Determinando as Constantes da Fórmula Semi-Empírica de Massa com Algoritmos Genéticos

Enzo Figueiredo - 233922 Hermes de Souza Magalhães Junior - 217859 Lucas Lopes Maldonado - 220819

1 Introdução

A Fórmula Semi-Empírica de Massa é uma equação que possibilita o cálculo aproximado da massa nuclear de elementos em função do número atômico (Z) e do número de massa atômica (A), cuja expressão é dada por:

$$M(Z,A)c^{2} = ZM_{p}c^{2} + (A-Z)M_{n}c^{2} + B(Z,A)$$
(1)

em que M_p é a massa do próton, M_n é a massa do nêutron e B(Z,A) é a energia de ligação dos núcleons (prótons e nêutrons). Esta energia de ligação é a parcela da fórmula semi-empírica de massa que carrega mais informações a cerca do núcleo uma vez que possui termos que consideram as características de volume (a_V) , de superfície (a_S) , de Coulomb (a_C) , de assimetria (a_A) e de paridade (a_P) . O termo de volume representa a energia de ligação de todos os núcleons e considera como se cada um dos núcleons estivesse totalmente rodeado por outros. O termo de superfície é uma correção do termo de energia de volume pelo fato de os núcleons na superfície, ou próximos dela, não estarem totalmente rodeados por outros núcleons. O termo de Coulomb determina a contribuição energética do núcleo devido o potencial gerado pela carga nuclear. O termo de assimetria assegura que, no caso em que dois núcleos diferentes de mesmo número de massa atômica (A) tenham todos os outros termos energéticos iguais, o que representa um núcleo mais estável é o núcleo tal que seu número de prótons seja o mais próximo do número de nêutrons $(Z \approx N)$. Por fim, o termo de paridade leva em conta o fato de que um núcleo com núcleons emparelhados é mais fortemente ligado do que um núcleo com núcleons desemparelhados, ou seja, um núcleo com número par de prótons e nêutrons (e-e) tem energia de ligação maior que um núcleo com número ímpar de prótons e par de nêutrons (o-e), ou vice-versa (e-o), que por sua vez tem energia de ligação maior que um núcleo com número ímpar de prótons e nêutrons (o-o).

Em suma, a expressão que descreve a energia de ligação de um núcleo atômico é escrita como:

$$B(Z,A) = a_V A - a_S A^{\frac{2}{3}} - a_C \frac{Z^2}{a^{\frac{1}{3}}} - a_A \frac{(A-2Z)^2}{A} + \delta(Z,A)$$
 (2)

em que

$$\delta(Z,A) = \begin{cases} -\frac{a_P}{A^{\frac{1}{2}}}, & \text{se o núcleo \'e do tipo o-o} \\ 0, & \text{se o núcleo \'e do tipo e-o ou o-e} \\ \frac{a_P}{A^{\frac{1}{2}}}, & \text{se o núcleo \'e do tipo e-e} \end{cases}$$

Os coeficientes da equação anterior podem ser determinados por algoritmos através de dados experimentais (Z, N e B) e uma maneira bastante interessante de fazer isso é usando Algoritmos Genéticos (AG). Os AG são algoritmos inspirados em aspectos da natureza e são amplamente utilizados em problemas relativamente complexos de otimização, dentre eles, problemas que envolvem vários parâmetros e/ou características que podem ser combinadas e recombinadas em busca da melhor solução. Os aspectos da natureza que inspiram os AGs são basicamente os mecanismos de

seleção natural e recombinação genética. Pela teoria de Charles Darwin, o princípio da seleção, os indivíduos mais aptos são privilegiados em seu tempo de vida e possuem maior probabilidade de reprodução, o que acaba por aumentar o número de seus descentes. Indivíduos com mais descentes possuem maiores chances de perpetuarem seus códigos genéticos ao longo das futuras gerações. Consequentemente, estes códigos genéticos constituem a identidade de cada indivíduo e são representados por seus cromossomos. Tais princípios são reproduzidos na elaboração de algoritmos computacionais que têm como finalidade encontrar a melhor solução para determinado problema utilizando da evolução de populações de soluções armazenadas nos cromossomos artificiais.

Neste trabalho vamos aplicar um AG a dados de B por núcleon para encontrar os cinco coeficientes da Fórmula Semi-Empírica de Massa e compará-los com o resultado apresentado no livro *Nuclear and particle physics* [1].

