# Algoritmos Genéticos Capítulo 8



Prof. Ricardo Linden

# Outros Tipos de Função de Avaliação

- # Idealmente, a função de avaliação deveria ser suave e regular.
  - Cromossomos que tenham uma avaliação boa estejam perto dos cromossomos que lhe sejam apenas um pouco superiores.
  - A função deve ter o mínimo de máximos locais possível,
  - Se todos estes fossem possíveis, então nós poderíamos nos restringir ao uso de métodos de "hill climbing".

# Outros Tipos de Função de Avaliação

- # A função de avaliação deve refletir as necessidades do problema, de forma mais direta possível.
- # Ela deve embutir todas as restrições do problema, através de punições apropriadas para os cromossomos que as desrespeitarem.
  - Estas punições devem ser feitas de forma proporcional à sua gravidade.
  - Uma restrição mais rígida deve impor uma punição maior a um cromossomo que a desrespeite.
- # Deve também ser gradual
  - Funções do tipo "tudo ou nada" não são apropriadas para GAs.

# Outros Tipos de Função de Avaliação

- # Até agora nós usamos como medida de qualidade do indivíduo o valor exato fornecido por uma função de avaliação
- # Denominado fitness is evaluation,
- # Pode fazer com que o desempenho do GA degenere em dois casos:
  - questão do superindivíduo
  - a existência de uma pequena diferença entre as avaliações.

# Superindivíduo

- # Um ou mais indivíduos cuja avaliação é muito superior àquela dos outros membros da população.
- # Este indivíduo ou este grupo será quase sempre escolhido pelo módulo de seleção
- # Causa uma perda imediata da diversidade genética nas gerações imediatamente subsequentes.

# Superindivíduo

# Exemplo – Seja a população dada por:

| Indivíduo                | Avaliação |
|--------------------------|-----------|
| 10000                    | 256       |
| 00100                    | 16        |
| 00001                    | 1         |
| 00011                    | 9         |
| 00010                    | 4         |
| Somatório das Avaliações | 286       |
|                          |           |

## Superindivíduo

- # Exemplo (cont):
  - Método da roleta viciada: o primeiro indivíduo será selecionado cerca de 256/286≈90% das vezes.
  - Isto fará com que percamos as características benéficas de vários outros indivíduos

# Pequena Diferença entre Avaliações

- # Ocorre quando todos os indivíduos têm funções de avaliação que diferem muito pouco percentualmente.
- # Nestes casos, uma pequena diferença entre funções de avaliação significa uma grande diferença na qualidade da solução;
- # O algoritmo não consegue perceber isto, dando espaços praticamente iguais para todos os indivíduos na roleta viciada.

## Pequena Diferença entre Avaliações

# Exemplo: Seja a função de avaliação dada por:

$$f_6(x, y) = 999,5 - \frac{sen^2(\sqrt{x^2 + y^2}) - 0,5}{(1,0 + 0,001*(x^2 + y^2))^2}$$

- # Todas as avaliações estão no intervalo [999,1000]
- # 999.999 é muito melhor que 999.001;
- # Ambos recebem espaços quase iguais na roleta!

### Normalização

- # Coloque os cromossomos em ordem decrescente de valor;
- # Crie novas funções de avaliação para cada um dos indivíduos da seguinte maneira:
  - $\blacksquare$  o melhor de todos recebe um valor fixo (k);
  - os outros recebam valores iguais ao do indivíduo imediatamente anterior na lista ordenada menos um valor de decremento constante (t).
- # Matematicamente:
  - $\bullet$  aval<sub>0</sub> = k
  - • aval<sub>i</sub>=aval<sub>i-1</sub> t

### Normalização

- # Esta técnica resolve o problema do superindivíduo e o problema de aglomeração das funções de avaliação;
- # Cria mais um problema: há mais dois parâmetros para otimizar.
- # A escolha de *k* e de *t* é crítica para o desempenho do sistema
  - valor de t muito pequeno faz-nos ficar em uma situação extremamente parecida àquela especificada no caso nº 2
  - um valor muito grande de t pode criar desigualdades artificiais entre indivíduos que anteriormente tinham valores de avaliação extremamente próximos

### Normalização

- # Caso queiramos estabelecer a diferenciação de forma mais acentuada, podemos pensar em usar uma técnica de normalização não linear sobre a avaliação de todos os indivíduos da população;
- # Este método consiste em aplicar aos valores da avaliação por uma função não linear.
- O problema é encontrar uma função que atenda os propósitos de resolver nossos problemas sem criar novas situações difíceis de esclarecer pelo nosso GA.
- # Por exemplo: podemos resolver o problema do superindivíduo usando uma função de normalização logarítmica.

# Existem situações em que as diferenças absolutas entre os indivíduos são muito pequenas, apesar de haver indivíduos que possuem características bastante superiores a outros.

