**Instituto Politécnico de Tomar**



Índice

[Roleta – Seleção 4](#_Toc326416829)

[Uniforme –Crossover –Recombinação 7](#_Toc326416830)

[Esquema 1 7](#_Toc326416831)

[Esquema 2 7](#_Toc326416832)

[Observação /Problema 8](#_Toc326416833)

[Operados treincation –substituição 8](#_Toc326416834)

[Mochila :Problema 9](#_Toc326416835)

[Reparação: aleatório 10](#_Toc326416836)

[Reparação:Psenda - Aleatória 11](#_Toc326416837)

[Problema do caixeiro viajante 12](#_Toc326416838)

[Descrição 12](#_Toc326416839)

[Esquemas: 12](#_Toc326416840)

[Cálculo do Fitness: 13](#_Toc326416841)

[Reparar /Mitigar Programa 14](#_Toc326416842)

[Order Crossover 15](#_Toc326416843)

[Descrição 15](#_Toc326416844)

[Esquema 15](#_Toc326416845)

[SUS – Problema de Minimização 17](#_Toc326416846)

[Esquema 17](#_Toc326416847)

[Comparação de valores: 18](#_Toc326416848)

[SwapGenes: Mutação 18](#_Toc326416849)

[Descrição 18](#_Toc326416850)

[Esquemas 18](#_Toc326416851)

[Função de avaliação 19](#_Toc326416852)

[Valor do indivíduo 20](#_Toc326416853)

[Seleção 20](#_Toc326416854)

[Recombinação 20](#_Toc326416855)

[Mutação 21](#_Toc326416856)

[Intermediate recombination 21](#_Toc326416857)

[Fluxogramas 23](#_Toc326416858)

[Fitness Penalização 23](#_Toc326416859)

[Reparação Aleatória 24](#_Toc326416860)

[Reparação Pseudo Aleatória 24](#_Toc326416861)

[Operador Roleta 25](#_Toc326416862)

[Operador Crossover 25](#_Toc326416863)

[Operador SUS 27](#_Toc326416864)

[Operador Truncation 27](#_Toc326416865)

[Crossover 28](#_Toc326416866)

[Invertion Mutation 29](#_Toc326416867)

[Mutation 30](#_Toc326416868)

[PMX 31](#_Toc326416869)

[Crossover 32](#_Toc326416870)

[Mutação Binaria 33](#_Toc326416871)

[P.S.O 34](#_Toc326416872)

[Recombinação Binaria 34](#_Toc326416873)

[Pseudo-codigo 36](#_Toc326416874)

[Fitness Penalização 36](#_Toc326416875)

[Reparação aleatória 36](#_Toc326416876)

[Reparação aleatória 37](#_Toc326416877)

[Operador crossover 37](#_Toc326416878)

[Operador Roleta 38](#_Toc326416879)

[Operador SUS 38](#_Toc326416880)

[Operador Truncation 39](#_Toc326416881)

[Crossover 40](#_Toc326416882)

[Invertion Mutation 41](#_Toc326416883)

[Mutation 41](#_Toc326416884)

[PMX 42](#_Toc326416885)

[SUS Minimização 42](#_Toc326416886)

[Crossover 43](#_Toc326416887)

[Mutação binaria 43](#_Toc326416888)

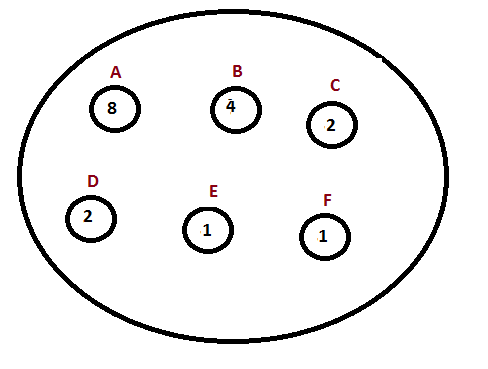
[PSO 44](#_Toc326416889)

[Recombinacao\_binaria 44](#_Toc326416890)

## Roleta – Seleção

1. Atribuir uma percentagem a cada individuo de uma população com base no fitness e no total de fitness da população ;
2. Juntar os indivíduos em linha de forma a criar percentagens acumuladas, com base na ordem dos indivíduos;
3. Gerar um numero real aleatório entre 0 e1
4. Selecionam o individuo para onde o número aponta;
5. Repetir os passos 3º e 4º ate ter o número de indivíduos pretendidos.

Exemplo: Selecionam 4 indivíduos numa população de 6 indivíduos.



|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | A | B | C | D | E | F |

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 0,2 | 0,1 | 0,69 | 0,5 |
| A | A | C | B |

1. Juntos todos os indivíduos de uma população pela ordem que se encontram, de forma a fazer uma linha com os indivíduos

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Indi A** | **Indi B** | **Indi C** | **Indi D** | … **N Individuos** |

1. Fazer a soma do fitness do individuo anterior ao ser, com base na ordem em que se encontram na linha;
2. Obter o total do somatório de todos os fitness, o fitness do ultimo indivíduo, pois é o acumulado de todos os indivíduos;
3. Gerar um ponto aleatório, inteiro ou real, dentro do intervalo 0 e total do fitness de todos os indivíduos, para ser o nosso ponto de partida;
4. Definir qual vai ser o offset que se vai acrescentar ao ponto de partido. Calcula através

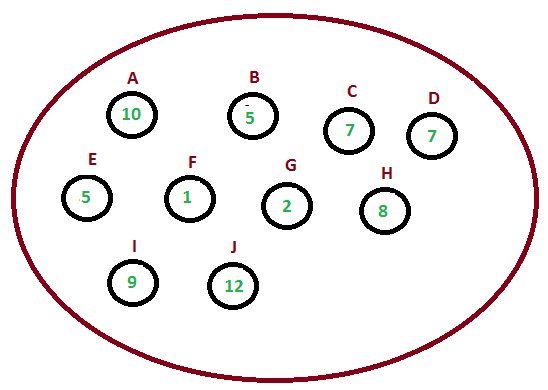
Total fitness

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

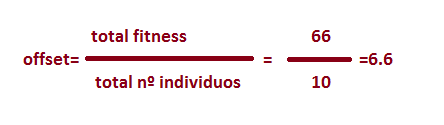
Total nº indivíduos

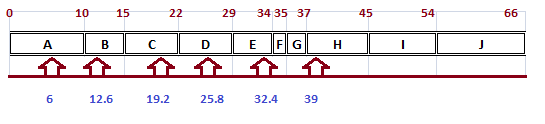
1. Selecionar o individuo para onde o ponto aponta;
2. Somar ao ponto o offset;
3. Repetir os pontos 6º e 7º ate obter o numero de indivíduos selecionados pretendidos;
4. Caso se atinja o fim da linha de indivíduos então volta se ao inicio da linha

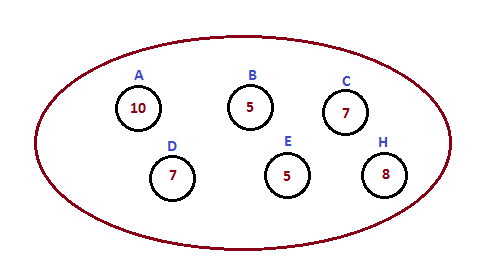
Exemplo: população 10 indivíduos e devemos escolher 6 indivíduos para reprodução



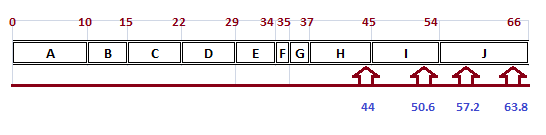
***População***

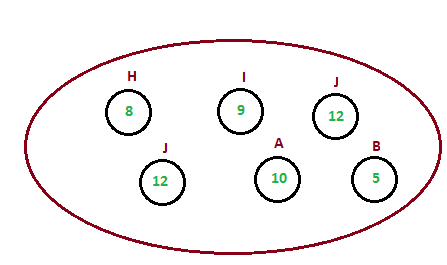






**Indivíduos selecionados**



**Indivíduos Selecionados**

# Uniforme –Crossover –Recombinação

1. Ter dois indivíduos, um “pai” e uma “mãe ”
2. Gerar uma cadeia de bits, ou mascara, para determinar quais os bits que não ser traçados;

Nota: A mascara tem que ter as mesmas dimensões do gene dos indivíduos pais

1. Para cada bit a “1” na mascara vai haver uma troca

Exemplo: Dois pais com gemes de tamanho de 10 bits e gerar dois filhos usando o operador uniform – crossover .

