

Trabalho Prático I - 2024/2

Igor Lacerda Faria da Silva

1. Introdução

O Trabalho Prático I de Computação Natural consistiu na implementação de uma Programação Genética (PG) para uso como função de distância do algoritmo de *clustering* do *scikit-learn*. A métrica usada na avaliação foi o [V-Measure Score](#) (Métrica V). Foram utilizados duas bases de dados como referência: o [Breast Cancer](#) e o [Wine Red](#). O repositório deste trabalho pode ser encontrado neste [link](#).

A documentação está dividida da seguinte maneira: esta breve introdução descreve o que foi realizado, a Seção 2 descreve os detalhes de implementação, detalhes da representação, *fitness* e operadores utilizados; a Seção 3 é uma análise experimental dos impactos da mudança de parâmetros e a Seção 4 encerra o texto destacando algumas conclusões.

2. Implementação

Esta seção está dividida em duas grandes subseções. A Seção 2.1 apresenta diversas decisões de projeto e inclui instruções para instalação e execução do programa, enquanto a Seção 2.2, discorre em relação às decisões relacionadas à implementação da Programação Genética propriamente dita.

2.1. Arquitetura

A título de completude, esta seção detalha diversos aspectos de *software* da implementação. Primeiramente, a linguagem usada foi Python, versão 3.12.

2.1.1. Instalação

A forma recomendada de instalar as dependências do programa é usando o gerenciador de pacotes [uv](#). Com ele, basta rodar o comando a seguir para instalar as bibliotecas necessárias:

```
uv sync
```

2.1.2. Execução

Existem diversas maneiras de se executar o programa. A principal delas é via linha de comando. No entanto, devido à quantidade de parâmetros do programa, essa opção pode ser massante. De qualquer modo, o comando base, assumindo que o *uv* está sendo usado, é:

```
uv run python -m src ...
```

Em que as reticências denotam os parâmetros. Ao todo, existem 13 parâmetros, majoritariamente obrigatórios. A seguir, estes são listados:

- `--seed`, semente aleatória
- `--leaf-probability`, probabilidade de se gerar uma folha ao construir a árvore
- `--mutation-probability`, probabilidade de mutação
- `--swap-terminal-probability`, probabilidade de se trocar um terminal na mutação
- `--swap-operator-probability`, probabilidade de se trocar um operador na mutação
- `--crossover-probability`, probabilidade de cruzamento
- `--population-size`, tamanho da população

- `--tournament-size`, tamanho do torneio
- `--elitism-size`, tamanho do elitismo (tamanho 0 significa ausência de elitismo)
- `--max-generations`, quantidade de gerações
- `--max-depth`, profundidade máxima da árvore
- Banco de Dados (não possui *flag*). Deve ser especificado como `wine_red` ou `breast_cancer_coimbra`

O parâmetro restante controla se a saída deve ser verbosa ou não. A saída verbosa inclui as “Estatísticas Importantes” da especificação, enquanto que a versão não verbosa apenas imprime a Métrica V dos dados de teste. A corretude dos parâmetros é vastamente checada, por exemplo: o programa retorna uma exceção caso o tamanho do elitismo seja maior do que o número de indivíduos na população.

Devido à quantidade exorbitante de parâmetros, foram desenvolvidas algumas alternativas para execução. Apesar disso, para que elas funcionem corretamente, é necessário ter seguido os passos da Seção 2.1.1. A alternativa mais simples é rodar o programa pelo VS Code, através da configuração de depuração. Ela atribui aos parâmetros valores inspirados na especificação, que descreve parâmetros iniciais para começar os experimentos¹. Esta foi a principal forma de execução durante o desenvolvimento.

A segunda alternativa recomendada é através do [Jupyter](#). A partir do módulo `loader`, é definida uma configuração padrão para o programa (uma vez que não é possível passar os parâmetros diretamente via linha de comando no Jupyter). A finalidade dessa forma de execução foi permitir a visualização dos operadores genéticos, mas ela também pode ser usada para rodar o programa por completo.

Além disso, o programa também conta com alguns testes de unidade, com uso do *framework* [pytest](#)². Enquanto o Jupyter foi usado para testar funcionalidades de “mais alto nível”, os testes foram desenvolvidos para garantir que comportamentos mais simples não fossem “quebrados” no decorrer do projeto. Os testes podem ser executados com o comando

```
uv run python -m pytest
```

Para concluir, na fase de experimentação, foram desenvolvidos alguns *scripts* para facilitar a execução repetida do programa. Os *scripts* foram implementados para o *shell* [fish](#) e não são compatíveis com o `bash` e afins. Eles se encontram no diretório `./run`, na raiz do projeto (mais detalhes na Seção 2.1.3).

2.1.3. Estruturação dos Arquivos

O programa está dividido em módulos. A ideia era simplificar o *loop* principal do algoritmo, abstraindo detalhes de implementação. Assim, o *loop* principal chama uma função `select()` (que faz a seleção), implementada em outro arquivo (por exemplo). Essa modularidade torna o programa mais extensível, pois seria relativamente simples trocar as funções que implementam o cerne do algoritmo. Devido à modularização, ao todo são 18 arquivos de código-fonte³.

¹Por exemplo, probabilidade de cruzamento igual a 90%. Alguns parâmetros foram escolhidos arbitrariamente, por falta de referência. Para detalhes, [consultar](#) o arquivo.

²Que é uma das dependências do projeto, então não é necessário instalá-lo separadamente.

³Excluindo arquivos de teste e afins.

A estruturação do repositório como um todo (para além do código-fonte) também traz essa modularidade. Além do código fonte que se encontra na pasta `./src` (e desta documentação, em `./docs`), o projeto também conta com:

- `./test`, com os arquivos de teste;
- `./scripts`, com alguns programas simples para auxiliar na agregação de estatísticas e geração de gráficos;
- `./run`, com alguns *scripts* para execução do programa (ver final da Seção 2.1.2);
- `./data`, contém os *datasets Breast Cancer* e *Wine Red*;
- `./dumps`, com os relatórios brutos das execuções usadas para a Seção 3;
- `./assets`, contém as figuras e estatísticas agregadas usadas na Seção 3.

Ademais, alguns *notebooks* do Jupyter estão espalhados na raiz.

2.2. Programação Genética

Essa seção descreve as escolhas de implementação associadas à Programação Genética.

2.2.1. Preliminares

Antes de iniciar a discussão sobre a PG, duas decisões cruciais foram tomadas em relação a:

- Normalização dos Dados. Para evitar efeitos provenientes da diferença de escala entre as colunas, os dados foram normalizados. Mais especificamente, foi realizada a norma Max, por coluna. Assim, os valores de cada coluna variam entre 0 e 1, sendo que sempre vai existir ao menos um valor 1 por coluna. Outros métodos estatísticos foram considerados, como a transformação de [Box-Cox](#), mas eventualmente foram descartados (por exemplo, o Box-Cox introduz valores negativos que poderiam afetar o desempenho da PG).
- Cálculo das Distâncias. Para simplificar o cálculo da distância, a função gerada pela PG é, primeiro executada para uma instância do *dataset* e depois para outra. A distância final entre as instâncias é o valor absoluto da diferença. A base para essa decisão foi exclusivamente a simplicidade de implementação.

2.2.2. Representação de Indivíduos

Optou-se por representar um indivíduo como uma árvore binária, com suporte às quatro operações básicas (adição, subtração, divisão⁴ e multiplicação) e com os terminais sendo as *features* do *dataset*. Tal como a escolha do cálculo das distâncias, essa opção foi guiada pela simplicidade de implementação (apesar de pecar em poder de representação). Somente com os operadores básicos (operadores binários, no geral), os operadores genéticos são vastamente simplificados (mais detalhes na Seção 2.2.5).

A implementação da árvore não dependeu de bibliotecas. A árvore é gerada aleatoriamente (ver Seção 2.2.3) e, para se realizar a avaliação de uma dada coluna do *dataset*, é realizado um caminhamento na árvore, substituindo os terminais pelos valores da coluna. A árvore também conta com algumas operações de auxílio, como as funções `height`, `depth` e `traverse`. Além disso, possui um conversor para representação gráfica usando o [Graphviz](#)⁵.

⁴Naturalmente que foi usada a divisão protegida, substituindo 0 por um ϵ .

