

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Paula Prado Carvalho

**Investigação sobre variantes do Algoritmo
Evolutivo**

Uberlândia, Brasil

2025

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Paula Prado Carvalho

Investigação sobre variantes do Algoritmo Evolutivo

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Faculdade de Computação da Universidade Federal de Uberlândia, como parte dos requisitos exigidos para a obtenção título de Bacharel em Sistemas de Informação.

Orientador: Christiane Regina Soares Brasil

Universidade Federal de Uberlândia – UFU

Faculdade de Computação

Bacharelado em Sistemas de Informação

Uberlândia, Brasil

2025

Paula Prado Carvalho

Investigação sobre variantes do Algoritmo Evolutivo

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Faculdade de Computação da Universidade Federal de Uberlândia, como parte dos requisitos exigidos para a obtenção título de Bacharel em Sistemas de Informação.

Trabalho aprovado. Uberlândia, Brasil, 19 de setembro de 2025:

Christiane Regina Soares Brasil
Orientador

Professor

Professor

Uberlândia, Brasil
2025

Resumo

Algoritmos Evolutivos (AEs) são meta-heurísticas inspiradas na evolução biológica, amplamente utilizadas para resolver problemas de otimização complexos e com múltiplos objetivos conflitantes. Este trabalho tem como objetivo geral investigar e comparar o desempenho de diferentes variantes de Algoritmos Evolutivos, com foco em abordagens para múltiplos e muitos objetivos, como o AEMMT (Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo com Muitas Tabelas) e o NSGA-III. O método de pesquisa adotado envolve um estudo aprofundado da literatura para consolidar a base teórica, seguido da implementação dos algoritmos e sua aplicação ao problema de predição de estruturas de proteínas. A análise dos resultados será realizada por meio de experimentação controlada, comparando sistematicamente o desempenho das variantes com base em métricas de convergência e diversidade das soluções na fronteira de Pareto. Espera-se, como conclusão, fornecer uma análise comparativa que identifique as configurações algorítmicas mais robustas e eficientes para o problema em questão, contribuindo para o avanço teórico da computação evolutiva em sua aplicação a desafios práticos da bioinformática.

Palavras-chave: Algoritmos Evolutivos, Otimização com Muitos Objetivos, AEMMT, NSGA-III, Predição de Estrutura de Proteínas.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Estrutura geral de um aminoácido	19
Figura 2 – Representação do Modelo Hidrofóbico-Polar (HP)	21

Lista de tabelas

Tabela 1 – Comparação entre trabalhos relacionados	25
--	----

Lista de abreviaturas e siglas

AE	Algoritmo Evolutivo
AEMMD	Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo com Múltiplas Dominâncias
AEMMT	Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo com Muitas Tabelas
AEMO	Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo
AG	Algoritmo Genético
AGMO	Algoritmo Genético Multiobjetivo
AOA	Otimização Aritmética (*Arithmetic Optimization Algorithm*)
DEAP	*Distributed Evolutionary Algorithms in Python*
ED	Evolução Diferencial
EE	Estratégia Evolutiva
HP	Hidrofóbico-Polar
IGD	*Inverted Generational Distance* (Distância Geracional Invertida)
MaOEA	Algoritmo Evolutivo com Muitos Objetivos
MOEA/D	*Multiobjective Evolutionary Algorithm based on Decomposition* (Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo Baseado em Decomposição)
MOGA	*Multi-Objective Genetic Algorithms*
ND	Não Dominância
NSGA-II	*Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm II*

NSGA-III	*Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm III*
PG	Programação Genética
PRV	Problema de Roteamento de Veículos
PSP	Predição de Estruturas de Proteínas
RNM	Ressonância Nuclear Magnética
SCA	*Sine Cosine Algorithm*
SPEA-II	*Strength Pareto Evolutionary Algorithm II*
VEGA	*Vector Evaluated Genetic Algorithm*

Sumário

1	INTRODUÇÃO	9
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	12
2.1	Algoritmos Evolutivos	12
2.2	Fronteira de Pareto	13
2.3	Algoritmos Evolutivos Multi-Objetivos	14
2.4	Algoritmos Evolutivos com Muitos Objetivos	16
2.5	O Problema de Predição de Estruturas de Proteínas	18
2.5.1	Estrutura de Proteínas	18
2.5.2	Métodos Computacionais de Predição	19
2.5.3	O Modelo Hidrofóbico-Polar (HP)	20
2.5.4	Funções de Energia no Modelo HP	20
3	TRABALHOS RELACIONADOS	22
4	METODOLOGIA	26
4.1	Etapa 1 – Estudo sobre a área de Algoritmos Evolutivos (AE)	26
4.2	Etapa 2 – Estudo sobre os algoritmos MultiObjetivo e com Muitos Objetivos	26
4.3	Etapa 3 – Pesquisa em coletânea de artigos científicos	26
4.4	Etapa 4 – Definição do problema da predição de proteínas	27
4.5	Etapa 5 – Implementação dos algoritmos e aplicação ao problema	27
4.6	Etapa 6 – Experimentação e análise de resultados	27
	REFERÊNCIAS	28

1 Introdução

Algoritmos evolutivos (AEs) constituem uma classe de métodos computacionais inspirados em processos de evolução biológica, como seleção natural, mutação e recombinação, projetados para resolver problemas complexos de otimização em espaços de busca vastos e não lineares (GABRIEL; DELBEM, 2008). Amplamente aplicados em disciplinas como engenharia, ciência da computação, biologia e economia, os AEs destacam-se por sua capacidade de abordar problemas multiobjetivo e de alta dimensionalidade, onde métodos tradicionais frequentemente apresentam limitações (HOLLAND, 1992). Inseridos no campo da computação evolutiva, uma subárea da inteligência artificial, esses algoritmos pertencem à classe das metaheurísticas, estratégias de alto nível que oferecem soluções robustas para problemas mal estruturados ou com grande complexidade computacional (GABRIEL; DELBEM, 2008). Variantes como algoritmos genéticos, estratégias evolutivas, programação genética e evolução diferencial foram desenvolvidas para atender a necessidades específicas, com aplicações que vão desde a otimização de redes elétricas (XIA et al., 2023) até a evolução de arquiteturas de redes neurais (STANLEY; MIIKKULAINEN, 2002). A inspiração na teoria darwiniana, que postula a transformação dos seres vivos por meio da ancestralidade comum e da seleção natural, fundamenta os AEs: assim como o ambiente natural filtra indivíduos mais adaptados para reprodução, os AEs manipulam populações de soluções, iterativamente selecionando e refinando as mais aptas (HOLLAND, 1992). Essa abordagem os torna ferramentas indispensáveis na pesquisa computacional contemporânea, onde a demanda por eficiência e adaptabilidade impulsiona inovações teóricas e práticas.