### Esquema 1

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Pai | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  | pais |
| Mãe | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
|  | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | mascara |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| Filho1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  | filhos |
| Filho2 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |  |

### Esquema 2

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Pai | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  | pais |
| Mãe | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
|  | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | mascara |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| filho | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  | filhos |
| filha | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |  |

## Observação /Problema

Se a mascara for toda a “0” o indivíduos filho vai ser igual ao pai e o individuo filha vai ser igual a mãe.

Solução

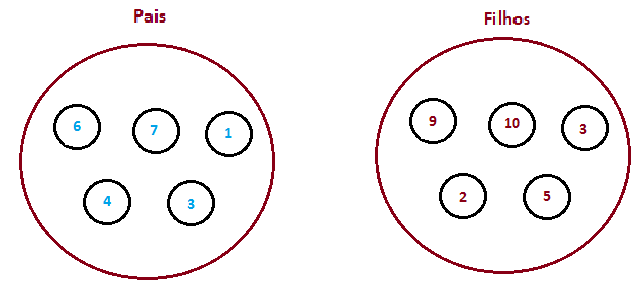
Garantir que 50% dos bits da mascara são a “1” e os restantes a “0”.

Os 50% referidos anterior mente pode ser um parâmetro deste operada, sendo 50% o valor recomendado por defeito

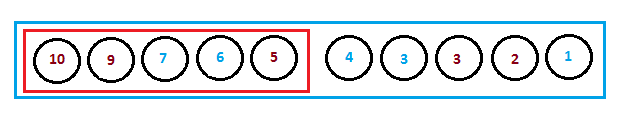
## Operados treincation –substituição

1. Ter duas populações, ou mais para aplicar o operador;
2. Juntar os varias populações numa só
3. Ordenar, com base no fitness de cada individuo, de forma descendente
4. Selecionar os indivíduos que surgem primeiro e criar uma nova população

Exemplo: Duas populações com 5 indivíduos cada, onde se quer criar uma nova população com 5 indivíduos



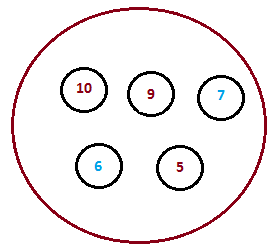
Indivíduos ordenados

 Os indivíduos das

duas populações

juntos e ordenados

Os 5 primeiros indivíduos



Nova os 5 indivíduos

População com melhor fitness

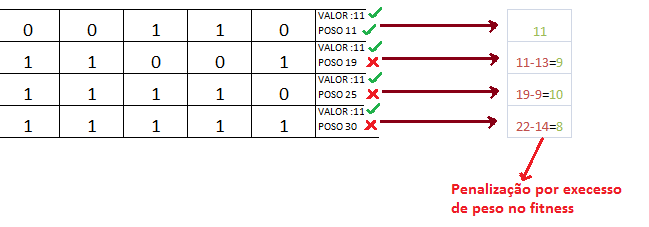
selecionado

# Mochila :Problema

Problema: levar o maior número de peças na mochila, que tem um limite de peso, mas ao mesmo tempo levar o maior valor na mochila.

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Peso | 10 | 4 | 1 | 10 | 5 |
| Valor | 5 | 3 | 10 | 1 | 3 |

Máximo peso possível na mochila: 16

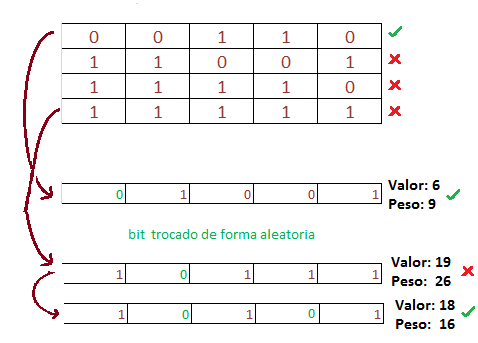


Tipos de penalizações

Linear: -31=3 (usada no exemplo anterior)

Quadrática: -32=9

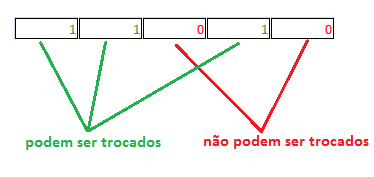
### Reparação: aleatório



Repetir o processo ate ter um peso aceitável

Só troca os bits que estão a “1”, pois são esses que estão a fazer a indivíduos / mochila ter peso a mais.

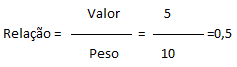
Exemplo: dos bits que podem ser trocados na reparação:



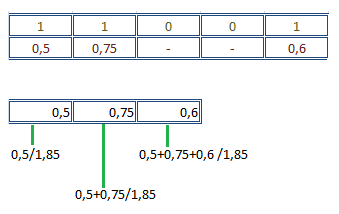
# Reparação:Psenda - Aleatória

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Peso | 10 | 4 | 1 | 10 | 5 |
| Valor | 5 | 3 | 10 | 1 | 3 |
| Valor/Peso | 0,5 | 0,75 | 10 | 0,1 | 0,6 |

Calculo de Relação



Exemplo:



Atenção: Não podemos

usar dessa forma tão

direta porque as peças

com melhor relação

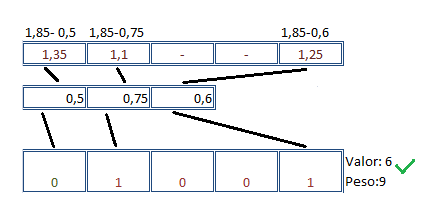
Valor /peso ficam com a

maior probabilidade de

serem escolhidos para

saírem da mochila.

Então:



# Problema do caixeiro viajante

Descrição**:**

**Problema de complexidade n!. Procura-se encontrar um, ou mais caminhos, para percorrer todas as cidades e voltar ao ponto de origem, sem nunca passar numa cidade duas vezes e obter o caminho com menos custo.**

### Esquemas:

* **Tamanho de gene igual ao numero de cidades;**
* **As cidades são indexadas para que as suas representações sujam números inteiros;**
* **As ordem com que os alelos aparecem no gene n2 a mesma ordem por qual passamos nas cidades.**

**Representação Caminhos Custo**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **A** | **B** | **C** | **D** |
| **A** | **-** | **2** | **4** | **1** |
| **B** | **2** | **-** | **1** | **5** |
| **C** | **4** | **1** | **-** | **3** |
| **D** | **1** | **5** | **3** | **-** |

2

4

5

3

**Representação Gene**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **0** | **1** | **2** | **3** |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Cidade | A | B | C | D |
| Índex | 0 | 1 | 2 | 3 |

Ordem:

Cidade A

Cidade B

Cidade C

Cidade D

Cidade A

## Cálculo do Fitness:

* Exemplo 1

A

B

C

D

A

2

1

3

1

+

+

+

=

7

Fitness

Representação do caminho

* Exemplo 2

D

B

A

C

D

5

2

4

3

+

+

+

=

14

Fitness

Representação do caminho

**São sempre o mesmo caminho,**

**começam é em pontos diferentes**

## Reparar /Mitigar Programa

**Pegar na cidade e por como primeira cidade através de uma rotação, para o mesmo caminho só ter uma representação.**

**Transforma-se numa única**

**representação**

**fazemos isso, só partir o gene em dois no ponto onde aparece o , depois criamos um novo gene com a( 2º parte) em primeiro e a ( 1º parte) em segundo, e assim fica o sempre como cidade de partida.**

# Order Crossover

### Descrição

**Uma parte do pai é mapeado para uma porção da mãe. A partir da porção substituída, o resto dos genes são preenchidos mas omitindo os genes já presentes e respeitando a ordem com que eles se encontram.**

## Esquema

**Pai**

**Ordem pela qual se lê quando**

**se chaga ao fim do gene**

**Mãe**

**Divisão feita num ponto Aleatório**

**Os genes do lado esquerdo são**

**iguais aos dos pais**

**Filho**

**Filha**

**Não podem ser escolhidos logo escolhe se os**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **2** | **3** | **0** | **1** |

**porque já existe genes com que ainda não**

**esses valores aparecem no individuo**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **1** | **3** | **0** | **2** |

**Código**

Entra (Individuo pai, mae Individuo)

dim: = TAMANHO (pai.genes [])

corte: = aleatorio ([1; dim-1])