⁵Na seção de instalação não foi comentado, mas para usar essa representação, é necessário instalar o Graphviz separadamente.

2.2.3. Geração de Indivíduos

A geração de indivíduos também foi a mais simples possível. A abordagem utilizada é similar ao método *grow*, visto em sala de aula. Cada nó tem uma chance de ser um terminal (ou é garantido que será um terminal se for a profundidade máxima), caso contrário é escolhido um operador e seus filhos são gerados recursivamente. Uma abordagem mais balanceada, como o *ramped half-and-half* não foi considerada, por introduzir uma certa complexidade. Similarmente, o método *grow* introduz complexidade pois adiciona mais um parâmetro a mais no algoritmo: a chance de uma folha ser gerada (`--leaf-probability`, da Seção 2.1.2).

2.2.4. Seleção

Como definido na especificação, o método de seleção foi o torneio. A única questão notável aqui foi o esquema de substituição: os pais sempre substituem os filhos. Ou seja, não foi usado *crowding* ou mecanismo similar para lidar com diversidade.

2.2.5. Operadores Genéticos

Foram implementados os dois operadores genéticos tradicionais: cruzamento e mutação (possuindo 4 variantes). Como existem probabilidades associadas a essas operações, é possível que nenhuma delas aconteça e os indivíduos selecionados apenas sejam inseridos novamente na população (também é possível que ambas aconteçam).

2.2.5.1. Cruzamento

O cruzamento implementado seleciona um nó de cada árvore e faz a troca. Como a árvore é bem simples, não é necessária preocupação com a propriedade de fechamento. O único invariante que deve ser respeitado é a profundidade das árvores, que deve ser menor que o tamanho máximo do indivíduo. Para checar isso, as funções auxiliares mencionadas na Seção 2.2.2 são usadas. Mais especificamente, confere-se se a soma da altura de um nó com a profundidade do outro excede o limite. Como a árvore binária possui um nó para indicar o pai, certo cuidado é tomado para realizar corretamente a troca.

As figuras a seguir⁶, geradas com base na representação do Graphviz (ver Seção 2.2.2), ilustram um exemplo de cruzamento. Nelas, os nós destacados de vermelho indicam a troca.

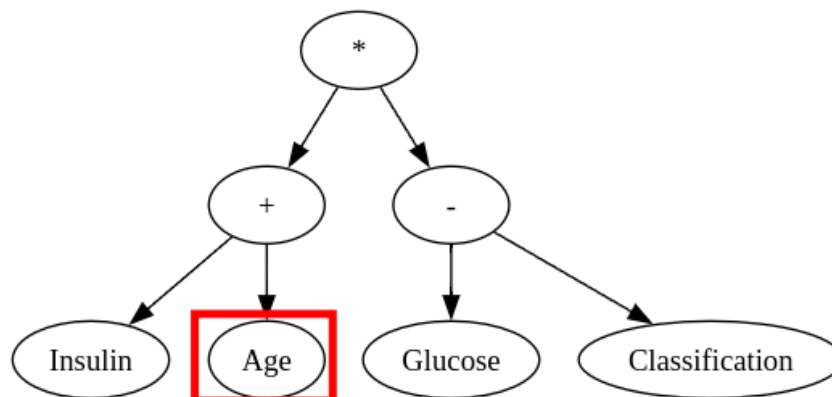


Figura 1: Cruzamento – Pai 1

⁶O exemplo foi didático (isto é, só troca folhas) para que as imagens não ocupassem muito espaço.

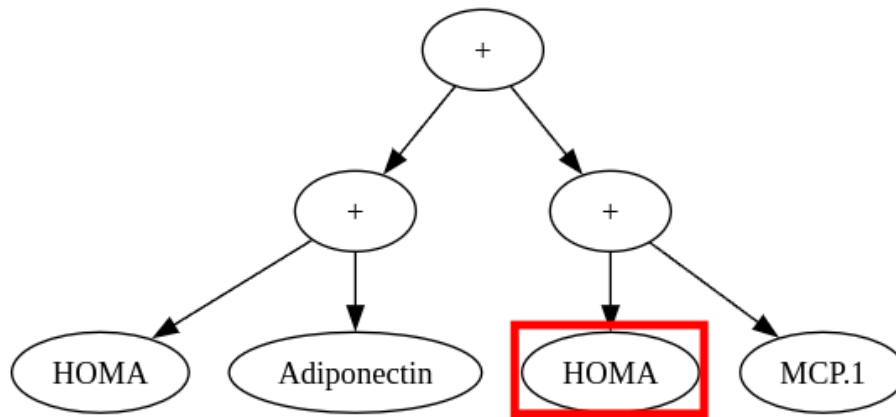


Figura 2: Cruzamento – Pai 2

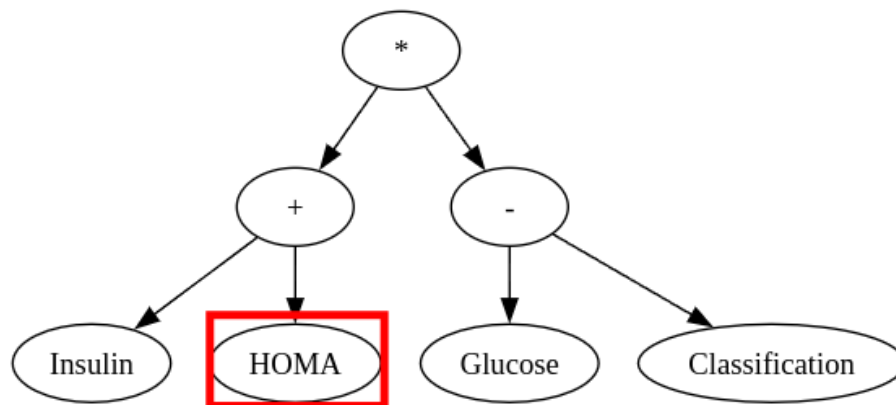


Figura 3: Cruzamento – Filho 1

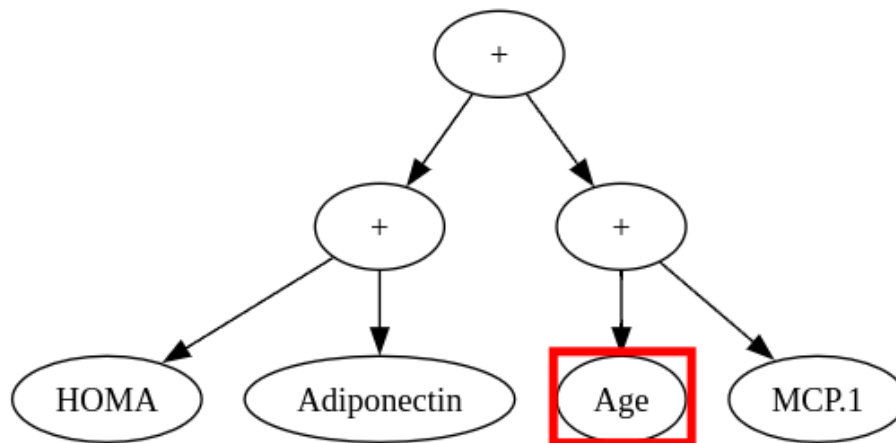


Figura 4: Cruzamento – Filho 2

2.2.5.2. Mutação

A mutação consiste na seleção e troca de apenas um nó da árvore gerada. Como comentado no início da seção, existem 4 variantes: duas ocorrem apenas para nós terminais, enquanto as outras duas apenas para operadores. Ambos os tipos de nós podem ser trocados por outro nó do tipo correspondente. Ou seja, a primeira variante é a troca de um operador por outro e a segunda variante é uma troca de um terminal por outro. É garantido que haverá troca, pois o nó correspondente é excluído da *pool* de seleção.