A investigação sobre variantes de algoritmos evolutivos (AEs) possui relevância significativa tanto para a academia quanto para a sociedade, dado seu potencial para enfrentar desafios complexos em um cenário global marcado por avanços tecnológicos rápidos e crescentes demandas computacionais. Na academia, os AEs impulsionam o progresso teórico da computação evolutiva, uma subárea da inteligência artificial que, segundo (EIBEN; SMITH, 2015), tem atraído milhares de estudos anuais, com aplicações que vão desde otimização combinatória

até aprendizado de máquina. . Essas pesquisas exploram melhorias nas variantes dos AEs, como algoritmos genéticos e evolução diferencial, que ampliam a eficiência e a aplicabilidade em problemas como otimização multiobjetivo e aprendizado de máquina. Para a sociedade, os AEs têm impacto direto em setores críticos: na saúde, variantes como a programação genética têm sido empregadas no desenvolvimento de modelos preditivos para doenças, com taxas de acurácia superiores a 90% em aplicações como diagnóstico de câncer (KOZA, 1994). Além disso, a integração de AEs em inteligência artificial, como na evolução de redes neurais profundas (STANLEY; MIIKKULAINEN, 2002), sustenta avanços em tecnologias emergentes, como veículos autônomos e sistemas de recomendação, que impactam diretamente a economia e a qualidade de vida.

Os trabalhos de (SLOWIK; KWASNICKA, 2020; CUTELLO; NARZISI; NICOSIA, 2006) fornecem resultados que evidenciam a importância dos algoritmos evolutivos (AEs) em diversas áreas de aplicação, destacando sua relevância para problemas complexos. (SLOWIK; KWASNICKA, 2020) exploram a aplicação de AEs em engenharia elétrica, automação de sistemas de controle e pesquisa operacional, demonstrando sua capacidade de abordar problemas multiobjetivo em domínios práticos. (CUTELLO; NARZISI; NICOSIA, 2006) abordam o problema de predição de estruturas tridimensionais de proteínas (PSP) ab initio, utilizando AEs para otimizar configurações com base em sequências de aminoácidos, um desafio central na bioinformática. Já os trabalhos de (ROEVA; FIDANOVA; PAPRZYCKI, 2015), (SILVA, 2023), e (NASCIMENTO, 2023) indicam que métodos propostos em AEs apresentam bons resultados em problemas semelhantes. O estudo (ROEVA; FIDANOVA; PAPRZYCKI, 2015) analisa a influência do tamanho da população em algoritmos genéticos (AGs) e otimização por colônias de formigas, aplicados à modelagem de processos de cultivo, concluindo que a escolha adequada de parâmetros melhora a precisão e o tempo computacional. (SILVA, 2023) demonstra que AEs, aplicados ao problema PSP com o modelo de energia 2D HP, alcançam resultados competitivos ou superiores em comparação com algoritmos de colônias de formigas, destacando a importância de ajustes como o aumento do tamanho da seleção por torneio. Por fim, (NASCIMENTO, 2023) explora a aplicação de AEs ao problema do percurso do cavalo (PPC) em tabuleiros

de até 20x20, propondo operadores como Seleção por Dissimilares, Mutação dos Vizinhos e Inicialização Central, que resultaram em soluções viáveis em tempo computacional aceitável. Esses estudos reforçam a relevância de investigar variantes de AEs para otimizar parâmetros e expandir sua aplicabilidade em problemas computacionais diversos.

O objetivo geral deste trabalho é investigar o desempenho e as características de diferentes variantes de Algoritmos Evolutivos (AEs), tais como AEs Monoobjetivo, AEs Multiobjetivo e AEs com muitos objetivos, no contexto de problemas complexos de otimização, com foco em sua eficiência, convergência e aplicabilidade. Pretende-se analisar comparativamente o impacto de parâmetros, como tamanho da população e técnicas de seleção, em problemas específicos, visando identificar configurações que otimizem a precisão e o tempo computacional. Este estudo busca contribuir para o avanço teórico da computação evolutiva, fornecendo uma base para o desenvolvimento de soluções robustas e adaptáveis em áreas de pesquisa operacional.

Para o desenvolvimento desta pesquisa, planeja-se utilizar um conjunto de algoritmos, softwares, hardwares e métodos que suportem a investigação comparativa das variantes de algoritmos evolutivos (AEs). Entre os algoritmos, serão implementadas e analisadas variantes como algoritmos genéticos (AGs), estratégias evolutivas (EEs), programação genética (PG) e evolução diferencial (ED), com ênfase em técnicas de seleção, como seleção por torneio, roleta e elitismo. Ajustes de parâmetros, como tamanho da população e número de gerações, serão explorados para otimizar o desempenho. Para implementação, serão utilizados softwares e bibliotecas amplamente adotados em computação evolutiva, como o framework DEAP (Distributed Evolutionary Algorithms in Python) para Python, que oferece ferramentas flexíveis para experimentação com AEs, e o MATLAB, que suporta simulações de otimização multiobjetivo. Métodos experimentais incluirão a comparação de desempenho em conjuntos de dados de benchmark, além da avaliação de métricas como precisão e tempo computacional.

2 Fundamentação Teórica

2.1 Algoritmos Evolutivos

O conceito de evolução natural, popularizado por Charles Darwin em sua obra publicada em 1859, *A Origem das Espécies*, representou uma ruptura no entendimento sobre a origem e o desenvolvimento da vida. Ao defender que os organismos se transformam ao longo do tempo por meio da seleção natural — um processo em que características vantajosas aumentam as chances de sobrevivência e reprodução — Darwin inaugurou uma nova perspectiva sobre a adaptação e a diversidade biológica. Essa visão serviu de inspiração, mais de um século depois, para o surgimento de técnicas computacionais baseadas em princípios evolutivos.

Dentre essas técnicas, destacam-se os algoritmos genéticos, formalizados por John Holland na década de 1970. Buscando resolver problemas de alta complexidade e custo computacional elevado, Holland propôs um método não determinístico que simula, de forma abstrata, o processo de evolução biológica. Nesse contexto, cada solução potencial de um problema é representada como um indivíduo dentro de uma população. Ao longo das gerações, os indivíduos mais bem avaliados com base em uma função de aptidão têm maior probabilidade de contribuir para a formação da próxima geração, por meio de operadores inspirados na genética, como o cruzamento (crossover) e a mutação ([HOLLAND, 1992](#); [EIBEN; SMITH, 2015](#)).