Pará i: = 0 comeu i <corte

filho.gene [i]: = pai.gene [i]

filha.gene [i]: = mae.gene [i]

i: = i +1

n J: = corte comeu j <dim

filho.gene [j]: = Procura (j, mae.gene [], filho.gene [])

filha.gene [j]: = Procura (j, pai.gene [], filha.gene [])

j: = j +1

sai (Individuo Filho, Individuo FILHA)

Procura (pos, progenitor.gene [], descendente.gene [])

p: = pos-1

q: = pos

enquanto (p> = 0)

se (descendente.gene [p] = progenitor.gene [q]) entao

q: = q +1

q: = q% TAMANHO (progenitor.gene [])

p: = pos

p: p-1 =

Retorna progenitor.gene [q]

# SUS – Problema de Minimização

## Esquema

População

**I**

**J**

**H**

**G**

**F**

**E**

**D**

**A**

**C**

**B**

Max(população) = 12

Min(população) = 1

Pseudo-código: Cálculo do novo Fitness:

inteiro converterFitness (população, fitness)

MaxFitness := Max(população) + 1

return MaxFitness – fitness

## Comparação de valores:

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | A | B | C | D | E | F | G | H | I | J |
| Fitness | 10 | 5 | 7 | 7 | 5 | 1 | 2 | 8 | 9 | 12 |
| Novo Fitness | 3 | 8 | 6 | 6 | 8 | 12 | 11 | 5 | 4 | 1 |

Como se pode ver pelos valores da tabela anterior, os valores originais com maior fitness, passam a ser os que têm menor fitness neste momento e os que tinham menor, passam a ter os maiores valores de fitness.

Antes

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| A | B | C | D | E | F | G | H | I | J |
|  |  |  |  |  |  |  |  |  | 66 |

Depois

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| A | B | C | D | E | F | G | H | I | J |
|  |  |  |  |  |  | 64 | | | |

Nota: Não esquecer que neste SUS procuramos o valor mais pequeno de fitness, mas o SUS “não devolve os valores mais pequenos”, logo tivemos que transformar os valores grandes em valores pequenos e fazer o contrário com os valores pequenos.

# SwapGenes: Mutação

## Descrição

**Temos um individuo onde escolhemos dois delos , de forma aleatória, e os trocamos de sitio.**

## Esquemas

**Dois pontos aleatórios que apontam para**

**Dois deles**

**Depois é só fazer o troca de posições**

**Código**

Entra (População individuos [])

dimPop: = TAMANHO (individuos [])

dimGene: = TAMANHO (. individuos [] genes [])

Pará i: = 0 i = comeu dimPop

alelo1: = aleatorio ([0; dimGene [)

Fazer

alelo2: = aleatorio ([0; dimGene [)

enquanto (alelo1 = alelo2)

aleloTmp:. = individuos [i] genes [alelo1]

individuos [i] genes [alelo1]:. individuos. = [i] genes [alelo2]

individuos [i] genes [alelo2]:. = aleloTmp

i: = i +1

sai (População individuos [])

# Função de avaliação

f(x1,x2)=21.5 + x1 m(4π\*x1)+x2 m(20 π\*x2)

com, -3,0 ≤ x1 ≤12,1 e 4,1 ≤ x2 ≤5,8

Representação binaria para 4 casas decimais :

Dx1=15,1=12,1 –(-3,0)

15,1 \*10 000 = 15100 217 ≤ 151000 ≤ 218

Dx2=1,7=5,8 – 4,1

1,7 \*10 000 =17000 214 ≤ 17000 ≤ 215

Indivíduo i é composto de 2 genes (x1 e x2)

X1 =18 alelos

X2 =15 alelos

Exemplo:

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **1** | **1** | **1** | **1** | **0** | **1** | **0** | **0** | **1** | **0** | **1** | **0** | **1** | **1** | **1** | **0** | **0** | **0** |

X1= =250552d

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **0** | **0** | **1** | **0** | **0** | **1** | **0** | **1** | **1** | **0** | **0** | **0** | **0** | **0** | **0** | **0** |  |  |

X2= =4800d

X´1=

X´2=

## Valor do indivíduo

Avaliação =f(11,4323 ; 4,3490) = 13,1733

## Seleção

Ordena-se a população (por exemplo: através da roleta) colocando neste caso (maximização ) no topo dar lista os indivíduos que obtiverem maior valor calculado através da função de avaliação.

## Recombinação

1. Escolhem-se 2 indivíduos do topo da lista obtida (que ainda não tivessem sido escolhidos)
2. Calcula-se um numero aleatório entre [0;1[

3.1 Se o numero aleatório por maior do que 0,65, os dois indivíduos escolhidos passam diretamente para a descendência.

3.2 se o número aleatório por menor ou igual a 0.65,calcula-se aleatoriamente um ponto de corte para os primeiros genes dos dois indivíduos escolhidos recombinando-os e procedendo de igual forma para os segundos genes de ambos. Passando para a discordância os dois indivíduos cujos novos genes são constituídos até aos cortes, pelos seus próprios e são contas em diante pelos do indivíduos com o qual recombinaram.

4 volta-se ao ponto 1 até terminassem os indivíduos da lista ordenada.

Exemplo gene x1=a+b

Pontos de corte aleatória

gene x2=c+d

Indivíduos:i1 e i2

i1= x1 & x2 ⬄ i1= a+b & c+d

i2= x1 & x2 ⬄ i1= A+B & C+D

Recombinando fica:

i´1 =a +B & c +D

i´2 =A +b & C +d

## Mutação

1. É escolhida uma percentagem de mutação (por exemplo 1%)
2. É escolhido um individuo
3. É escolhido o primeiro gene: e para cada um dos alelos é calculada aleatoriamente uma percentagem, se essa percentagem for menos do que 1% o bit em causa passa a “1”.

3.1 É efetuada a mesma operação no segundo gene .

1. Volta-se ao ponto 2 até terminar a população.

Exemplo:

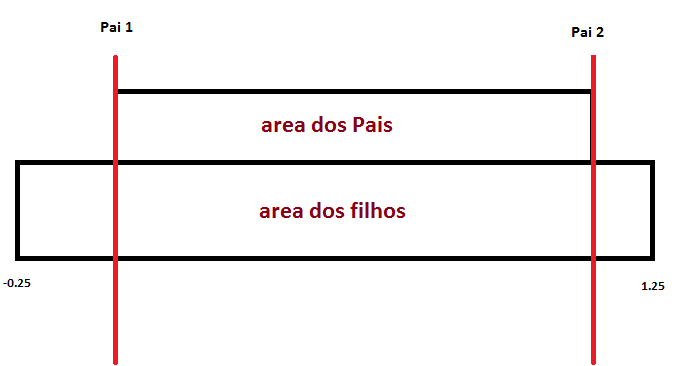
i´3= 101101101000111010 & 111001000101110

# Intermediate recombination

1. Selecionam-se 2 indivíduos, P1 e P2, assumindo o papel de “Pais” (P1 “Pai1” )
2. Selecionam-se os genes GenesiP1 e GenesiP2 , dos indivíduos P1 e P2 respetivamente , em que i (1,2,3…. numero genes)
3. Gera-se um número aleatório a; pertencente ao intervalo [ -0.25 ; 1.25 ]
4. Calcula-se o gene GenesiF do novo indivíduo F “filho ”, através da seguinte formula.

GenesiF = GenesiP1 \* ai+ GenesiP2 \* ai

1. Volta-se ao ponto 2 até que todos os genes dos indivíduos ” Pais ” P1 e P2 sejam percorridos (i=numero genes ).



Exemplo

Considerar os seguintes indivíduos, com 3 genes cada

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **12** | **25** | **5** |

Pai 1

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **123** | **4** | **34** |

Pai 2

Genes1P2 Genes2P2  Genes3P2

Considerar os seguintes valores de a para esta exemplo

a1  a2 a3

0.5 1.1 -0.1

O novo filho calculado

Genes1F Genes2F  Genes3F

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **67.5** | **1.9** | **2.1** |

Pai 2

GenesiF = GenesiP1 \* ai+ GenesiP2 \* (1- ai)