As outras variantes são: um terminal pode ser expandido em uma nova árvore e um operador pode ser reduzido para um único terminal. Para escolher qual mutação será aplicada a um dado nó, primeiro checa-se se o nó é um operador ou terminal e, em seguida, os parâmetros `--swap-terminal-probability` e `--swap-operator-probability` escolhem entre a troca “comum” ou a variante “especial”. Como no caso do cruzamento, o único invariante que pode causar problemas é a altura máxima do indivíduo, que é checada quando a expansão é escolhida: a altura da nova nova árvore é, no máximo, a altura máxima menos a profundidade do nó selecionado. A seguir, as figuras ilustram os diferentes tipos de mutação:

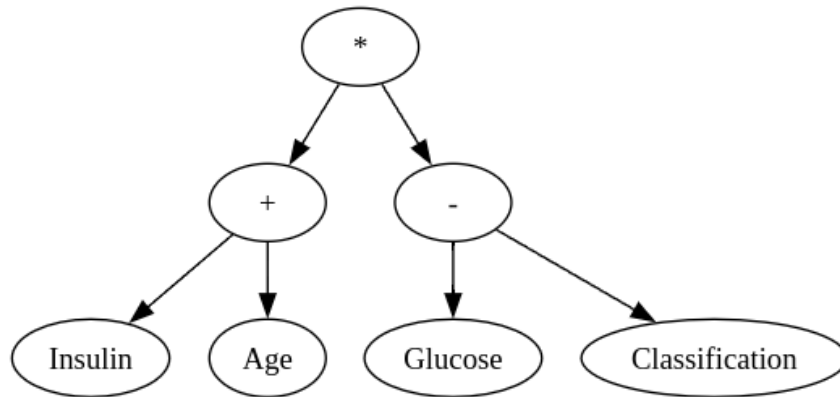


Figura 5: Mutação – Árvore Inicial

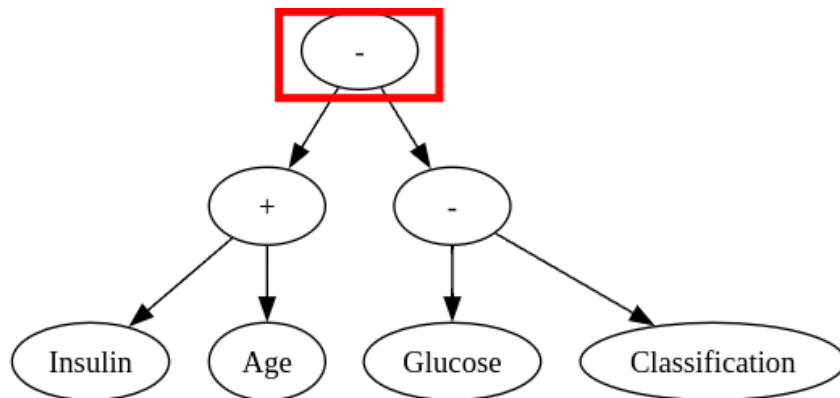


Figura 6: Mutação – Troca de Operador

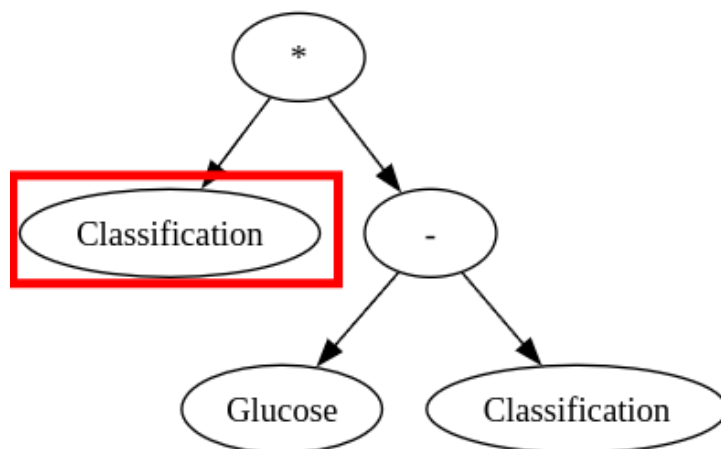


Figura 7: Mutação – Redução de Operador

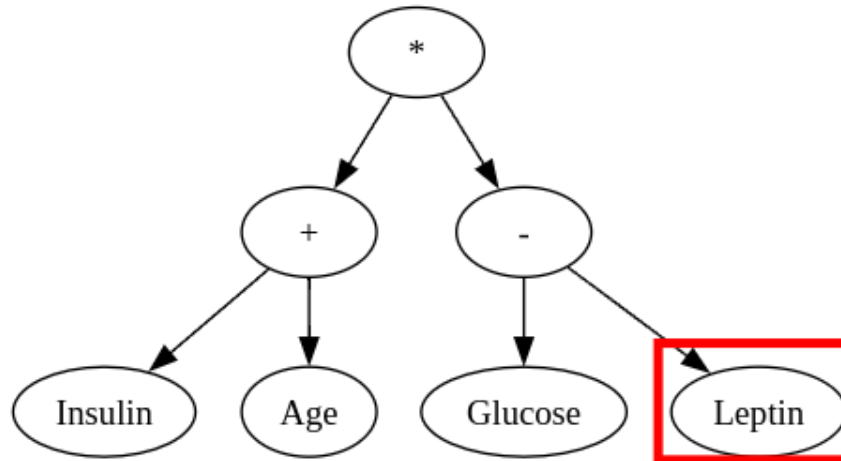


Figura 8: Mutação – Troca de Terminal

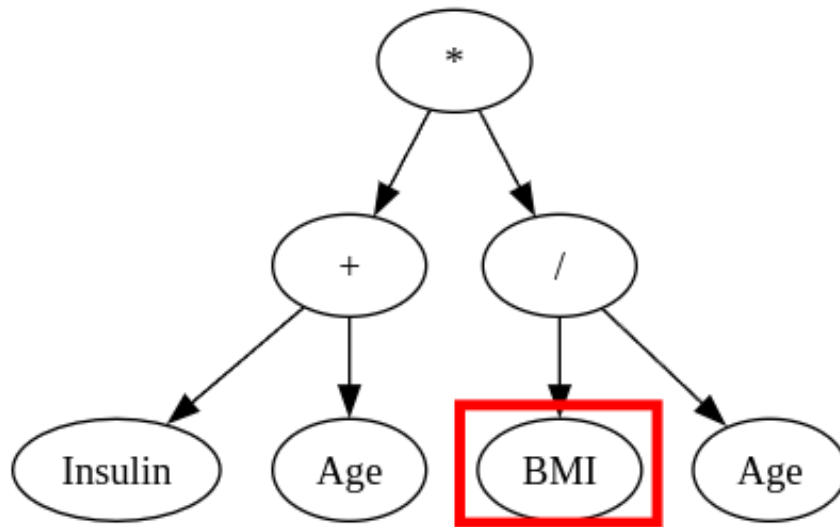


Figura 9: Mutação – Expansão de Subárvore

Como o tamanho máximo do indivíduo foi limitado a 3 na geração destas figuras, a Figura 8 e a Figura 9 demonstram uma grande similaridade, uma vez que a expansão da subárvore foi limitada a apenas um nó. Apesar do ganho em explorabilidade, a diversidade da mutação possui o custo de introduzir dois novos parâmetros.

2.2.6. *Fitness*

Além do comentário sobre o cálculo das distâncias da Seção 2.2.1, não há muito o que comentar sobre sua implementação. Tentou-se realizar o cálculo das distâncias com programação paralela (via [Numba](#)), mas não foram obtidos bons resultados⁷. De qualquer modo, o Numba foi usado para compilar a função de cálculo de distâncias, o que tornou a função mais rápida (a diferença é mais notável para instâncias maiores).

O cálculo da *fitness* funciona da seguinte maneira: primeiro, as avaliações das colunas são geradas, depois é calculada a matriz de distâncias (com base nas avaliações) e é feito um `fit_predict` no `AgglomerativeClustering` do `scikit-learn`. Por fim, é realizado o cálculo da Métrica V, comparando-se com as classes reais.

⁷Outra possibilidade de melhoramento de performance que não se mostrou promissora, foi o uso do compilador [pypy](#).

3. Experimentos

O roteiro de experimentação foi baseado no guia geral da especificação e é sumarizado aqui. Todos os dados gerados na execução dos experimentos se encontram no diretório `./dumps`, como apontado na Seção 2.1.3. Além disso, os experimentos são reproduzíveis, uma vez que a semente aleatória é um parâmetro não somente do próprio programa, como também dos *scripts* de execução (em `./run`). Ainda, quando a *flag* de verbosidade está habilitada, é possível recuperar todos os parâmetros de uma dada execução, pois esse artefato é registrado (e também está presente nos *dumps*).