O funcionamento desses algoritmos baseia-se em ciclos iterativos de seleção, reprodução e substituição. Inicialmente, uma população é criada, geralmente de forma aleatória, e suas soluções são avaliadas conforme critérios de desempenho. As melhores são selecionadas para gerar novas combinações, buscando soluções mais eficientes. Para preservar a diversidade e evitar convergência prematura, pequenas mutações aleatórias são introduzidas nas soluções geradas. Esse processo se repete até que um critério de parada seja atingido, como o número de gerações ou a estabilidade da população ([GABRIEL; DELBEM, 2008](#); [COELLO, 2009](#)).

Com o avanço das aplicações, observou-se que muitos problemas reais envolvem múltiplos objetivos conflitantes, para os quais a abordagem tradicional de otimização escalar se mostrava insuficiente. Assim, surgiram os algoritmos genéticos multiobjetivo (AGMOs), capazes de lidar simultaneamente com diversos critérios de avaliação. Esses algoritmos buscam não apenas uma única solução ótima, mas um conjunto de soluções eficientes, conhecidas como Fronteira de Pareto, em que nenhuma solução é superior a outra em todos os aspectos considerados.

Esse paradigma evolutivo passou a constituir uma base sólida para resolver problemas complexos em diversas áreas do conhecimento, consolidando os algoritmos evolutivos como ferramentas versáteis e poderosas na ciência da computação e na inteligência artificial.

2.2 Fronteira de Pareto

Em problemas de otimização que envolvem múltiplos objetivos — muitas vezes conflitantes entre si — não existe, via de regra, uma única solução que seja a melhor em todos os critérios simultaneamente. Para lidar com esse cenário, introduz-se o conceito de Fronteira de Pareto, um conjunto que reúne as soluções consideradas ótimas do ponto de vista multiobjetivo ([VELDHUIZEN; LAMONT; OVELDHUIZENTHERS, 1998](#)).

Formalmente, a Fronteira de Pareto é composta pelas soluções não dominadas em relação às demais, ou seja, aquelas para as quais não existe outra solução que seja melhor em todos os objetivos ao mesmo tempo. Assim, uma solução é dita dominante sobre outra quando ela apresenta desempenho superior em pelo menos um critério sem ser inferior nos demais. O conjunto de todas as soluções não dominadas forma, portanto, uma espécie de "curva de equilíbrio" no espaço das soluções, conhecida como Fronteira de Pareto ([VELDHUIZEN; LAMONT; OVELDHUIZENTHERS, 1998](#)).

Em termos matemáticos, esse conceito pode ser compreendido por duas condições fundamentais ([COELLO, 2009](#)):

1. Para qualquer solução x na fronteira P , não existe outra solução y tal que

todas as funções objetivo de y sejam menores ou iguais às de x .

2. E deve existir pelo menos uma função objetivo em que y seja estritamente melhor que x .

Uma maneira intuitiva de compreender esse conceito é por meio de situações cotidianas que envolvem múltiplos critérios de escolha, como a seleção de um plano de internet. Suponha que uma pessoa deseje contratar um serviço considerando dois objetivos principais: velocidade de download e preço mensal. Planos com maior velocidade costumam ter um custo mais elevado, enquanto opções mais acessíveis tendem a oferecer uma conexão mais lenta. A Fronteira de Pareto, nesse contexto, seria composta pelos planos que proporcionam o melhor equilíbrio entre velocidade e preço — ou seja, aqueles que não são superados simultaneamente por nenhum outro plano nos dois critérios. Cada ponto da fronteira representa uma escolha eficiente, e a decisão final dependerá das prioridades individuais do usuário, uma vez que não existe uma única opção absolutamente superior (MARSON et al., 2017; VELDHUIZEN; LAMONT; OVELDHIJZENTHERS, 1998).

Em algoritmos genéticos multiobjetivo, o principal desafio é encontrar ou se aproximar dessa fronteira, maximizando a diversidade e a qualidade das soluções ao longo do processo evolutivo. Dessa forma, a Fronteira de Pareto não define uma única resposta ótima, mas sim um conjunto de soluções equivalentes em termos de eficiência, permitindo que a decisão final considere preferências específicas ou restrições contextuais.

2.3 Algoritmos Evolutivos Multi-Objetivos

Em problemas de otimização, a avaliação das soluções geralmente é feita por meio de uma função de aptidão, que orienta o processo de busca por alternativas mais eficientes. No entanto, quando há múltiplos objetivos em conflito, como ocorre em muitos cenários reais, essa avaliação exige abordagens mais sofisticadas, levando ao desenvolvimento de algoritmos evolutivos capazes de tratar simultaneamente diversos critérios de desempenho.

No entanto, essa lógica se torna mais sofisticada quando se trata de problemas com múltiplos objetivos simultâneos, dando origem aos chamados algoritmos evolutivos multiobjetivo (AEMOs). A distinção fundamental entre os AGs tradicionais e os AEMOs está na forma como a aptidão dos indivíduos é determinada. Em vez de uma única métrica de avaliação, os AEMOs lidam com vetores de objetivos, recorrendo a conceitos como dominância de Pareto para comparar soluções (BUENO; OLIVEIRA, 2010).

Um dos primeiros algoritmos genéticos adaptados para esse contexto foi o VEGA (Vector Evaluated Genetic Algorithm), proposto por Schaffer em 1985. Essa abordagem avaliava cada objetivo de forma isolada, gerando subconjuntos parciais de soluções. Apesar de pioneiro, o VEGA apresentava como limitação a baixa diversidade entre as soluções geradas, o que comprometia a representatividade da fronteira de Pareto.

Buscando superar essas deficiências, (GOLDBERG, 1989) introduziu uma estratégia baseada diretamente no conceito de dominância: a aptidão de uma solução passou a ser proporcional à quantidade de outras soluções que ela domina — ou seja, aquelas que ela supera em pelo menos um objetivo sem ser inferior nos demais. Essa lógica favorece soluções mais eficientes e bem posicionadas em relação à fronteira.

Entre os algoritmos multiobjetivo mais influentes e amplamente utilizados até os dias atuais estão o NSGA-II (Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm II), desenvolvido por (DEB, 2001), e o SPEA-II (Strength Pareto Evolutionary Algorithm II), proposto por (ZITZLER; LAUMANN; THIELE, 2001). Ambos se destacam pelo desempenho robusto em problemas com dois ou três objetivos. O NSGA-II organiza a população por níveis de não dominância e utiliza uma métrica de crowding distance para preservar a diversidade entre as soluções. Já o SPEA-II adota uma abordagem baseada em distâncias euclidianas entre os indivíduos, combinando dominância e densidade para avaliar a aptidão e conduzir a seleção evolutiva (DEB, 2001; ZITZLER; LAUMANN; THIELE, 2001).