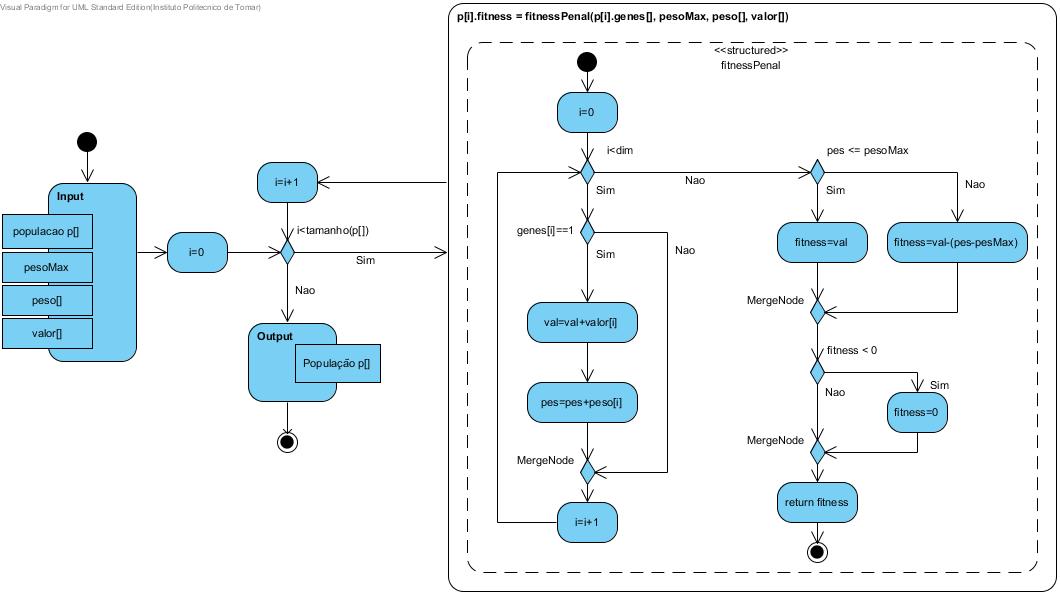
=12 \* 0.5 + 123 \* (1-0.5)