Cada combinação de parâmetros foi repetida 10 vezes e todos os experimentos foram realizados a partir da modificação de apenas um parâmetro por vez. São analisados, principalmente, os gráficos da evolução da *fitness* (com melhor, média e pior), da quantidade de repetições e do desempenho dos filhos (quantidade melhorada ou não). A escolha dos parâmetros foi feita de forma iterativa: o primeiro parâmetro foi escolhido e fixado, depois o segundo e assim por diante. Uma análise mais detalhada, mas incompatível com o tempo proposto, seria retroativamente tunar os parâmetros: por exemplo, ao definir o terceiro parâmetro, checar se os anteriores ainda são os melhores.

Os experimentos foram realizados na base de câncer de mama (a outra base é testada na Seção 3.2). Como referência para este conjunto de dados, usando-se a distância euclidiana, a Métrica V tem valor igual a, aproximadamente, 0.1256. Em termos de notação, nesta seção $|N|$ é usado para se referir ao tamanho da população, $|G|$ ao número de gerações e $|T|$ ao tamanho do torneio.

3.1. Tuning de parâmetros

Esta subseção está dividida da seguinte maneira: a Seção 3.1.1 relata a escolha dos tamanho da população e o número de gerações; a Seção 3.1.2 a escolha de probabilidades de cruzamento e mutação; a Seção 3.1.3 o tamanho ideal do torneio e a Seção 3.1.4 o efeito da presença ou ausência de elitismo. A Seção 3.1.5 discute alguns parâmetros adicionais.

3.1.1. Tamanho da População e Número de Gerações

Primeiramente, foi decidido o tamanho da população, considerando as opções propostas no guia: **30**, **50**, **100** e **500**. Na rodada inicial, o restante dos parâmetros também foi baseado no guia, exceto os parâmetros adicionais do programa, que foram escolhidos arbitrariamente (`--leaf-probability 0.1 --swap-operator-probability 0.5 --swap-terminal-probability 0.5`). A única diferença notável foi o número de gerações, que foi configurado como **100**. A partir dos registros dessa primeira etapa, foram construídos os gráficos a seguir. A média das repetições é destacada, enquanto a região mais clara é o intervalo de 95% de confiança.

Figura 10: Evolução da *fitness*, $|N| = 30$ Figura 11: Evolução da *fitness*, $|N| = 50$

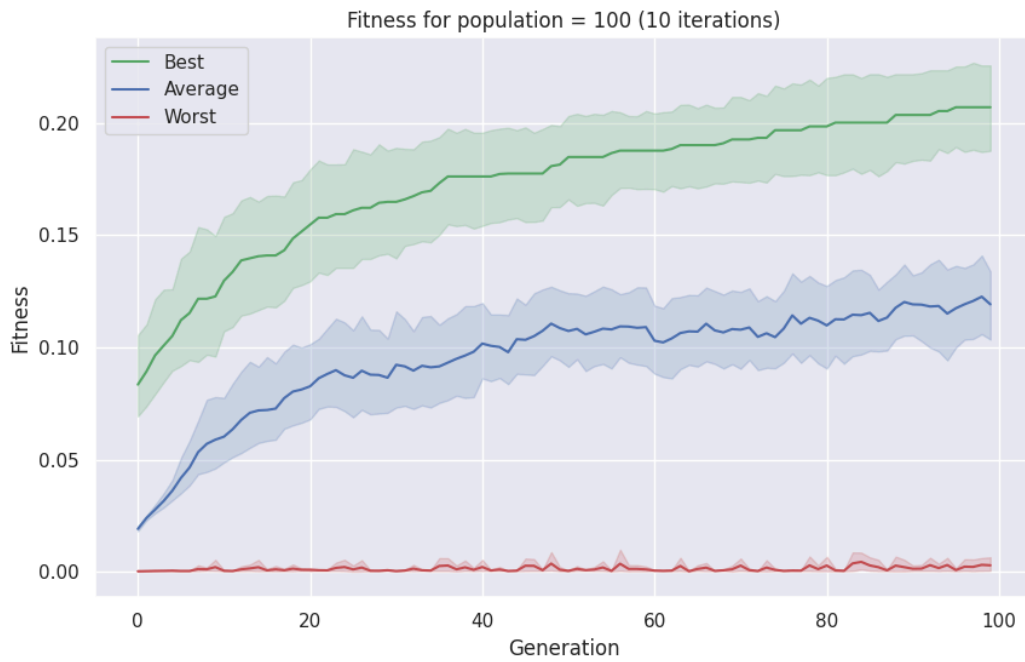


Figura 12: Evolução da *fitness*, $|N| = 100$

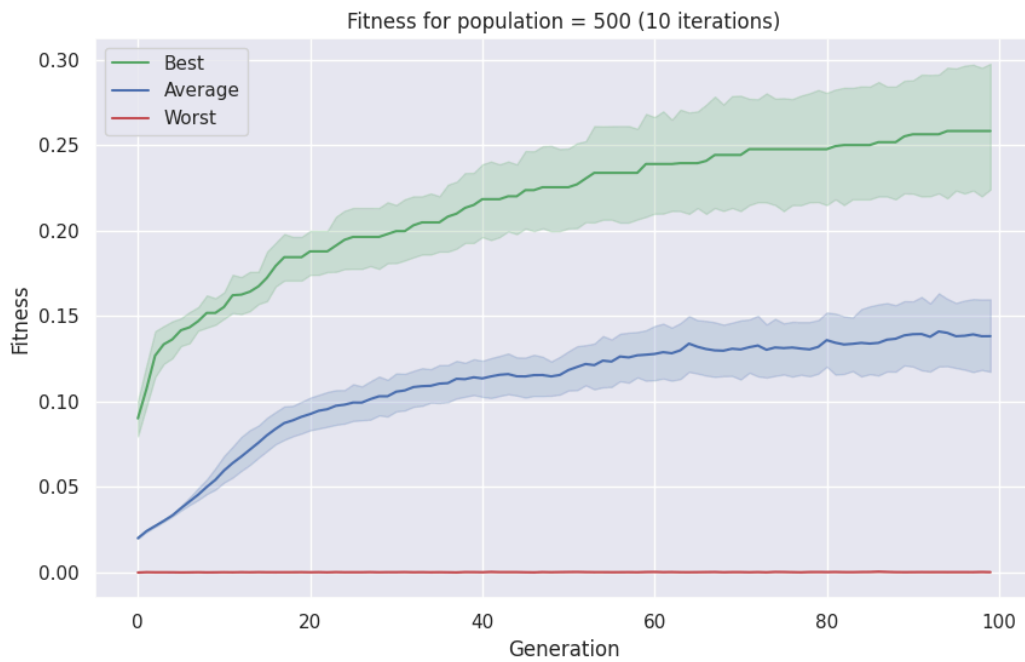


Figura 13: Evolução da *fitness*, $|N| = 500$

Como é possível ver logo na Figura 10, a *fitness* para 30 indivíduos por geração já é superior à *fitness* da distância euclidiana. Também é possível perceber que, felizmente, o formato das curvas está dentro do esperado: nas primeiras gerações, a *fitness* cresce consideravelmente e depois seu crescimento é mais lento. A *fitness* da média da população também tem um bom comportamento: ela não é muito próxima da curva de melhor *fitness*, o que indica que a população não convergiu.