Essas estratégias consolidaram os AEMOs como ferramentas essenciais na resolução de problemas reais com múltiplos critérios conflitantes, possibilitando

a obtenção de soluções equilibradas e diversificadas dentro do espaço de busca (NASCIMENTO, 2025).

2.4 Algoritmos Evolutivos com Muitos Objetivos

Inicialmente, os algoritmos evolutivos multiobjetivo foram projetados para lidar com problemas envolvendo dois ou três objetivos, com o intuito de aproximar a Fronteira de Pareto de forma eficaz. Após essa aproximação, é comum recorrer a um tomador de decisão — humano ou automatizado — para selecionar a solução mais adequada de acordo com preferências específicas. Contudo, à medida que o número de objetivos aumenta, especialmente acima de quatro, surgem desafios significativos: a diversidade de soluções cresce de forma exponencial e a escolha da solução final torna-se substancialmente mais complexa (GOULART; CAMPELO, 2016).

Diante dessas dificuldades, surgiu uma subárea dos algoritmos evolutivos conhecida como many-objective optimization, voltada especificamente para problemas com um grande número de objetivos simultâneos (CHAND; WAGNER, 2015). Diferentemente dos métodos tradicionais, esses algoritmos buscam estratégias mais eficientes para manter a diversidade, reduzir a complexidade computacional e facilitar o processo de decisão.

Apesar da relevância prática, não há um consenso rígido quanto ao número de objetivos que distingue um problema "multiobjetivo" de um "many-objective" (COELLO, 2009). A delimitação, na prática, ocorre quando os algoritmos clássicos de otimização multiobjetivo deixam de produzir resultados satisfatórios. Ainda assim, por convenção, adota-se geralmente que problemas com mais de quatro objetivos ($m > 4$) já se enquadram na categoria de many-objective.

Os problemas com muitos objetivos apresentam desafios que vão além dos enfrentados em cenários com poucos objetivos. Conforme destacado por (CHAND; WAGNER, 2015), tais problemas implicam uma maior dificuldade em manter boa convergência à Fronteira de Pareto, assegurar diversidade nas soluções e controlar o custo computacional da otimização. Esses desafios surgiram à medida que muitos dos métodos clássicos de otimização evolutiva para dois ou três objetivos come-

çaram a demonstrar desempenho insuficiente em cenários mais complexos. Diante disso, os Algoritmos Evolutivos com Muitos Objetivos (MaOEAs), abrangem novas estratégias capazes de lidar de forma mais eficiente com o grande número de objetivos presentes em problemas reais.

Historicamente, os primeiros experimentos com otimização de quatro ou mais objetivos datam do início dos anos 1990, com algoritmos como o Multi-Objective Genetic Algorithms - MOGA, aplicado por exemplo em um problema de projeto de turbina a gás com quatro objetivos (MURATA; ISHIBUCHI, 1995). A partir daquele ponto, houve um rápido crescimento na pesquisa dedicada ao tema — particularmente na última década — com inúmeros algoritmos sendo propostos, tais como os baseados em decomposição, seleção por indicadores de qualidade e vetor de referência. (CHAND; WAGNER, 2015) oferece uma visão abrangente sobre esses desenvolvimentos, listando benchmarks usados, algoritmos mais promissores e orientações para futuras pesquisas em aplicações reais de many-objective optimization.

O AEMMT (Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo com Muitas Tabelas) foi desenvolvido inicialmente para problemas com quatro objetivos, como a predição de estruturas de proteínas, em que algoritmos tradicionais falhavam (BRASIL; DELBEM; SILVA, 2013). Ele organiza a população em diversas tabelas (ou subpopulações), formadas por subconjuntos de objetivos, usando como critério de inserção a média ponderada das funções objetivo — com exceção da tabela de não dominância (ND), que aceita apenas indivíduos não dominados por nenhum outro. Já o AEMMD (Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo com Múltiplas Dominâncias) propõe modificações ao AEMMT: substitui a métrica de média ponderada por dominância em todas as tabelas, elimina o limite de tamanho das tabelas e utiliza um sistema de pontuação por convergência em vez de contribuição (LAFETÁ, 2016). Além disso, reduz a quantidade de tabelas necessárias, tornando o processo mais enxuto e focado em conjuntos de dois ou mais objetivos. Por fim, o MOEA/D (Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo Baseado em Decomposição) adota uma abordagem distinta, decompondo o problema original em subproblemas escalarizados, um para cada indivíduo da população (HE; YEN; ZHANG, 2014). Cada solução é associada a um vetor de pesos e interage apenas com vizinhos próximos definidos

por distância euclidiana. As soluções são combinadas e avaliadas com base em funções como Soma Ponderada, Tchebycheff ou PBI, e os indivíduos não dominados são armazenados em um arquivo separado, que representa a fronteira de Pareto aproximada ao final do processo.

2.5 O Problema de Predição de Estruturas de Proteínas

A Predição de Estrutura de Proteínas (PSP) é um dos problemas mais desafiadores da biologia molecular e da ciência da computação. Trata-se de um problema combinatório de alta complexidade, classificado como NP-Completo, cujo objetivo é determinar a estrutura tridimensional funcional de uma proteína a partir de sua sequência de aminoácidos. A resolução deste problema é fundamental, pois a estrutura de uma proteína está diretamente ligada à sua função biológica. O conhecimento dessas estruturas permite o desenvolvimento de novos fármacos e a compreensão de diversas doenças.

Embora existam métodos laboratoriais para determinar a estrutura proteica, como a Cristalografia de Raio X e a Ressonância Nuclear Magnética (RNM), eles são processos caros, lentos e com limitações técnicas, o que justifica a crescente busca por métodos computacionais de otimização.