= 6 + 61.5

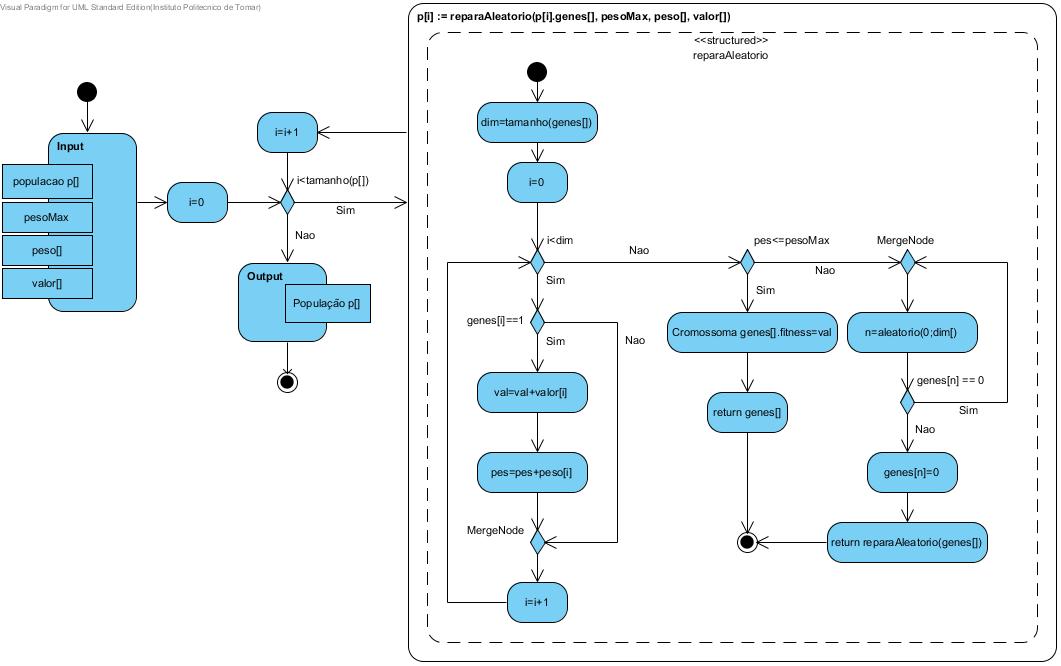
=67.5

# Fluxogramas

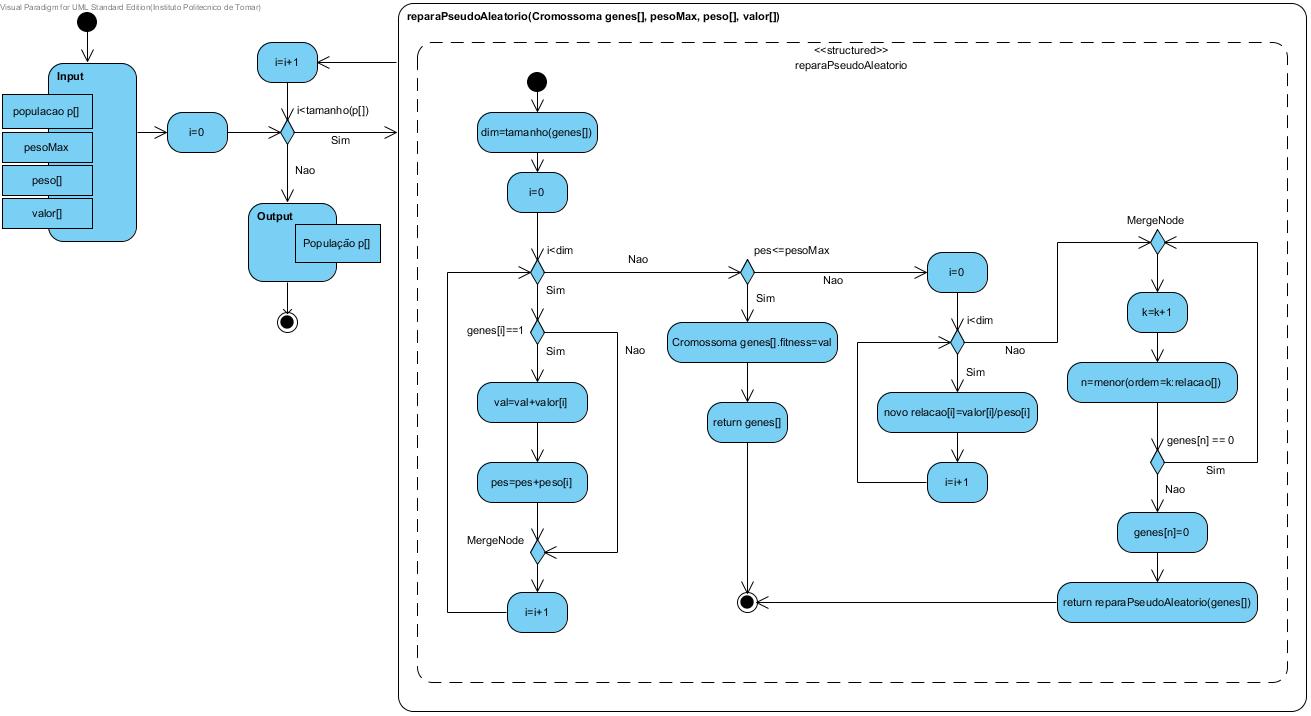
## Fitness Penalização



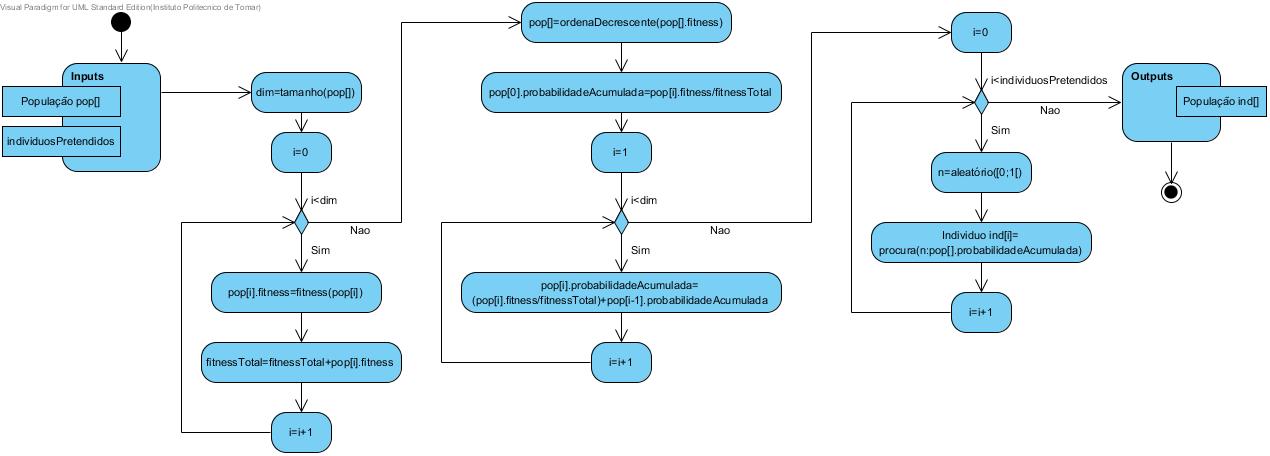
## Reparação Aleatória



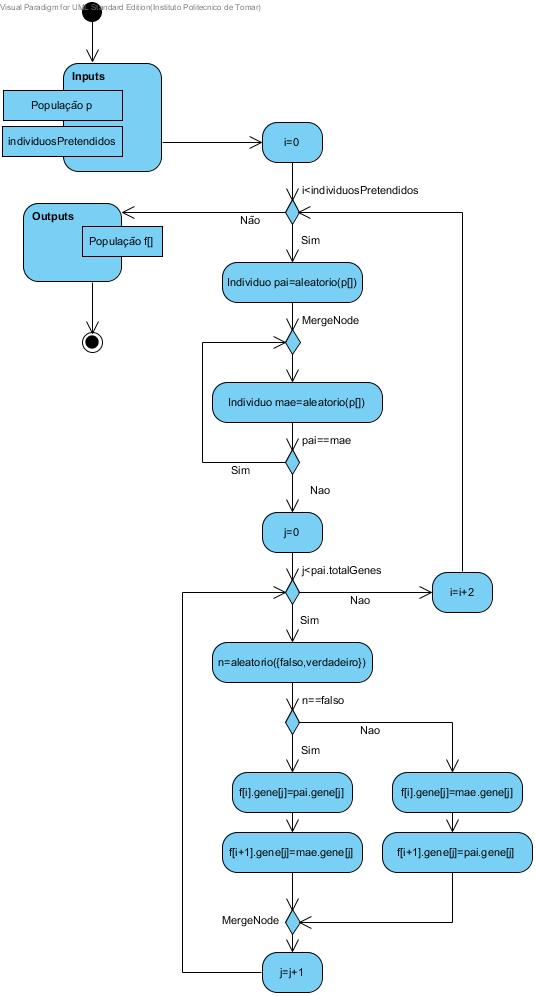
## Reparação Pseudo Aleatória



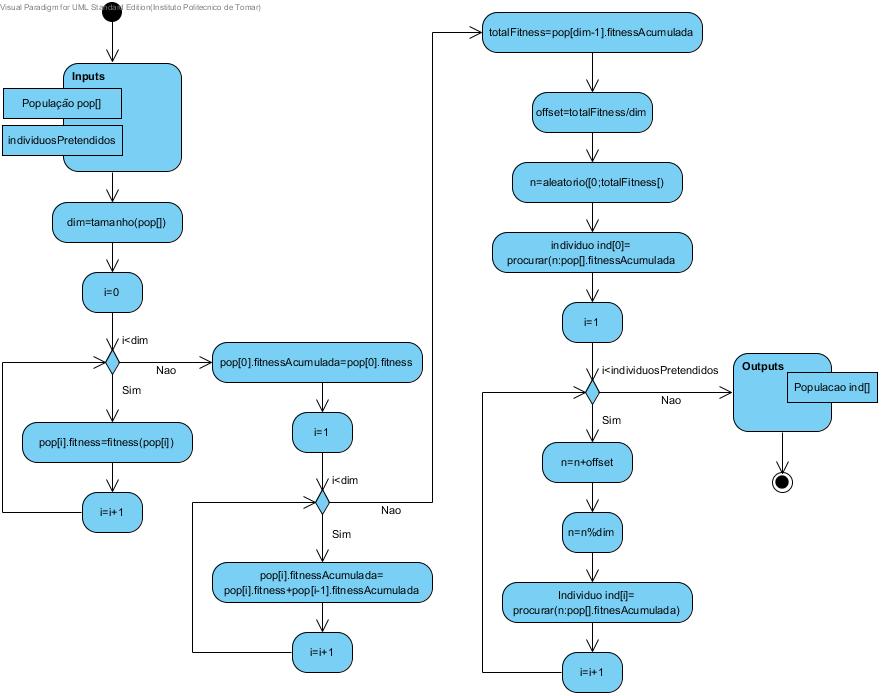
## Operador Roleta



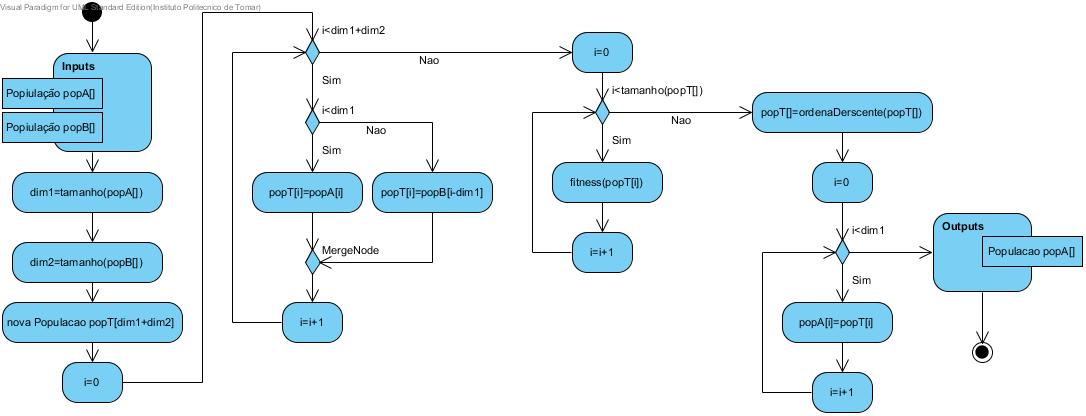
## Operador Crossover



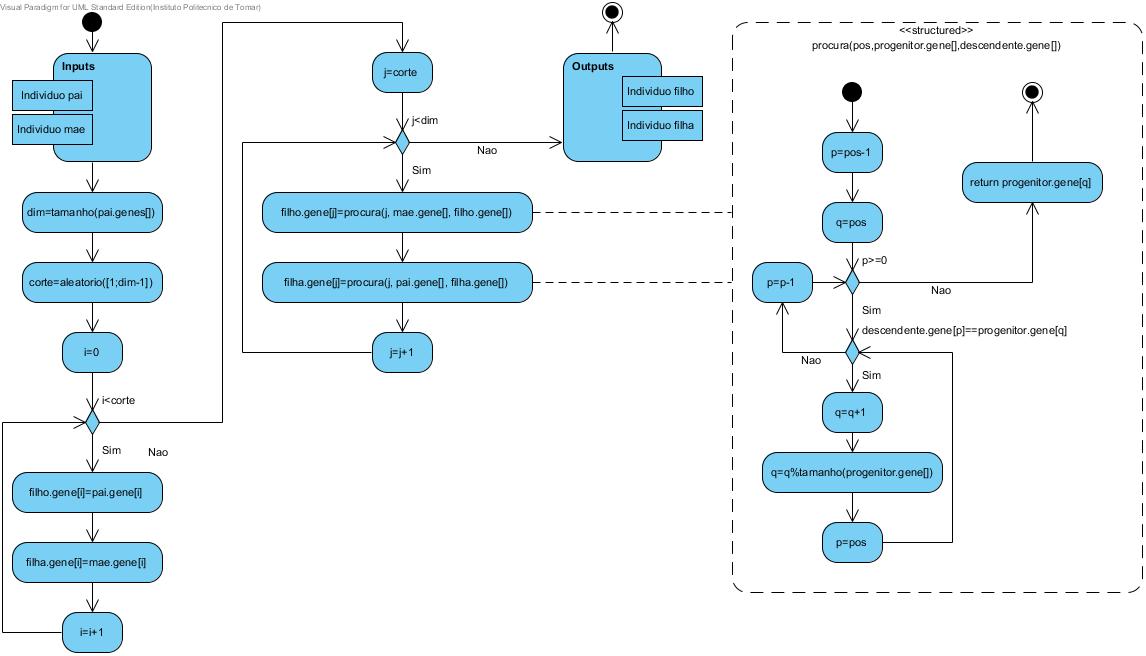
## Operador SUS



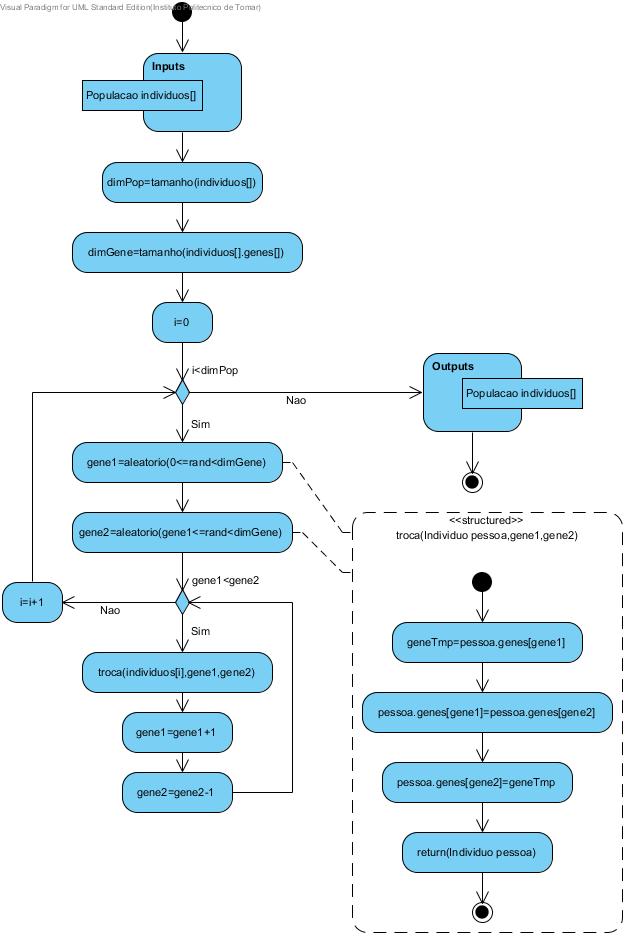
## Operador Truncation



## Crossover

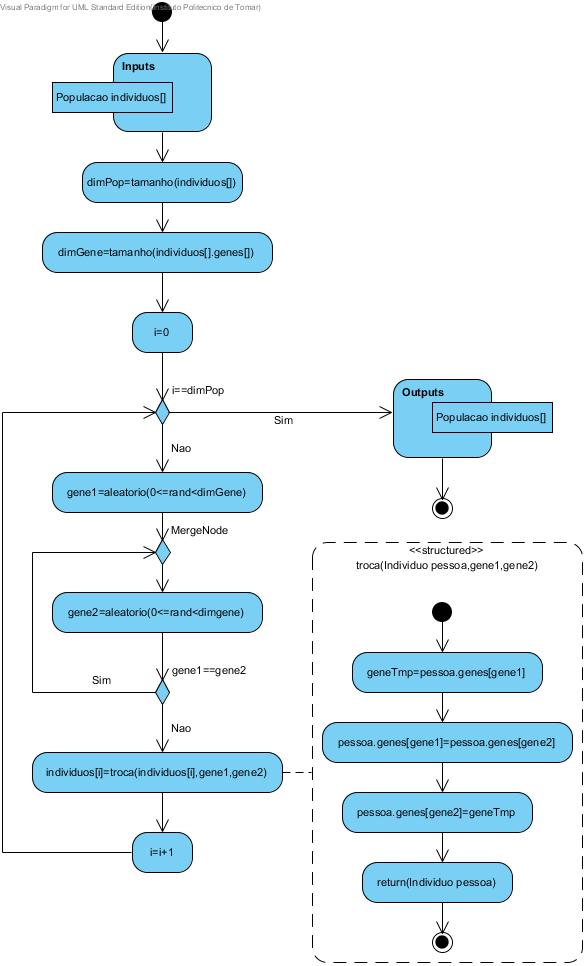
****

## Invertion Mutation

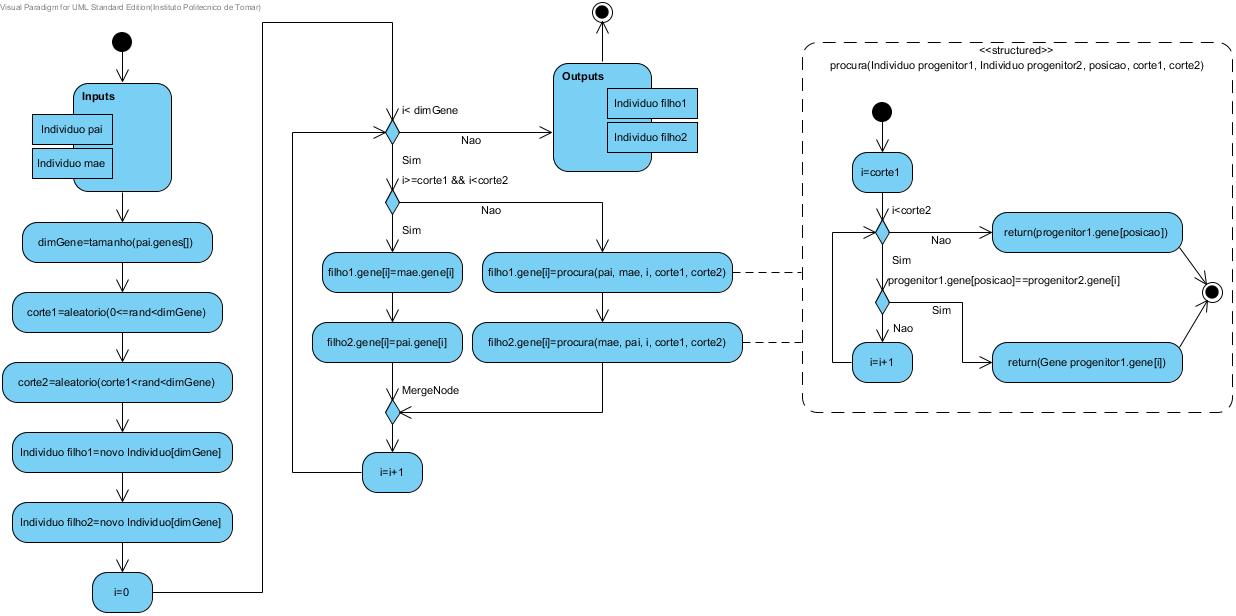
****

**.**

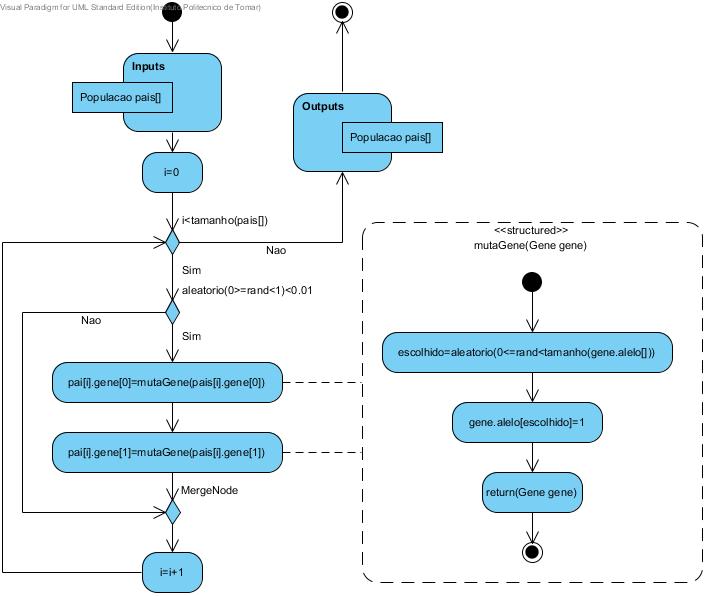
## Mutation

****

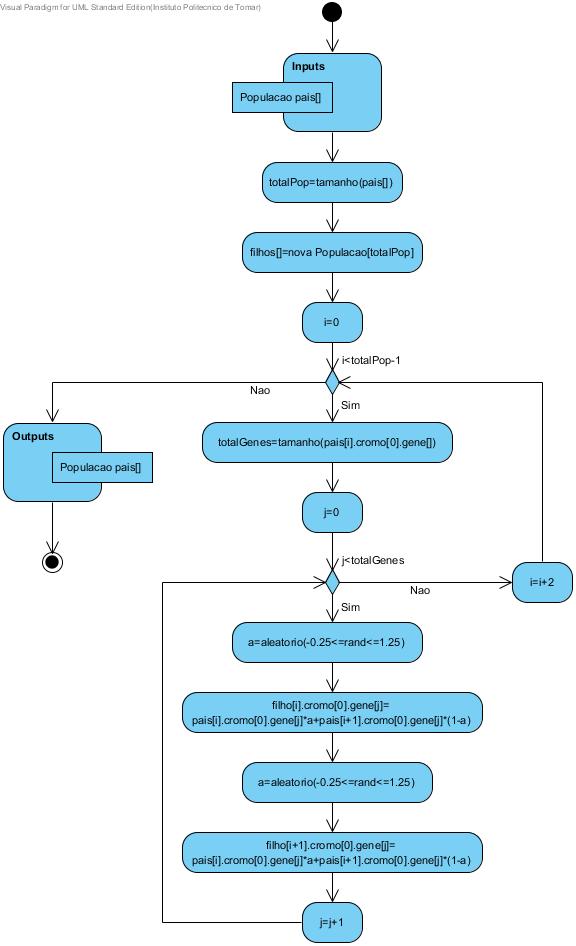
## PMX

****

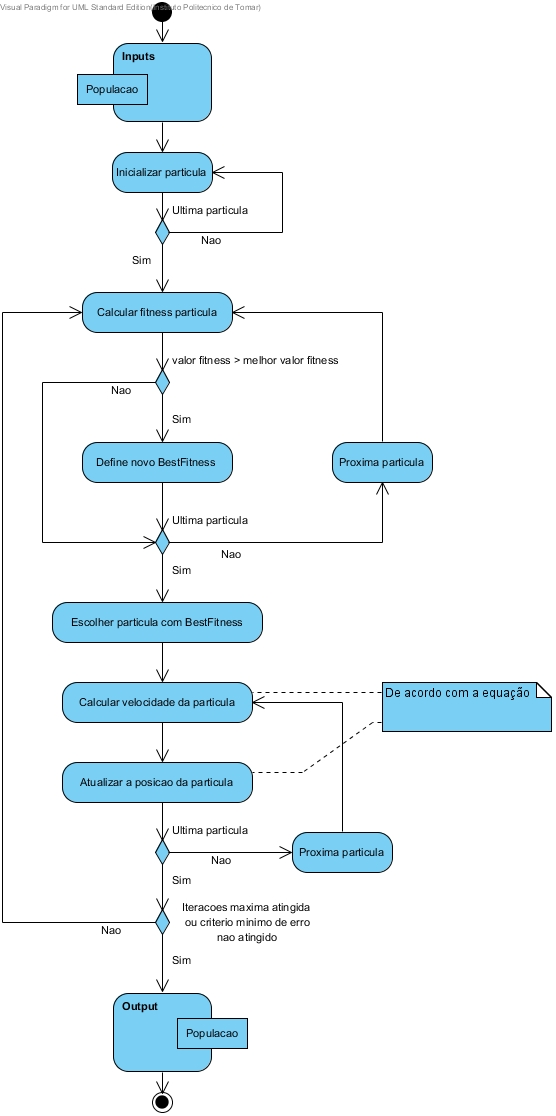
## Crossover



## Mutação Binaria



## P.S.O



## Recombinação Binaria



# Pseudo-codigo

## Fitness Penalização

entra(População p[], pesoMax, peso[], valor[])

para i := 0 ate i < tamanho(p[])

p[i].fitness := fitnessPenal(p[i].genes[], pesoMax, peso[], valor[])

i := i+1

sai(População p[])

fitnessPenal(Individuo genes[], pesoMax, peso[], valor[])

para i := 0 ate i < tamanho(peso[])

se genes[i] = 1 entao

val := val+valor[i]

pes := pes+peso[i]

i := i+1

se pes <= pesoMax entao

fitness := val

senao

fitness := val-(pes-pesoMax)

se fitness < 0 entao

fitness := 0

retorna fitness

## Reparação aleatória

entra(População p[], pesoMax, peso[], valor[])

para i := 0 até i < tamanho(p[])

p[i] := reparaAleatorio(p[i].genes[], pesoMax, peso[], valor[])