Os gráficos de número de indivíduos repetidos também confirmam isso. Por uma questão de logística, este relatório não inclui todos os gráficos gerados (apesar de estarem disponíveis em `./assets`). De qualquer maneira, a título de completude, segue o gráfico para $|N| = 100$:

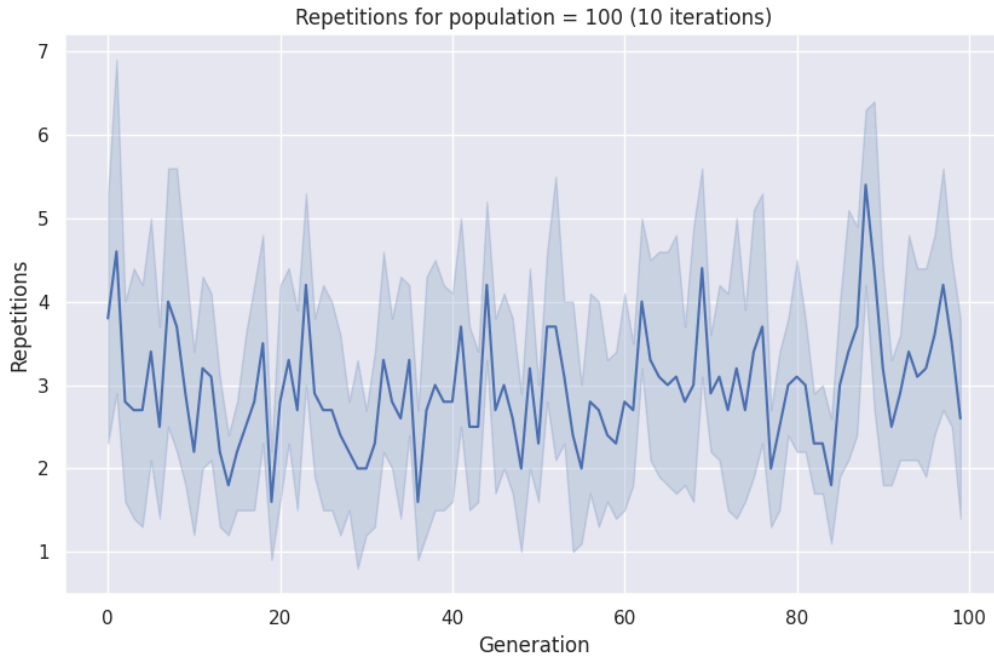


Figura 14: Quantidade de repetições, $|N| = 100$

Parece haver uma grande variância, mas isso é consequência da baixa quantidade de indivíduos repetidos. Como a pressão seletiva é baixíssima na configuração padrão ($|T| = 2$), o resultado é condizente. Tendo em vista, pela Figura 13, que $|N| = 500$ apresentou melhor resultado de *fitness* ($\simeq 0.25$), a um tempo de execução não muito caro ($\simeq 4$ minutos por cada repetição), a escolha para o tamanho da população inicialmente seria 500. No entanto, apesar do tempo relativamente curto para uma única execução, considerando-se o tempo de experimentação como um todo, **foi preferido o tamanho de população igual a 100**.

Uma situação semelhante aconteceu com a quantidade de gerações. Foram consideradas as quatro opções do guia: **30, 50, 100 e 500**. Com o número de indivíduos fixo em 100, foram realizadas 10 repetições para 500 gerações. A partir dessa rodada, é possível induzir as métricas para as outras quantidades de gerações.

Pela Figura 15, a quantidade de gerações possui um grande impacto na *fitness*. A primeira linha amarela é o corte para 30 gerações; a segunda o corte para 50 e, a última, o corte para 100. Existe um salto relativamente grande entre 30 gerações e 100 gerações e, considerando o custo computacional, faz sentido preferir a opção maior. Esse não é o caso com a variação de 100 gerações para 500, que é muito cara (especialmente considerando o contexto de múltiplas execuções dos experimentos), apesar da boa melhora em desempenho (de $\simeq 0.214$ a $\simeq 0.2482$). Assim, **foi selecionada a quantidade de gerações igual a 100**.

Devido ao *tuning* dos outros parâmetros não ter sido realizado a essa altura, os gráficos de relação com os filhos e quantidade de repetições ainda não trazem *insights* e, por isso, foram omitidos (apesar de estarem disponíveis no repositório).



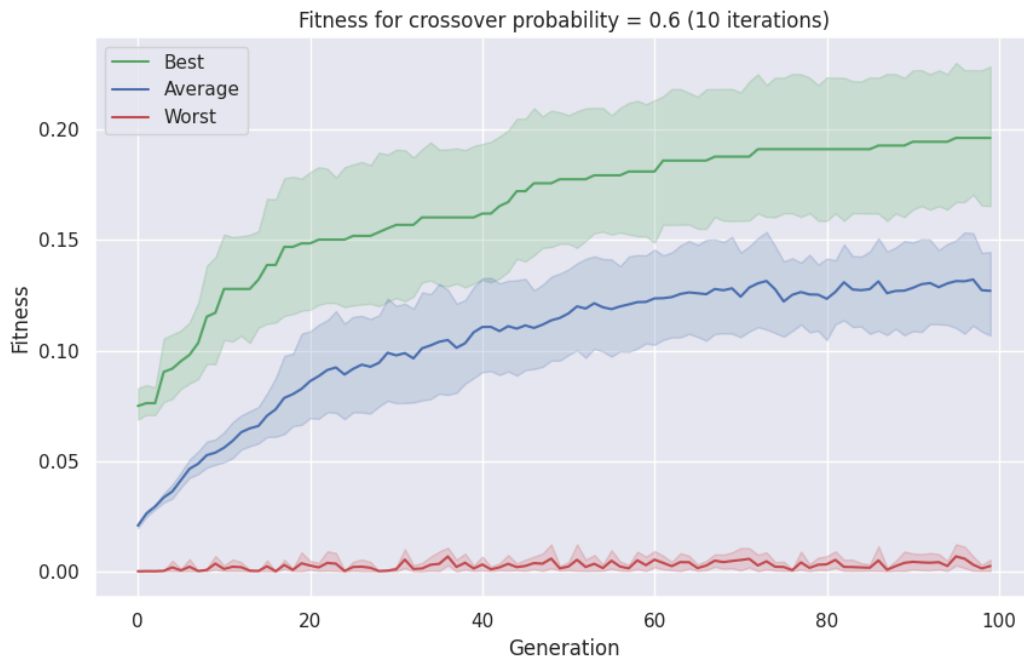
Figura 15: Evolução da *fitness*, até $|G| = 500$

3.1.2. Probabilidades de Cruzamento e Mutação

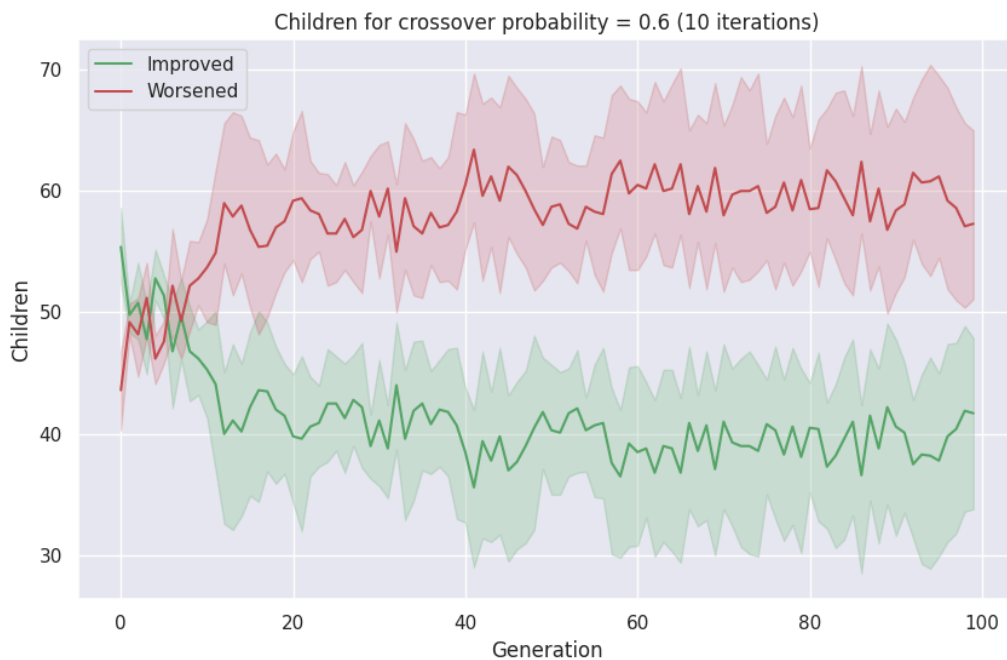
Com o tamanho da população fixo em 100 e o número de gerações também fixo em 100, foram realizados alguns experimentos para extrair as melhores probabilidades de cruzamento e mutação. As probabilidades relacionadas às variantes de mutação são discutidas na Seção 3.1.5. A configuração “padrão” (usada nos experimentos até então) possui alta taxa de cruzamento (0.9) e baixa taxa de mutação (0.05). Foram realizados testes para 3 outras combinações:

- Baixa taxa de cruzamento (0.6), mantendo a taxa de mutação;
- Alta taxa de mutação (0.3), mantendo a taxa de cruzamento;
- Ambas as mudanças anteriores, simultaneamente.