2.5.1 Estrutura de Proteínas

Proteínas são macromoléculas biológicas essenciais, formadas por um conjunto de 20 tipos de aminoácidos ligados entre si por ligações peptídicas. A estrutura de uma proteína pode ser classificada em quatro níveis hierárquicos:

- **Estrutura Primária:** É a sequência linear de aminoácidos que compõe a cadeia polipeptídica, os aminoácidos compartilham uma estrutura básica formada por um grupo amino, um grupo carboxila, um hidrogênio e um grupo R variável, responsável pelas propriedades químicas de cada aminoácido. A Figura 2 apresenta a estrutura geral de um aminoácido.. Esta sequência é a informação mais fundamental, que define a identidade da proteína. As proteínas são compostas por aminoácidos,

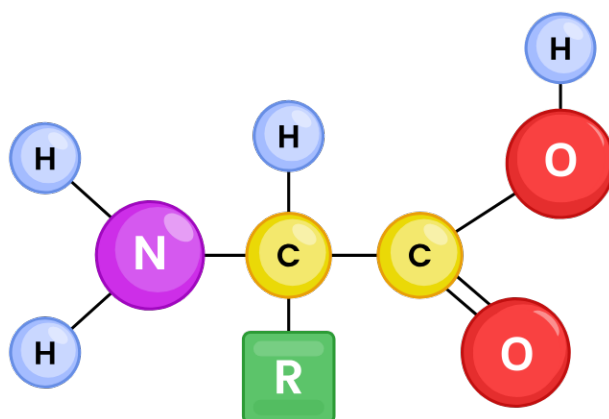


Figura 1 – Estrutura geral de um aminoácido, com destaque para o grupo R, responsável pelas propriedades específicas de cada aminoácido.

- **Estrutura Secundária:** Refere-se aos arranjos locais da cadeia de aminoácidos, estabilizados por pontes de hidrogênio. As formas mais comuns são as alfa-hélices (espirais) e as folhas-beta (segmentos dobrados em zigue-zague).
- **Estrutura Terciária:** Corresponde ao dobramento completo da cadeia polipeptídica no espaço, formando sua estrutura tridimensional funcional. Esta conformação é determinada por interações de longa distância entre os aminoácidos, especialmente as interações hidrofóbicas, onde os resíduos que têm aversão à água (hidrofóbicos) tendem a se agrupar no núcleo da proteína.
- **Estrutura Quaternária:** Ocorre em proteínas compostas por mais de uma cadeia polipeptídica (subunidades), descrevendo como essas subunidades se organizam e interagem para formar um complexo proteico funcional.

2.5.2 Métodos Computacionais de Predição

Os métodos computacionais de PSP buscam prever a estrutura terciária a partir da primária. A abordagem *ab initio* (ou "por primeiros princípios") é uma das mais importantes, pois utiliza apenas a sequência de aminoácidos como dado de entrada, sem depender de estruturas previamente conhecidas. Esses métodos baseiam-se na hipótese termodinâmica de que a estrutura nativa de uma proteína corresponde ao seu estado de menor energia livre global. Assim, o desafio é ma-

peado como um problema de otimização: encontrar a conformação que minimiza uma função de energia.

Devido à imensa complexidade e ao vasto espaço de busca conformacional, modelos simplificados são amplamente utilizados para tornar o problema computacionalmente tratável.

2.5.3 O Modelo Hidrofóbico-Polar (HP)

O Modelo Hidrofóbico-Polar (HP), proposto por (LAU; DILL, 1989), é um dos modelos em rede (lattice models) mais estudados para a PSP. Sua principal simplificação é a redução do alfabeto de 20 aminoácidos para apenas dois tipos: H (hidrofóbico, apolar) e P (polar, hidrofílico). A estrutura da proteína é representada como uma cadeia autoevitante de resíduos H e P dispostos sobre os vértices de uma malha regular, que pode ser bidimensional (quadrática) ou tridimensional (cúbica).

Neste modelo, a principal força motriz do dobramento são as interações entre os aminoácidos hidrofóbicos, que tendem a se agrupar no interior da estrutura, formando um núcleo compacto para reduzir o contato com o solvente (água). Como ilustrado na Figura 2, essa interação ocorre em uma malha bidimensional, onde cada vértice representa a posição de um aminoácido.

2.5.4 Funções de Energia no Modelo HP

A estabilidade de uma conformação no Modelo HP é avaliada por uma função de energia que quantifica as interações favoráveis. A energia de uma estrutura é calculada com base no número de contatos entre aminoácidos hidrofóbicos (H-H) que não são adjacentes na sequência primária, mas são vizinhos topológicos na malha.

O objetivo da otimização é encontrar a conformação que maximiza o número de contatos H-H, o que equivale a minimizar a energia livre da estrutura. A energia de conformação, conforme a clássica energia de Lau e Dill, pode ser expressa como o negativo do número de contatos H-H.

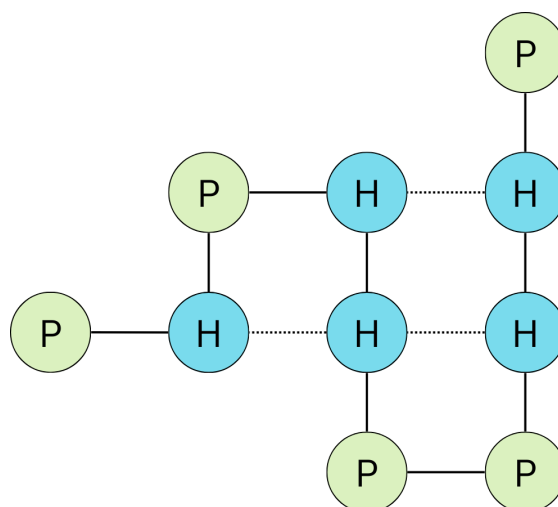


Figura 2 – Representação do Modelo Hidrofóbico-Polar (HP) em uma malha bidimensional, mostrando resíduos hidrofóbicos (H) e polares (P).

Recentemente, outras funções de energia foram propostas para refinar a avaliação. A energia simplificada, por exemplo, calcula a distância euclidiana entre todos os aminoácidos hidrofóbicos não consecutivos na malha, buscando conformações mais compactas. Além disso, abordagens multiobjetivo consideram simultaneamente o número de contatos H-H e o grau de compactação da estrutura (medido pela distância entre os resíduos H), permitindo uma avaliação mais robusta das soluções geradas.

3 Trabalhos Relacionados

Um marco importante na área é o trabalho de (ZHANG; LI, 2007), que introduziu o algoritmo MOEA/D (Multiobjective Evolutionary Algorithm based on Decomposition). Diferente dos métodos baseados apenas na dominância de Pareto, o MOEA/D decompõe um problema de otimização multiobjetivo em um conjunto de subproblemas de otimização escalar, resolvidos simultaneamente e de forma cooperativa. Essa abordagem permite que as soluções vizinhas compartilhem informações, promovendo maior diversidade e eficiência computacional. Por meio de experimentos em problemas-teste clássicos, os autores demonstraram que o MOEA/D alcança desempenho competitivo, especialmente em cenários de alta dimensionalidade, superando limitações comuns de algoritmos tradicionais.

