24
10	16	18	18	21	17	20	16	19	20	20	24	20	19	21
11	19	22	22	19	20	21	23	17	18	20	16	22	20	25
12	16	21	17	22	17	22	18	21	17	22	15	21	22	19
13	16	14	15	18	21	22	16	20	19	19	19	24	20	23
14	16	21	18	23	16	22	18	19	22	18	17	20	18	18
15	21	16	15	19	20	20	18	19	19	22	21	22	27	23
16	15	19	26	20	22	20	22	19	17	20	19	25	20	23
17	19	20	15	19	19	17	16	19	21	20	18	23	19	25
18	18	17	16	22	23	19	16	19	20	16	17	23	19	24
19	20	21	19	20	20	25	23	19	22	23	21	22	26	23
20	20	15	19	22	20	23	16	18	15	18	18	27	15	23
21	16	18	18	17	21	24	17	23	17	21	21	21	19	23
22	19	19	19	18	19	24	20	19	17	24	18	24	21	21
23	16	20	20	18	15	21	17	19	16	20	18	24	21	23
24	16	21	21	20	22	19	18	18	24	18	21	20	22	23
25	18	20	16	20	19	26	21	17	20	22	17	20	21	25
26	16	18	19	18	18	20	20	22	20	19	18	25	23	20
27	17	19	20	21	19	20	19	18	18	20	19	25	24	22
28	19	20	18	19	24	23	18	21	18	17	21	19	21	22

29	13	19	18	22	20	23	20	16	21	26	17	25	22	20
30	17	22	16	21	20	22	20	19	20	24	18	18	18	22
31	17	18	20	16	21	23	16	18	20	19	18	24	22	22
32	16	20	15	21	22	21	22	21	18	21	21	24	19	21
33	14	20	21	20	25	23	21	20	17	21	19	23	21	21
34	18	18	19	20	19	19	20	25	18	19	20	26	18	22
35	14	20	21	25	20	17	17	16	20	17	21	23	26	23
36	19	20	18	26	19	21	21	22	17	17	22	22	21	22
37	17	18	19	18	22	22	21	23	19	20	19	23	24	21
38	16	15	19	16	20	18	17	23	21	18	27	22	22	23
39	18	17	20	19	19	27	20	22	19	15	18	25	23	23
40	18	20	20	21	18	20	15	16	21	23	15	28	21	22
41	16	18	18	23	19	19	14	22	21	24	21	22	22	22
42	17	19	21	19	22	26	19	22	22	22	26	22	17	24
43	19	20	15	21	23	18	17	20	20	19	20	22	18	21
44	15	18	18	21	22	26	16	21	16	21	26	18	21	21
45	15	20	15	25	22	22	15	23	19	20	18	25	23	25
46	16	16	17	23	20	19	19	20	18	19	18	24	23	25
47	19	18	18	19	22	20	16	17	17	19	21	20	22	21
48	17	19	18	23	18	24	15	18	22	21	18	22	24	20
49	14	20	20	22	21	21	17	18	20	20	23	26	18	21
50	19	20	18	20	19	22	18	18	21	20	22	23	23	23
51	18	18	21	22	22	20	20	23	22	20	18	27	18	24
52	19	17	18	24	17	25	20	20	19	22	21	25	19	24
53	19	17	18	20	21	23	21	15	20	23	20	21	20	25
54	17	21	14	20	20	27	17	20	17	24	15	24	19	18
55	14	21	23	24	19	20	18	20	20	19	17	22	19	16
56	18	18	16	17	20	20	21	15	22	18	24	22	21	23
57	17	18	20	18	20	23	20	18	20	23	18	20	21	19
58	20	18	17	19	19	26	14	19	17	20	18	24	21	23
59	18	20	18	18	19	20	15	20	24	23	21	28	22	23
60	18	20	15	20	20	21	18	18	17	17	21	23	19	20
61	14	20	21	19	24	21	14	16	17	21	23	22	15	25
62	15	16	20	20	19	24	17	18	24	19	19	22	23	21
63	20	15	21	26	20	21	17	21	20	19	18	22	22	26
64	16	22	20	22	20	20	17	21	21	19	18	26	21	20
65	17	21	19	23	23	22	21	18	20	22	19	22	20	18
66	16	21	18	22	19	21	14	17	20	24	16	24	20	23
67	19	20	20	19	25	21	17	21	25	20	22	20	23	22
68	17	18	20	16	20	21	21	21	24	24	22	22	22	21
69	18	20	18	22	22	21	18	24	16	22	21	19	19	20
70	15	20	21	20	16	19	16	16	19	18	16	24	20	24
71	16	20	15	23	18	21	20	21	18	20	19	24	22	28
72	17	18	19	24	21	22	20	18	20	25	17	21	19	24
73	18	19	16	21	23	23	15	21	21	20	15	20	20	25
74	19	20	17	23	19	20	15	21	18	22	19	21	21	22
75	18	17	19	20	22	23	18	19	19	17	18	24	22	22
76	18	19	16	23	20	16	18	18	25	19	18	21	23	23
77	18	20	23	22	24	24	18	18	16	24	18	23	22	23
78	16	17	18	21	21	19	22	20	22	20	20	22	21	20
79	15	20	18	18	17	20	18	18	17	23	21	24	23	18
80	17	16	19	19	20	20	20	19	23	18	22	24	18	23
81	20	17	16	21	19	22	18	20	16	18	20	23	18	21
82	17	20	18	21	23	17	18	20	19	21	19	22	21	20
83	20	20	15	22	18	23	21	18	17	17	18	21	19	19
84	15	19	19	16	24	20	15	18	19	19	19	23	21	21
85	17	20	18	24	23	23	17	17	17	21	23	20	21	17
86	24	18	17	23	19	21	15	21	22	21	23	19	23	22
87	16	20	20	22	19	23	21	19	22	22	21	24	22	18
88	16	20	19	19	22	21	21	19	23	19	20	25	21	22

89	19	19	18	24	20	21	17	19	23	21	21	21	21	21
90	20	17	18	21	21	17	19	20	15	19	18	23	24	22
91	19	20	18	23	19	22	21	21	21	20	19	23	24	23
92	18	19	22	21	20	21	18	19	17	19	19	21	20	26
93	16	21	15	22	23	24	15	18	18	21	17	23	18	19
94	20	19	16	22	20	21	19	18	16	22	17	23	21	24
95	21	18	15	22	19	20	17	19	20	24	19	22	21	24
96	16	18	17	21	19	21	20	20	19	20	23	25	20	23
97	18	21	17	20	22	23	19	24	16	16	21	19	19	22
98	15	21	23	22	23	25	20	23	17	18	22	23	18	27
99	16	19	22	14	21	22	18	18	16	22	18	24	23	22
Média	17,3	18,9	18,5	20,7	20,36	21,4	18,21	19,47	19,4	20,26	19,56	22,75	20,86	22,06
DP	1,91	1,67	2,26	2,35	1,987	2,30	2,363	2,120	2,46	2,232	2,397	2,176	2,193	2,197
γ	0,37	0,32	0,44	0,46	0,390	0,45	0,463	0,415	0,48	0,437	0,470	0,426	0,430	0,431