i := i+1

sai(População p[])

reparaAleatorio(Individuo genes[], pesoMax, peso[], valor[])

dim := tamanho(genes[])

para i := 0 ate i < dim

se genes[i] = 1 entao

val := val+valor[i]

pes := pes+peso[i]

i := i+1

se pes <= pesoMax entao

Individuo genes[].fitness := val

retorna genes[]

senão

fazer

n := aleatorio([0;dim[)

enquanto (genes[n] = 0)

genes[n] := 0

retorna reparaAleatorio(genes[])

## Reparação aleatória

entra(População p[], pesoMax, peso[], valor[])

para i := 0 até i < tamanho(p[])

p[i] := reparaPseudoAleatorio(p[i].genes[], pesoMax, peso[], valor[])

i := i+1

sai(População p[])

reparaPseudoAleatorio(Cromossoma genes[], pesoMax, peso[], valor[])

dim := tamanho(genes[])

para i := 0 até i < dim

se genes[i] = 1 entao

val := val+valor[i]

pes := pes+peso[i]

i := i+1

se pes <= pesoMax então

Cromossoma genes[].fitness := val

retorna genes[]

senão

para i := 0 até i < dim

novo relacao[i] := valor[i]/peso[i]

fazer

k := k+1

n := menor(ordem:=k : relacao[])

enquanto (genes[n] = 0)

genes[n] := 0

retorna reparaPseudoAleatorio(genes[])

## Operador crossover

entra(População p[], individuosPretendidos)

para i := 0 até i < individuosPretendidos

Individuo pai := aleatório(p[])

fazer

Individuo mae := aleatório(p[])

enquanto (pai = mae)

para j := 0 ate j < pai.totalGenes

n := aleatório({falso,verdadeiro})

se n = falso então

f[i].gene[j] := pai.gene[j]

f[i+1].gene[j] := mae.gene[j]

senao

f[i].gene[j] := mae.gene[j]

f[i+1].gene[j] := pai.gene[j]

j := j+1

i := i+2

sai(População f[])

## Operador Roleta

entra(População pop[], individuosPretendidos)