Para contextualizar o desafio central desta área, o trabalho de (ISHIBUCHI; TSUKAMOTO; NOJIMA, 2008) apresenta uma revisão concisa e fundamental sobre a otimização com muitos objetivos (many-objective optimization). O estudo evidencia que algoritmos evolutivos multiobjetivo tradicionais, eficazes em cenários com dois ou três objetivos, passam a enfrentar sérias limitações quando esse número aumenta para quatro ou mais. Por meio de experimentos e análises, os autores demonstram a degradação da pressão seletiva — fenômeno em que quase todas as soluções se tornam não-dominadas, dificultando a evolução da população — e discutem abordagens propostas na literatura para mitigar tais desafios, como o uso de decomposição, métricas alternativas de diversidade e princípios de dominância modificados. Os resultados indicam que o crescimento no número de objetivos compromete severamente a capacidade de convergência dos algoritmos baseados unicamente em dominância de Pareto.

A utilização de algoritmos evolutivos multiobjetivo em problemas complexos tem se mostrado uma abordagem eficaz em diferentes domínios, especialmente quando é necessário lidar com múltiplos critérios conflitantes. Em um trabalho fundamental, (BRASIL, 2012) propôs o Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo com Muitas Tabelas (AEMMT) para o problema de predição ab initio de estruturas

de proteínas, que exige a minimização simultânea de diversas funções de energia conflitantes, como van der Waals, eletrostática, ligação de hidrogênio e solvatação. A metodologia adota múltiplas subpopulações (tabelas), cada uma dedicada a otimizar combinações específicas dos objetivos, permitindo uma amostragem mais ampla e precisa do espaço de soluções. Os resultados mostraram que o AEMMT foi capaz de lidar com mais de dez critérios, obtendo sucesso inclusive na predição de estruturas complexas com folhas- β .

No campo dos algoritmos evolutivos multiobjetivo aplicados a problemas de alocação de recursos, (SANTOS et al., 2023) avaliou comparativamente o AEMMT, o AEMMD (Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo com Múltiplas Dominâncias) e o consagrado NSGA-II no escalonamento de tarefas em sistemas multiprocessados. Considerando até cinco objetivos — como makespan e balanceamento de carga —, o autor adaptou e implementou os três algoritmos sob as mesmas condições experimentais. Os resultados indicaram superioridade do AEMMT, seguido pelo AEMMD, com o NSGA-II apresentando desempenho inferior. Essa evidência sugere que variantes baseadas em tabelas podem oferecer soluções de maior qualidade em problemas com múltiplos critérios, reforçando seu potencial para a otimização de portfólios.

Expandindo essa análise, (SANTOS, 2024) incorporou o NSGA-III à comparação, mantendo o problema de escalonamento como referência. Projetado especificamente para problemas com muitos objetivos, o NSGA-III utiliza um mecanismo de seleção baseado em pontos de referência, que garante melhor distribuição das soluções na fronteira de Pareto. Os resultados foram contundentes: o NSGA-III superou todos os demais algoritmos na maioria dos cenários, com vantagem mais expressiva em instâncias de maior complexidade. Essa característica, de manter simultaneamente alta diversidade e boa convergência, reforça a conclusão do estudo de que o NSGA-III se destaca como uma abordagem superior para problemas altamente complexos.

Ainda, explorando o potencial das variantes, (NASCIMENTO; VARGAS; WANNER, 2024) investigaram uma versão híbrida do NSGA-III, combinando-o com Evolução Diferencial, Sine Cosine Algorithm e Otimização Aritmética. Aplicada a problemas multi e muitos objetivos baseados em cenários reais, a abordagem

híbrida apresentou melhorias estatisticamente significativas nos indicadores IGD+ e HyperVolume em relação à versão original. Esses resultados demonstram que a hibridização é uma estratégia eficaz para potencializar o desempenho do NSGA-III, estabelecendo a versão híbrida como uma abordagem com desempenho global superior para os problemas analisados.

De forma também aplicável ao presente projeto, ([MWAMBA; MBUCICI; MBA, 2025](#)) avaliaram o NSGA-III na otimização de portfólios financeiros. O estudo comparou-o ao tradicional método de Média-Variância de Markowitz, considerando múltiplos objetivos: risco, retorno, assimetria (skewness) e curtose (kurtosis). Utilizando um conjunto de ativos globais, os autores demonstraram que o NSGA-III produziu carteiras mais diversificadas e robustas, com maiores índices de Sharpe, melhor assimetria e menor curtose, superando de forma consistente o método clássico. Este trabalho estabelece uma ponte direta entre a literatura de algoritmos evolutivos e o problema-alvo desta pesquisa, oferecendo um benchmark fundamental.

Demonstrando a versatilidade do AEMMT, ([MACRI; BRASIL, 2025](#)) aplicaram-no ao Problema de Roteamento de Veículos (PRV), com foco na distribuição de combustível. O estudo comparou uma versão multiobjetivo, que minimizava simultaneamente distância, tempo e combustível, com uma versão monoobjetivo baseada na ponderação desses mesmos critérios. A implementação de ambas as abordagens e a análise do comportamento evolutivo dos critérios mostraram que o AEMMT superou a versão monoobjetivo, especialmente pela melhoria contínua ao longo das gerações e pela exploração mais ampla do espaço de busca. Tal desempenho reforça a robustez do AEMMT e sua aplicabilidade em problemas combinatórios de alta complexidade.

A Tabela 1, a seguir, oferece um resumo comparativo dos trabalhos relacionados discutidos neste capítulo, detalhando os principais elementos de cada estudo. Nela, observa-se uma tendência clara na aplicação de algoritmos cada vez mais sofisticados, como o AEMMT e o NSGA-III, para lidar com um número crescente de objetivos. Nota-se também a superioridade consistente das abordagens multiobjetivo em relação às mono-objetivo e de algoritmos para muitos objetivos em cenários de maior complexidade.