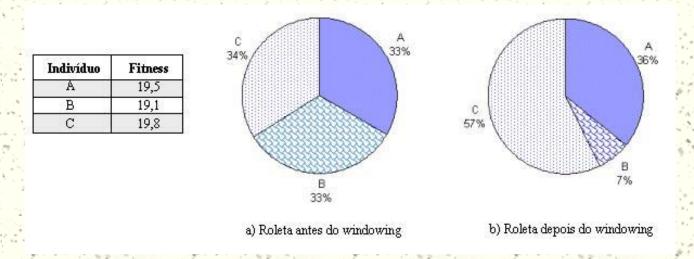
#### # Motivos:

- convergência genética;
- característica inerente da função de avaliação utilizada.

#### # Técnica:

- Designe para cada um dos cromossomos uma avaliação que seja igual à quantidade que excede este valor mínimo.
- A subtração de um pequeno valor é feita de forma a que o indivíduo de menor avaliação não passe a ter uma fitness igual a zero, o que faria com que ele nunca fosse selecionado.
- # Se a pequena diferença decorre de diferenças inerentes de qualidade entre os indivíduos, então a aplicação direta deste método melhora a seleção.

#### # Exemplo



# Windowing - diminuindo 19,0 de cada indivíduo

- # A escolha do valor arbitrário que vai ser diminuído da menor avaliação existente entre os indivíduos é muito importante
- # Esta estimação vai determinar a relação entre o maior valor e o menor.
- # O valor a ser diminuído dos indivíduos também pode ser calculado através de um parâmetro β que pode ser modificável com o passar das gerações, e não ser dependente das avaliações da população.
- # Este método não resolve o problema do superindivíduo.

# Escalonamento Sigma

- # Busca tornar o GA menos suscetível à convergência genética prematura.
- # O princípio do escalonamento sigma é modificar a função de avaliação de um indivíduo (f(i)) pela fórmula:

$$E(i,t) = \begin{cases} 1, \sigma(t) = 0 \\ 1 + \frac{f(i) - \bar{f}(t)}{2\sigma(t)}, \sigma(t) \neq 0 \end{cases}$$

- f(i) é a avaliação do indivíduo i
- ullet  $ar{f}(t)$  é a avaliação média da população no instante t
- $\sigma(t)$  é o desvio padrão das avaliações no instante t

# Escalonamento Sigma

- # Se o desvio padrão é igual a zero, então todos os indivíduos têm avaliações iguais, o que implica em que devem receber a mesma chance de ser sorteados para se submeter a um operador genético.
- # Se a função se torna negativa para algum indivíduo (caso de indivíduos cuja avaliação está mais de dois desvios-padrão abaixo da média da população no instante t podemos atribuir-lhe um valor arbitrário baixo (por exemplo, 0,1), para que eles tenham uma chance, mesmo que pequena, de ser selecionados.

# Escalonamento Sigma

- # Este método automaticamente compensa as alterações nas características das avaliações de toda a população durante a execução do GA.
  - No começo, como o desvio padrão da população tende a ser muito alto, devido à inicialização aleatória, os indivíduos mais aptos não dominarão excessivamente a população.
  - Ao fim da execução, como a população tende a convergir para um conjunto fechado de elementos, com funções de avaliação extremamente próximas, o desvio padrão cai muito fazendo com que os melhores indivíduos se destaquem, o que permite que a evolução continue, mesmo sob forte convervência genética.

- # Existem alguns métodos de preservação de diversidade;
- # Estes métodos são baseados na incorporação de informação sobre a distribuição de densidade dos indivíduos.
- # Quanto maior a densidades de indivíduos na sua vizinhança, menores serão as chances de um indivíduo ser selecionado

- # O objetivo de incorporar a função de densidade consiste em eliminar um efeito espúrio da convergência genética que é o fato de haver várias soluções que representam aproximadamente os mesmos esquemas.
- # Estes elementos, que muitas vezes têm boas avaliações, dominarão o processo de seleção, sendo escolhidos para pais várias vezes.

- # Métodos interessantes:
  - Vizinho mais próximo (Nearest-Neighbour)
    - Definem um valor baseado na distância entre o elemento e seu k-ésimo vizinho mais próximo;
    - Grande impacto em termos de tempo;
    - Podem começar apenas em gerações avançadas.
  - Histogramas
    - Definem uma hipergrade;
    - Vêem quantos elementos estão situados no mesmo hiper-espaço que o indivíduo corrente;
    - Hipergrade pode ser fixa ou variável

- # Uma vez determinada a função de densidade, esta pode ser incorporada à função de avaliação:
  - somada
  - multiplicada.
- # Deve-se fazer com que, conforme aumente a densidade em torno de um ponto, a sua função de avaliação diminua de forma proporcional.
- # Elementos isolados tenderão a ser selecionados de forma mais frequente
- # Convergência genética ocorrerá com menos força.