dim := tamanho(pop[])

para i := 0 ate i < dim

pop[i].fitness := fitness(pop[i])

fitnessTotal := fitnessTotal+pop[i].fitness

i := i+1

pop[] := ordenaDecrescente(pop[].fitness)

pop[0].probabilidadeAcumulada := pop[i].fitness/fitnessTotal

para i := 1 ate i < dim

pop[i].probabilidadeAcumulada := (pop[i].fitness/fitnessTotal)+pop[i-1].probabilidadeAcumulada

i := i+1

para i := 0 ate i < individuosPretendidos

n := aleatório([0;1[)

Individuo ind[i] := procura(n : pop[].probabilidadeAcumulada)

i := i+1

sai(População ind[])

## Operador SUS

entra(Populacao pop[], individuosPretendidos)

dim := tamanho(pop[])

para i := 0 ate i < dim

pop[i].fitness := fitness(pop[i])

i := i+1

pop[0].fitnessAcumulada := pop[0].fitness

para i := 1 ate i < dim

pop[i].fitnessAcumulada := pop[i].fitness + pop[i-1].fitnessAcumulada

i := i+1

totalFitness := pop[dim-1].fitnessAcumulada

offset := totalFitness/dim

n := aleatorio([0;totalFitness[)

individuo ind[0] := procurar(n : pop[].fitnessAcumulada)

para i := 1 ate i < individuosPretendidos

n := n+offset

n := n%dim

Individuo ind[i] := procurar(n : pop[].fitnessAcumulada)

i := i+1

sai(Populacao ind[])

## Operador Truncation

entra(Populacao popA[], População popB[])

dim1 := tamanho(popA[])

dim2 := tamanho(popB[])

nova Populacao popT[dim1+dim2]

para i := 0 ate i < dim1+dim2

se i < dim1 então

popT[i] := popA[i]

senao

popT[i] := popB[i-dim1]

i := i+1

para i := 0 ate i < tamanho(popT[])

fitness(popT[i])

i := i+1

popT[] := ordenaDecrescente(popT[])

para i := 0 ate i < dim1

popA[i] := popT[i]

i := i+1

sai(Populacao popA[])