A evolução da *fitness* da configuração padrão pode ser vista na Figura 12, com *fitness* média final aproximadamente igual a 0.207. Ver os comentários da seção Seção 3.1.1 sobre as outras estatísticas. A seguir, as combinações são avaliadas uma a uma, em ordem, a partir dos gráficos gerados.

Figura 16: Evolução da *fitness*, *crossover* baixo

É perceptível que o desvio padrão aumentou em relação à configuração padrão. Além disso, o desempenho médio foi um pouco abaixo da configuração padrão, não atingindo 0.2. Analisando a performance dos filhos, é possível perceber nitidamente que a diversidade caiu (em alguns casos, metade da população está repetida) e há mais dificuldade da busca ser “guiada” para uma direção melhor.

Figura 17: Evolução dos filhos, *crossover* baixo

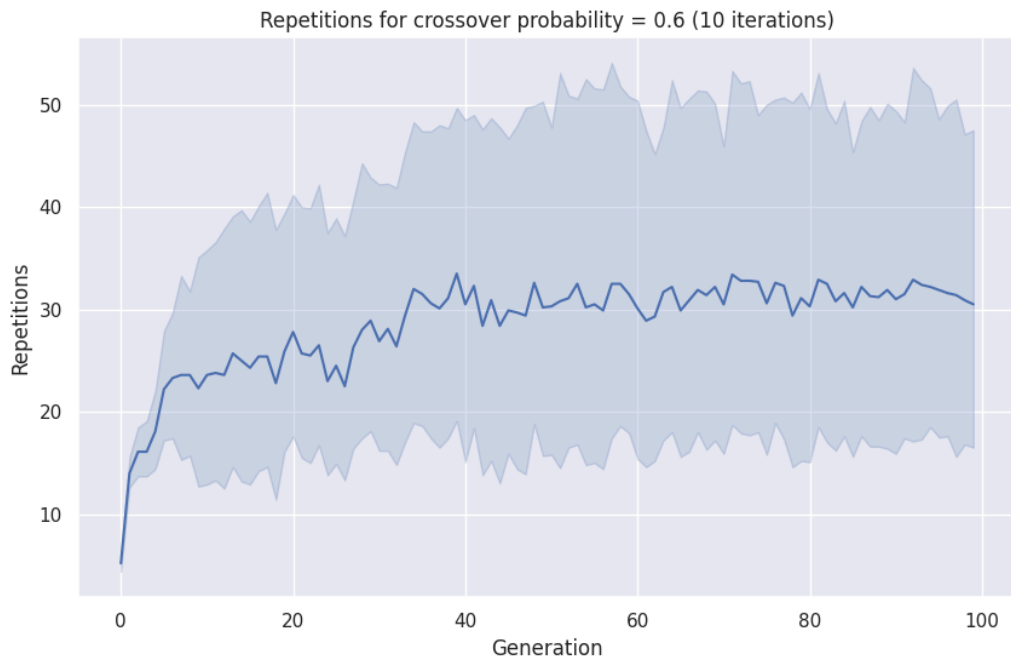


Figura 18: Quantidade de repetições, *crossover* baixo

Variando apenas a mutação, a história é diferente. A *fitness* original foi batida (embora não por muito): o valor ficou como 0.216, na média. No entanto, o *plot* da evolução dos filhos continuou completamente caótico e, devido à grande chance de alteração, o número de indivíduos repetidos foi extremamente baixo, beirando apenas uma ou duas repetições.

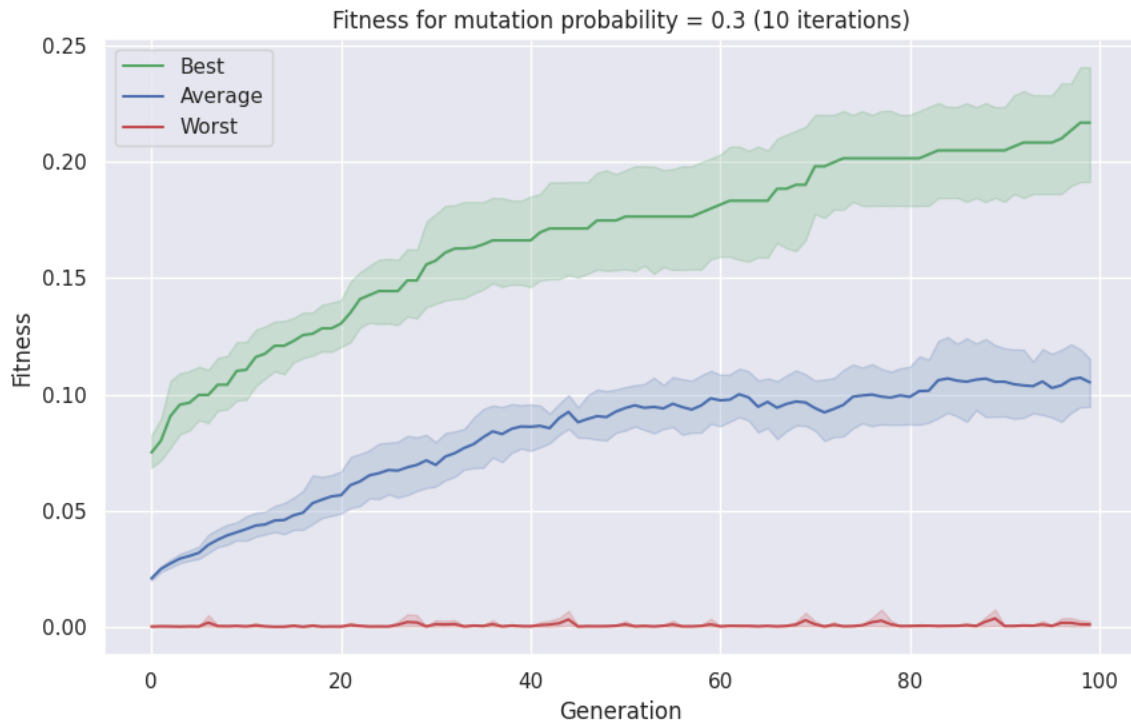


Figura 19: Evolução da *fitness*, mutação alta

Por fim, ambas as modificações foram aplicadas, para realizar a comparação “cruzada”. Em resumo, não houve melhora, com média 0.20. De fato, os efeitos observados foram uma combinação dos casos anteriores: o comportamento dos filhos foi consistente em piorar e houve baixa repetição, por volta de 8 indivíduos (as figuras estão disponíveis no repositório). Então, a decisão foi **manter a taxa alta de cruzamento (0.9) mas aumentar a taxa de mutação para 0.3**.

3.1.3. Tamanho do Torneio

Na configuração padrão, o tamanho do torneio é 2, ou seja, há uma baixa pressão seletiva. Tentou-se aumentar o tamanho do torneio para 5, para avaliar uma pressão seletiva mais alta. A execução referência, agora é a representada pela Figura 19, devido à escolha dos parâmetros de operadores. O aumento de pressão seletiva pouco melhorou os resultados: a nova média obtida foi 0.223. Apesar da pequena diferença neste quesito, as outras estatísticas apresentam comportamentos bastante distintos.