Tabela 1 – Comparação entre trabalhos relacionados

Referência	Problema-alvo	Algoritmo(s) Utilizado(s)	Nº Obj.	Métricas de Avaliação	Principais Resultados
Zhang e Li (2007)	Problemas de otimização multiobjetivo clássicos	MOEA/D	2 a muitos	Fronteira de Pareto, diversidade e convergência	MOEA/D superou métodos tradicionais ao decompor o problema em subproblemas escalares, promovendo diversidade e eficiência computacional.
Ishibuchi et al. (2008)	Revisão de problemas many-objective	NSGA-II e variações	≥ 4	Pressão seletiva, dominância, diversidade	Identificou limitações dos algoritmos baseados em Pareto em cenários com muitos objetivos, propondo alternativas como decomposição e métricas de diversidade.
Brasil (2012)	Predição <i>ab initio</i> de estrutura de proteínas	AEMMT	> 10	Qualidade da predição estrutural, convergência da busca	AEMMT obteve soluções de alta qualidade, capaz de lidar com mais de dez funções objetivo, gerando predições precisas de estruturas complexas.
Santos (2023)	Escalonamento de tarefas multiprocessadas	AEMMT, AEMMD, NSGA-II	Até 5	Makespan, balanceamento de carga, tempo de fluxo, custo de comunicação	AEMMT apresentou melhor desempenho geral, seguido de AEMMD; NSGA-II obteve resultados inferiores.
Santos (2024)	Escalonamento de tarefas multiprocessadas	AEMMT, AEMMD, NSGA-II, NSGA-III	Até 5	Média simples, média harmônica, HyperVolume	NSGA-III superou consistentemente os demais, especialmente em problemas de maior complexidade.
Nascimento et al. (2024)	Problemas multi e muitos objetivos reais	NSGA-III híbrido (com ED, SCA e AOA)	3 a 5	IGD+, HyperVolume	Versão híbrida superou a original estatisticamente, indicando maior eficiência e diversidade das soluções obtidas.
Mwamba et al. (2025)	Otimização de portfólios financeiros	NSGA-III, Média-Variância	4	Índice de Sharpe, <i>skewness</i> , <i>kurtosis</i> , retorno e risco	NSGA-III produziu carteiras mais diversificadas, com melhor índice de Sharpe, assimetria favorável e menor curtose que o modelo tradicional.
Macri e Brasil (2025)	Problema de Roteamento de Veículos (distribuição de combustível)	AEMMT, AE monoobjetivo	4	Melhoria percentual por critério, evolução ao longo das gerações	AEMMT superou AE monoobjetivo em todos os critérios, explorando melhor o espaço de busca e mantendo diversidade de soluções.

4 Metodologia

4.1 Etapa 1 – Estudo sobre a área de Algoritmos Evolutivos (AE)

O primeiro passo da pesquisa consiste em realizar um levantamento e estudo aprofundado sobre os Algoritmos Evolutivos, abordando seus princípios, funcionamento, histórico e principais aplicações. Essa etapa é fundamental para consolidar a base conceitual do trabalho, permitindo compreender como esses algoritmos são utilizados em diferentes contextos de otimização e justificando a relevância de investigar suas variantes.

4.2 Etapa 2 – Estudo sobre os algoritmos MultiObjetivo e com Muitos Objetivos

Em seguida, será realizada uma investigação direcionada aos algoritmos de otimização multiobjetivo e de muitos objetivos, que se diferenciam pela capacidade de lidar com múltiplas funções de aptidão simultaneamente. Esse estudo é essencial, pois o trabalho foca na comparação entre o AEMMT e o NSGA-III, algoritmos que se enquadram nessa categoria. Assim, busca-se compreender as particularidades dessas abordagens, bem como seus pontos fortes e limitações.

4.3 Etapa 3 – Pesquisa em coletânea de artigos científicos

A revisão da literatura especializada será conduzida com base em artigos científicos recentes, de forma a identificar pesquisas relacionadas, métodos empregados, funções de aptidão utilizadas e resultados alcançados. Essa análise crítica permitirá situar o trabalho no estado da arte, apontar lacunas ainda pouco exploradas e reforçar a relevância da investigação proposta. Além disso, será nessa etapa

que se definirá a terceira função de aptidão, a partir das evidências coletadas na literatura.

4.4 Etapa 4 – Definição do problema da predição de proteínas

Com a fundamentação teórica estabelecida, o próximo passo é a formalização do problema aplicado: a predição de proteínas. Essa etapa envolve detalhar as funções de aptidão escolhidas, como a energia de Lau e Dill e a energia simplificada, bem como justificar sua pertinência para avaliar a qualidade das estruturas proteicas geradas. A clareza nessa definição assegura a validade dos experimentos e permite estabelecer métricas de comparação entre os algoritmos.

4.5 Etapa 5 – Implementação dos algoritmos e aplicação ao problema

Nesta etapa, inicialmente, será implementado um Algoritmo Evolutivo MonoObjetivo para auxiliar na fundamentação e compreensão do funcionamento e aplicação do algoritmo e problemática. Na sequência o algoritmo selecionado - AEMMT - será implementado e adaptado ao contexto do problema de predição de proteínas. O objetivo é garantir que cada variante seja avaliada sob as mesmas condições, utilizando as funções de aptidão definidas anteriormente. Essa fase representa o desenvolvimento experimental da pesquisa, sendo indispensável para colocar em prática as hipóteses levantadas.

4.6 Etapa 6 – Experimentação e análise de resultados

A etapa final envolve rodar experimentos controlados, coletar dados de desempenho dos algoritmos (como convergência, diversidade das soluções e valores obtidos pelas funções de aptidão) e comparar os resultados de forma sistemática. Essa análise permitirá avaliar a efetividade das variantes e responder ao objetivo central do TCC.

Referências

BRASIL, C. R.; DELBEM, A. C.; SILVA, F. L. da. Multiobjective evolutionary algorithm with many tables for purely *ab initio* protein structure prediction. **Journal of Computational Chemistry**, v. 34, n. 20, p. 1719–1734, July 2013. ISSN 0192-8651. Disponível em: <<https://doi.org/10.1002/jcc.23315>>. Citado na página 17.

BRASIL, C. R. S. **Algoritmo evolutivo de muitos objetivos para predição ab initio de estrutura de proteínas**. Tese (Doutorado) — Universidade de São Paulo, 2012. Citado na página 22.

BUENO, M. L.; OLIVEIRA, G. M. Multicast flow routing: Evaluation of heuristics and multiobjective evolutionary algorithms. In: **IEEE Congress on Evolutionary Computation**. IEEE, 2010. p. 1–8. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/CEC.2010.5585942>>. Citado na página 15.

CHAND, S.; WAGNER, M. Evolutionary many-objective optimization: A quick-start guide. **Surveys in Operations Research and Management Science**, Elsevier BV, v. 20, n. 2, p. 35–42, Dec 2015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1876735415000148?utm_source=chatgpt.com>. Citado 2 vezes nas páginas 16 e 17.

COELLO, C. A. C. Evolutionary multi-objective optimization: some current research trends and topics that remain to be explored. **Frontiers of Computer Science in China**, Springer, v. 3, n. 1, p. 18–30, 2009. Citado 3 vezes nas páginas 12, 13 e 16.