## Crossover

**entra(Individuo pai, Individuo mae)**

**dim := tamanho(pai.genes[])**

**corte := aleatorio([1;dim-1])**

**para i := 0 até i < corte**

**filho.gene[i] := pai.gene[i]**

**filha.gene[i] := mae.gene[i]**

**i := i+1**

**para J := corte até j < dim**

**filho.gene[j] := procura(j, mae.gene[], filho.gene[])**

**filha.gene[j] := procura(j, pai.gene[], filha.gene[])**

**j := j+1**

**sai(Individuo filho, Individuo filha)**

**procura(pos, progenitor.gene[], descendente.gene[])**

**p := pos-1**

**q := pos**

**enquanto (p >= 0)**

**se (descendente.gene[p] = progenitor.gene[q]) entao**

**q := q+1**

**q := q%tamanho(progenitor.gene[])**

**p := pos**

**p := p-1**

**retorna progenitor.gene[q]**

## Invertion Mutation

**entra(Populaçao individuos[])**

**dimPop := tamanho(individuos[])**

**dimGene := tamanho(individuos[].genes[])**

**para i := 0 ate i < dimPop**

**gene1 := aleatorio(0<=rand<dimGene)**

**gene2 := aleatorio(gene1<=rand<dimGene)**

**enquanto(gene1 < gene2) fazer**

**troca(individuos[i], gene1, gene2)**

**gene1 := gene1+1**

**gene2 := gene2-1**

**i := i+1**

**sai(Populaçao individuos[])**

**troca(Individuo pessoa, gene1, gene2)**

**geneTmp := pessoa.genes[gene1]**

**pessoa.genes[gene1] := pessoa.genes[gene2]**

**pessoa.genes[gene2] := geneTmp**

**retorna(Individuo pessoa)**

## Mutation

**entra(Populaçao individuos[])**

**dimPop := tamanho(individuos[])**

**dimGene := tamanho(individuos[].genes[])**

**para i := 0 ate i = dimPop**

**gene1 := aleatorio(0<=rand<dimGene)**

**fazer**

**gene2 := aleatorio(0<=rand<dimGene)**

**enquanto(gene1 = gene2)**

**individuos[i] := troca(individuos[i], gene1, gene2)**

**i := i+1**

**sai(Populaçao individuos[])**

**troca(Individuo pessoa, gene1, gene2)**

**geneTmp := pessoa.genes[gene1]**

**pessoa.genes[gene1] := pessoa.genes[gene2]**

**pessoa.genes[gene2] := geneTmp**

**retorna(Individuo pessoa)**

## PMX

**entra(Individuo pai, Individuo mae)**

**dimGene := tamanho(pai.genes[])**

**corte1 := aleatorio(0<=rand<dimGene)**

**corte2 := aleatorio(corte1<rand<dimGene)**

**Individuo filho1 := novo Individuo[dimGene]**

**Individuo filho2 := novo Individuo[dimGene]**

**para i := 0 ate i < dimGene**

**se(i >= corte1 e i < corte2) entao**

**filho1.gene[i] := mae.gene[i]**

**filho2.gene[i] := pai.gene[i]**

**senao**

**filho1.gene[i] := procura(pai, mae, i, corte1, corte2))**

**filho2.gene[i] := procura(mae, pai, i, corte1, corte2))**

**i := i+1**

**sai(Individuo filho1, Individuo filho2)**

**procura(Individuo progenitor1, Individuo progenitor2, posicao, corte1, corte2)**

**para i := corte1 ate i < corte2**

**se(progenitor1.gene[posicao] = progenitor2.gene[i])**

**retorna(Gene progenitor1.gene[i])**

**i := i+1**

**retorna(Gene progenitor1.gene[posicao])**

## SUS Minimização

**entra(Populaçao individuos[])**

**maxFitness := maiorFitness(individuos[])+1**

**para i := 0 ate i < tamanho(individuos[])**

**individuos[i].fitness := maxFitness-individuos[i].fitness**

**i := i+1**

**sai(Populaçao individuos[])**

**maiorFitness(individuos[])**

**max := 0**

**para i := 0 ate i < tamanho(individuos[])**

**se (max < individuos[i].fitness) entao**

**max := individuos[i].fitness**

**i := i+1**

**retorna max**

## Crossover

entra(Populacao pais[])

totalPop := tamanho(pais[])

filhos[] := nova Populacao[totalPop]

para i := 0 ate i < totalPop-1 fazer

totalGenes := tamanho(pais[i].cromo[0].gene[])

para j := 0 ate j < totalGenes fazer

a = aleatorio(-0.25<=rand<=1.25)

filho[i].cromo[0].gene[j] := pais[i].cromo[0].gene[j] \* a + pais[i+1].cromo[0].gene[j] \* (1-a)

a = aleatorio(-0.25<=rand<=1.25)

filho[i+1].cromo[0].gene[j] := pais[i].cromo[0].gene[j] \* a + pais[i+1].cromo[0].gene[j] \* (1-a)

j := j+1

i := i+2

sai(Populacao pais[])

## Mutação binaria

entra(Populacao pais[])

para i := 0 até i < tamanho(pais[]) //percorre a populaçao progenitora

se (aleatorio(0<=rand<1) < 0.01) entao //se factor de ponderaçao for menor,

pais[i].gene[0] := mutaGene(pais[i].gene[0]) //que 1% entao

pais[i].gene[1] := mutaGene(pais[i].gene[1]) //muta o alelo em causa

i := i+1 //nova iteraçao

sai(Populacao pais[])

mutaGene(Gene gene)

escolhido := aleatorio(0<=rand<tamanho(gene.alelo[])) //alelo escolhido aleatoriamente

gene.alelo[escolhido] := 1 //toma o valor de verdadeiro

retorna(Gene gene)

## PSO

entra(Populacao pop[])

Para cada pop[].partícula

Inicializar pop[i].partícula

Fazer

Para cada pop[].partícula

calcularValor(pop[i].partícula.fitness)

Se (valor de fitness > melhor valor de fitness (pBest))

definaValor(pBest)

gBest := partícula com o melhor valor de fitness

Para cada pop[].partícula

v[] := v[] + c1 \* rand() \* (pbest[] - present[]) + c2 \* rand() \* (gbest[] - present[])

present[] := persent[] + v[]

Enquanto (iterações máximas não forem atingidas ou critérios mínimos erro não forem atingidos)

sai(Populacao pop[])

## Recombinacao\_binaria

entra(Populacao pais[])

dim := tamanho(pais[]) //numero de individuos da populaçao progenitora

dimGene0 := tamanho(pais[].gene[0].alelo[]) //dimensao do primeiro gene

dimGene1 := tamanho(pais[].gene[1].alelo[]) //dimensao do segundo gene

Populacao filhos[] := nova Populacao[dim] //criaçao de uma geraçao vazia do tamanho da populaçao progenitora

para i := 0 até i < dim //percorrer a populaçao progenitora

pais[i].fitness := fitness(pais[i]) //calculo do fitness dos individuos da populaçao progenitora

i := i+1 //nova iteraçao

pais[] := ordenaDecrescente(pais[].fitness) //ordena a populaçao progenitora pelo valor do fitness decrescente

para i := 0 até i < dim-1 //ciclo para recombinaçao dos individuos

se (aleatorio(0<=rand<=1) > 0.65) entao //se factor de ponderaçao for maior,

filhos[i] := pais[i] // entao os individuos transitam como estao

filhos[i+1] := pais[i+1] //

senao //se factor de ponderaçao não for maior,

corte := aleatorio(1<=rand<=dimGene0-1) //calculo do ponto de corte do primeiro gene

para j := 0 até j < corte //até ao corte do primeiro gene

filhos[i].gene[0].alelo[j] := pais[i].gene[0].alelo[j] //copia dos pais para os filhos

filhos[i+1].gene[0].alelo[j] := pais[i+1].gene[0].alelo[j] //

j := j+1 //nova iteraçao

para k := corte até k < dim //depois do corte do primeiro gene

filhos[i].gene[0].alelo[k] := pais[i+1].gene[0].alelo[k] //copia dos pais para os filhos,

filhos[i+1].gene[0].alelo[k] := pais[i].gene[0].alelo[k] //com os progenitores trocados

k := k+1 //nova iteraçao

corte := aleatorio(1<=rand<=dimGene1-1) //calculo do ponto de corte do segundo gene

para m := 0 até m < corte //até ao corte do segundo gene

filhos[i].gene[1].alelo[m] := pais[i].gene[1].alelo[m] //copia dos pais para os filhos

filhos[i+1].gene[1].alelo[m] := pais[i+1].gene[1].alelo[m] //

m := m+1 //nova iteraçao

para n := corte até n < dim //depois do corte do segundo gene

filhos[i].gene[1].alelo[n] := pais[i+1].gene[1].alelo[n] //copia dos pais para os filhos

filhos[i+1].gene[1].alelo[n] := pais[i].gene[1].alelo[n] //com os progintores trocados

n := n+1 //nova iteraçao

i := i+2 //nova iteraçao com um incremento de 2

sai(Populacao filhos[])