2 Metodologia

Implementamos o método de algoritmos genéticos utilizando python e o código é composto por três arquivos principais. O primeiro destes arquivos contém a classe SEMF (de Semi-Empirical Mass Formula), esta classe representa um indivíduo da população, contendo cinco atributos que representam os coeficientes da Fórmula Semi-Empírica de Massa e métodos de inicialização, mutação, avaliação de B em função de Z e N e métodos para determinação do fitness. O segundo arquivo contém a classe GA (de Genetic Algorithm), esta classe contém um array de SEMFs, que é a população a passar pelo processo de evolução, ela possui métodos para o cálculo do fitness de toda a população, executar mutações em toda a população, realizar a etapa de reprodução e encontrar o melhor indivíduo da população. O último arquivo é o responsável pela definição de alguns parâmetros e salvar os resultados obtidos em arquivos.

Para a inicialização da população fazemos com que cada coeficiente receba um valor aleatório entre 0 e 20 MeV. Para a mutação utilizamos dois argumentos: μ e ϵ , μ representa a probabilidade de que cada coeficiente receba uma mutação, ϵ indica que no caso de um coeficiente sofrer mutação ele será acrescido de um número aleatório entre $-\epsilon$ e ϵ . Na etapa de reprodução selecionamos os dois indivíduos com maior fitness e recriamos a população através de uma mistura dos coeficientes deles. O fitness é calculado como

$$f = -\sum_{(N,Z)} (B_{\text{experimental}} - B_{\text{calculado}})^2,$$

sendo que para os valores de $B_{\text{experimental}}$ utilizamos os dados da base NuDat [2].

O código construído neste trabalho pode ser encontrado no repositório github: https://github.com/lucaslmaldonado/GA_SEMF.

3 Resultados

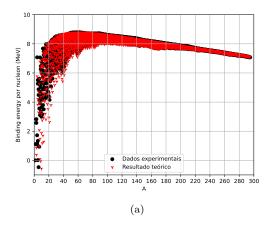
Com o melhor resultado obtido encontramos os seguintes valores para os coeficientes:

$$a_V = 14.709$$

 $a_S = 14.214$
 $a_C = 0.651$
 $a_S = 21.362$
 $a_P = 11.311$

Este resultado foi o melhor obtido entre oito populações de 500 indivíduos e 200 gerações, o que levou cerca de uma hora para ser computado. Para o cálculo do *fitness* foi utilizado uma amostra aleatória dos dados de 250 nuclídeos, a fim de agilizar a execução do código.

Podemos obter resultados melhores se utilizarmos mais nuclídeos no cálculo de *fitness*, aumentarmos o tamanho da população e utilizarmos um número maior de gerações, contudo, isso



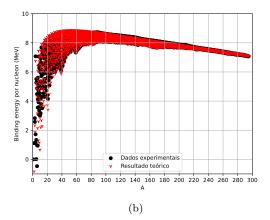


Figura 1: Energia de ligação (B) por núcleon utilizando os coeficientes para fórmula semi-empírica de massa fornecidos pelo livro (a) e pelo algoritmo genético (b).

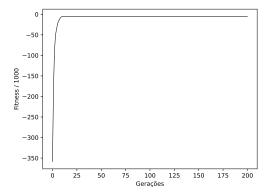


Figura 2: Evolução do fitness máximo observado na população por geração divido por 1000.

aumentaria o tempo de computação. Por praticidade decidimos não realizar computações muito custosas neste trabalho.

Os coeficientes apresentados no livro $Nuclear\ and\ particle\ physics$ são:

$$a_V = 15.56$$
 $a_S = 17.23$
 $a_C = 0.697$
 $a_S = 23.285$
 $a_P = 12$

Veja uma comparação dos valores obtidos para B na Figura 1. Vemos que o resultado obtido nos dois casos é bem semelhante, ambos se aproximam bastantes dos dados experimentais quando a massa atômica cresce. Notamos que os coeficientes encontrados por nós possuem maior compatibilidade com os dados experimentais para massas atômicas entre 20 e 40. Em ambos casos o ajuste não é muito bom para massas abaixo de 20, mas o fornecido pelo livro *Nuclear and particle physics* é ligeiramente melhor.

Veja na Figura 2 como ocorre a evolução do *fitness* máximo na população. Perceba que o *fitness* sobe muito rapidamente nas primeiras gerações, a partir disso ele passa a subir em raros momentos e com uma amplitude cada vez menor.

Referências

- [1] W. S. C. Williams. Nuclear and particle physics. Oxford University Press Inc, 1991.
- [2] National Nuclear Data Center, informação extraída da base de dados NuDat. https://www.nndc.bnl.gov/nudat/. Accesso em: 14 de novembro de 2022.
- [3] Randy L Haupt and Sue Ellen Haupt. Practical genetic algorithms. John Wiley & Sons, 2004.