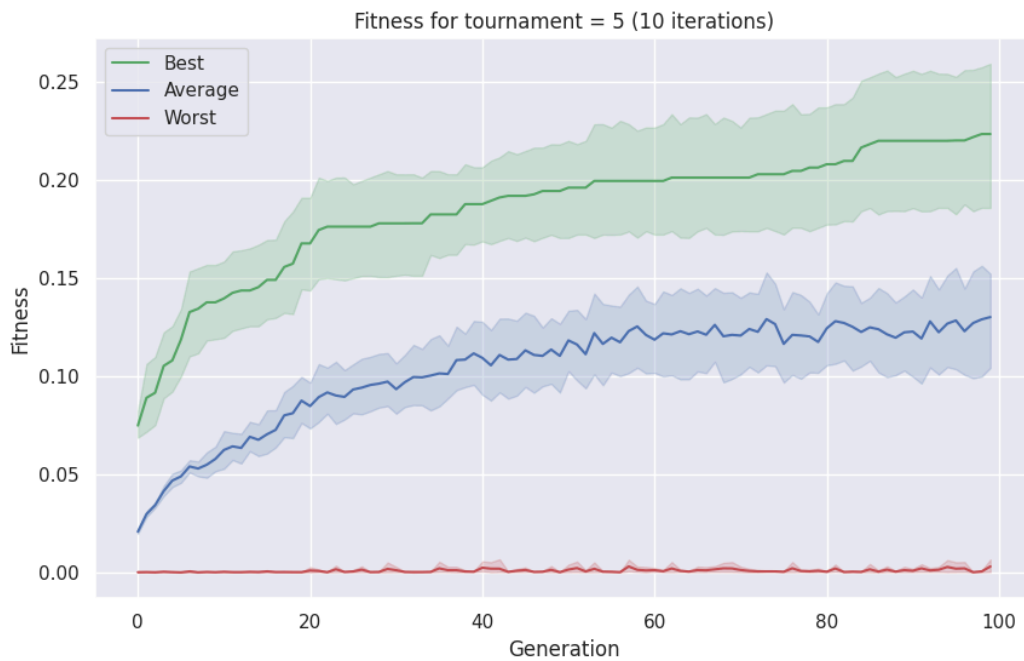


Figura 20: Evolução da *fitness*, $|T| = 5$

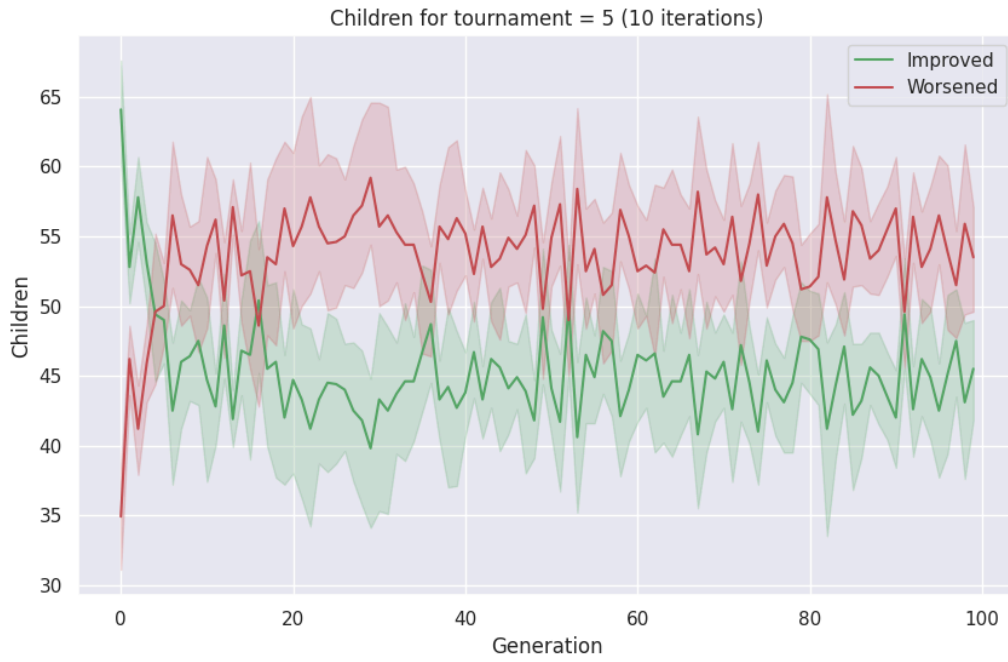


Figura 21: Evolução dos filhos, $|T| = 5$

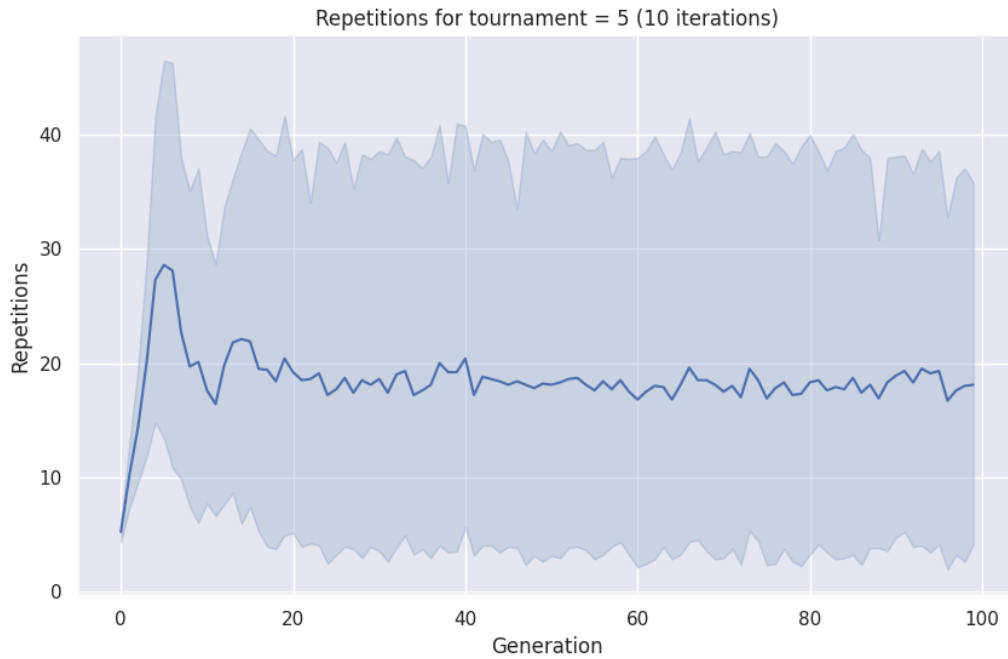


Figura 22: Quantidade de repetições, $|T| = 5$

É notável a imensa variância do número de repetições. De fato, o desvio padrão ficou por volta de 30, na maioria das gerações⁸. Esse é um indicio de que o algoritmo não é bem comportado com esse parâmetro. Por outro lado, a evolução dos filhos foi mais consistente se comparada à rodada de referência.

⁸Todos os desvios padrão, de todas as estatísticas das execuções, divididos por geração, se encontram na pasta `./assets/statistics`.

Apesar da pequena melhora, **optou-se por manter $|T| = 2$** , para evitar reduzir a confiabilidade do programa (evitar a variância mais elevada). Com isso, quase todos os parâmetros já foram definidos, faltando somente a ausência ou presença do elitismo.

3.1.4. Elitismo

Todos os experimentos anteriores usaram elitismo, copiando exclusivamente o melhor indivíduo para a próxima geração. Nesta seção, o intuito é observar o impacto da ausência de elitismo. Aqui, o foco é a *fitness*.

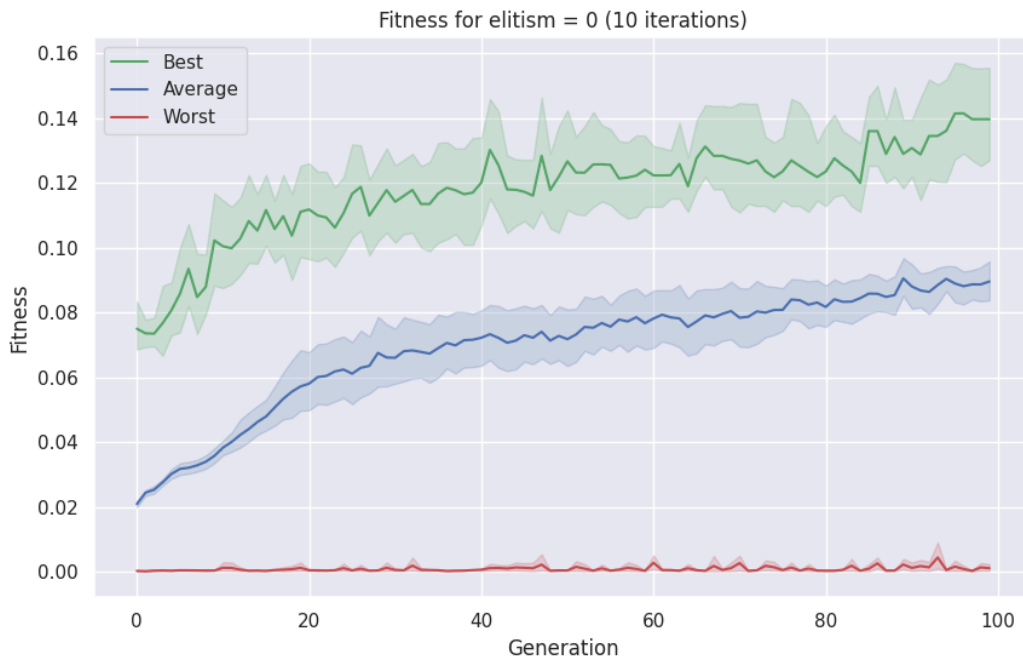


Figura 23: Evolução da *fitness*, sem elitismo

Relembrando, a referência para comparação é a Figura 19. É evidente que o elitismo possui um grande papel no desempenho do algoritmo, uma vez que a média caiu de 0.216 para 0.139. É até surpreendente o impacto ser tão elevado. Naturalmente, o elitismo foi mantido.

3.1.5. Miscelânea

Nesta subseção, os demais parâmetros são tunados: a chance de se gerar uma folha antes do tamanho máximo (--leaf-probability, Seção 3.1.5.1) e as variantes de mutação (--swap-operator-probability e --swap-terminal-probability, Seção 3.1.5.2). Como esses parâmetros não estavam presentes no guia de sugestão, os valores foram, em sua maioria, baseados em testes empíricos preliminares.

3.1.5.1. Folhas

O valor padrão para esse parâmetro foi, até então 0.1: a ideia era que o algoritmo fosse capaz de gerar árvores com profundidades relativamente grandes, uma vez que probabilidades maiores (como 50%), podem encerrar a geração prematuramente. No entanto, é também interessante explorar árvores menores, uma vez que as árvores grandes podem acabar causando um *overfitting* nos dados de treino. De fato, muitas árvores apesar de boas no treino, não conseguiam separar muito bem os dados de teste.

Além disso, respondendo à pergunta da especificação: **não existe** maneira simples de se medir o *bloating* no algoritmo proposto. Mas essa questão está intimamente ligada ao `--leaf-probability`, uma vez que há mais chance de introduzir operadores redundantes em árvores maiores. A partir dessas considerações, foram testados 5 valores para o parâmetro: **0.05, 0.2, 0.3, 0.4 e 0.5**. Como essa seção é específica da implementação, apenas as conclusões chave são destacadas aqui.

Para os valores próximos do padrão (0.05 e 0.2), não houve diferença significativa em nenhum aspecto. Para os outros casos, houve uma degradação mais significativa da *fitness*, e comportamentos como aumento de repetições foram mais comuns (o que é esperado pelo tamanho das árvores). Na realidade, para 0.5, as árvores são tão pequenas que eventualmente os operadores genéticos tomam conta (Figura 24), aumentando a diversidade (via expansão de nó). Assim, **a probabilidade 0.1 foi mantida**.

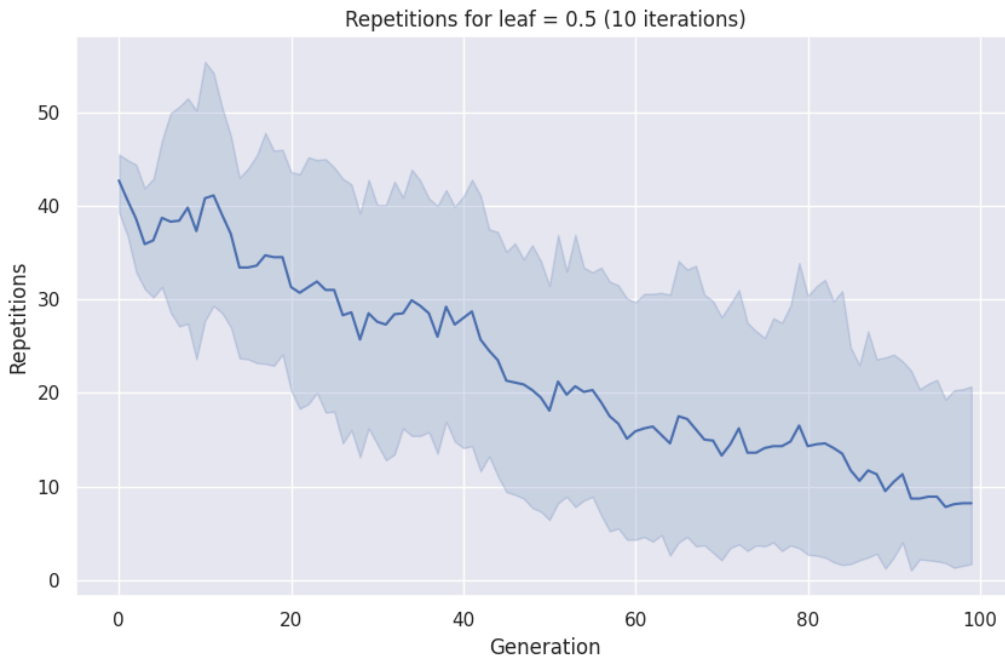


Figura 24: Evolução da *fitness*, sem elitismo

3.1.5.2. Variante de Mutação

Para finalizar o ajuste de parâmetros, foram testadas algumas modificações das probabilidades de troca da mutação, que por padrão, ambas tinham valor igual a 0.5. Como foi visto na seção anterior (Seção 3.1.5.1), a expansão pode ser muito importante em algumas situações. Relembrando, em uma mutação, um nó é escolhido e ele tanto pode ser trocado por outro nó do mesmo tipo, ou ser expandido ou reduzido, a depender se for um terminal ou não (e as probabilidades desses eventos acontecerem são controladas por `--swap-operator-probability` e `--swap-terminal-probability`). Inicialmente, este era apenas um único parâmetro, mas averiguou-se que poderia ser mais interessante ter um controle mais fino.

Nos testes a seguir, primeiro é explorada a variação de `--swap-operator-probability`, com duas alternativas: baixa (0.2) e alta (0.8). Depois, a melhor escolha é fixada e as mesmas opções são testadas com o outro parâmetro. Pela especificidade, somente pontos chave são destacados.

Ambas as alternativas foram piores do que a opção padrão. As médias de *fitness* foram 0.204 (probabilidade baixa) e 0.194 (probabilidade alta). Por fim, o *tuning*, do `--swap-terminal-probability` trouxe resultados semelhantes, e não houve melhora. As médias de *fitness* foram 0.195 (probabilidade baixa) e 0.184 (probabilidade alta). Portanto, **ambos os parâmetros foram mantidos em 0.5**.

3.2. Teste

A melhor combinação de parâmetros foi⁹:

```
... --swap-terminal-probability 0.5 --swap-operator-probability 0.5 --leaf-
probability 0.1 --crossover-probability 0.9 --mutation-probability 0.3 --
tournament-size 2 --elitism-size 1 --max-generations 100 --population-size 100
--max-depth 7
```

Ao final, a média das execuções com esses parâmetros foi 0.216 para o treino ($\sigma \simeq 0.04$) e 0.11 para o teste ($\sigma \simeq 0.08$). Na melhor execução com esses parâmetros, o resultado foi: 0.278 para o treino e 0.125 para o teste. No entanto, ao longo dos experimentos, o melhor resultado global para execução **única** foi gerado a partir dos parâmetros:

```
... --swap-terminal-probability 0.5 --swap-operator-probability 0.5 --leaf-
probability 0.1 --crossover-probability 0.9 --mutation-probability 0.05 --
tournament-size 2 --elitism-size 1 --max-generations 500 --population-size 500
--max-depth 7
```

Com incríveis 0.406 no treino, 0.295 no teste e rodando apenas por 15 minutos, essa execução mostra que a representação, apesar de simples, é muito poderosa. Como os parâmetros de gerações e população eram muito grandes, não foi considerado prático rodar todos os experimentos assim (ver comentários da Seção 3.1.1).

Os melhores parâmetros também foram usados na base de vinhos (em que a distância euclidiana tem Métrica V igual a 0.04). Nela, os resultados foram: XXX para o treino ($\sigma \simeq \text{XXX}$) e XXX para o teste ($\sigma \simeq \text{XXX}$). A melhor execução obteve XXX no treino e XXX no teste.

4. Conclusões

5. Bibliografia

GISELE PAPPA. COMPNAT - Algoritmos Evolucionários. , 2020. Disponível em: <<https://www.youtube.com/playlist?list=PL0MR3mWLgMXiSDwqTf7S7G9ev0hFxfjDMV>>

⁹Lembrando que, para este *dataset*, a Métrica V do teste é 0.1256.