CUTELLO, V.; NARZISI, G.; NICOSIA, G. A multi-objective evolutionary approach to the protein structure prediction problem. **Journal of the Royal Society Interface**, v. 3, n. 6, p. 139–151, February 2006. ISSN 1742-5689. Disponível em: <<https://doi.org/10.1098/rsif.2005.0083>>. Citado na página 10.

DEB, K. **Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms**. [S.l.]: Wiley, 2001. 518 p. ISBN 9780471873396. Citado na página 15.

EIBEN, A.; SMITH, J. **Introduction to Evolutionary Computing**. [S.l.]: Springer, 2015. (Natural Computing Series). Gebeurtenis: 2nd edition. ISBN 9783662448731. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 12.

GABRIEL, P. H. R.; DELBEM, A. C. B. **Fundamentos de algoritmos evolutivos**. [S.l.]: ICMC-USP, 2008. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 12.

GOLDBERG, D. E. **Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning**. Boston, MA, USA: Addison-Wesley Pub. Co., 1989. 412 p. ISBN 0201157675. Citado na página 15.

GOULART, F.; CAMPELO, F. Preference-guided evolutionary algorithms for many-objective optimization. **Information Sciences**, v. 329, p. 236–255, 2016. ISSN 0020-0255. Special issue on Discovery Science. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0020025515006696>. Citado na página 16.

HE, Z.; YEN, G. G.; ZHANG, J. Fuzzy-based pareto optimality for many-objective evolutionary algorithms. **IEEE Transactions on Evolutionary Computation**, IEEE, v. 18, n. 2, p. 269–285, 2014. Citado na página 17.

HOLLAND, J. **Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Applications to Biology, Control, and Artificial Intelligence**. MIT Press, 1992. (Complex Adaptive Systems). ISBN 9780262581110. Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=5EgGaBkwvWcC>. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 12.

ISHIBUCHI, H.; TSUKAMOTO, N.; NOJIMA, Y. Evolutionary many-objective optimization: A short review. In: IEEE. **2008 IEEE congress on evolutionary computation (IEEE world congress on computational intelligence)**. [S.l.], 2008. p. 2419–2426. Citado na página 22.

KOZA, J. R. Genetic programming as a means for programming computers by natural selection. **Statistics and Computing**, v. 4, n. 2, p. 87–112, June 1994. ISSN 1573-1375. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/BF00175355>. Citado na página 10.

LAFETÁ, T. F. d. Q. **Algoritmos evolutivos many objectives aplicados ao problema de roteamento multicast com qualidade de serviço**. Dissertação (Dissertação de Mestrado) — Universidade Federal de Uberlândia, 2016. Citado na página 17.

LAU, K. F.; DILL, K. A. A lattice statistical mechanics model of the conformational and sequence spaces of proteins. **Macromolecules**, ACS Publications, v. 22, n. 10, p. 3986–3997, 1989. Citado na página 20.

MACRI, A.; BRASIL, C. Uma análise de múltiplos critérios do problema de roteamento de veículos usando o aemmt. **Anais do Computer on the Beach**, v. 16, p. 134–139, 05 2025. Citado na página 24.

MARSON, G. A. et al. Análise comparativa dos algoritmos genéticos many-objective em problemas de otimização discreta. Universidade Federal de Uberlândia, 2017. Citado na página 14.

MURATA, T.; ISHIBUCHI, H. Moga: Multi-objective genetic algorithms. In: **IEEE International Conference on Evolutionary Computation**. IEEE, 1995. v. 1, p. 289. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/ICEC.1995.489161>>. Citado na página 17.

MWAMBA, J. W. M.; MBUCICI, L. M.; MBA, J. C. Multi-objective portfolio optimization: An application of the non-dominated sorting genetic algorithm iii. **International Journal of Financial Studies**, v. 13, n. 1, 2025. ISSN 2227-7072. Disponível em: <<https://www.mdpi.com/2227-7072/13/1/15>>. Citado na página 24.

NASCIMENTO, G. V. Algoritmo evolutivo multiobjetivo com medida de uniformidade no espaço de decisão aplicado no problema da dieta. 2025. Citado na página 16.

NASCIMENTO, M. O. **Algoritmo Evolutivo aplicado ao Problema do Percurso do Cavalo**. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Sistemas de Informação) — Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2023. 73 f. Citado na página 10.

NASCIMENTO, P.; VARGAS, D. E.; WANNER, E. Performance evaluation of a hybrid nsga-iii for multi and many-objective optimization in real-world problems. In: **Anais do XV Workshop de Sistemas de Informação**. Porto Alegre, RS, Brasil: SBC, 2024. p. 80–85. ISSN 0000-0000. Disponível em: <<https://sol.sbc.org.br/index.php/wsis/article/view/33677>>. Citado na página 23.

ROEVA, O.; FIDANOVA, S.; PAPRZYCKI, M. Population size influence on the genetic and ant algorithms performance in case of cultivation process modeling. In: _____. **Recent Advances in Computational Optimization: Results of the Workshop on Computational Optimization WCO 2013**. Cham: Springer International Publishing, 2015. p. 107–120. ISBN 978-3-319-12631-9. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-12631-9_7>. Citado na página 10.

SANTOS, J. F. et al. Algoritmos evolutivos multiobjetivo baseados em tabelas para escalonamento de tarefas em ambientes multiprocessados. Universidade Federal de Uberlândia, 2023. Citado na página 23.

SANTOS, M. R. Aplicação do nsga-iii ao problema de escalonamento multiobjetivo de tarefas. Universidade Federal de Uberlândia, 2024. Citado na página 23.

SILVA, C. A. d. **Uma análise de parâmetros do algoritmo evolutivo voltado para o problema de predição de proteínas**. 2023. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Sistemas de Informação) – Universidade Federal de Uberlândia. Disponível em: <<https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/37547>>. Citado na página 10.

SLOWIK, A.; KWASNICKA, H. Evolutionary algorithms and their applications to engineering problems. **Neural Computing and Applications**, v. 32, n. 16, p. 12363–12379, August 2020. ISSN 1433-3058. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s00521-020-04832-8>>. Citado na página 10.

STANLEY, K. O.; MIIKKULAINEN, R. Evolving neural networks through augmenting topologies. **Evolutionary Computation**, v. 10, n. 2, p. 99–127, 2002. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 10.

VELDHUIZEN, D. A. V.; LAMONT, G. B.; OVELDHUIZENTHERS. Evolutionary computation and convergence to a pareto front. In: **Late breaking papers at the genetic programming 1998 conference**. [S.l.: s.n.], 1998. p. 221–228. Citado 2 vezes nas páginas 13 e 14.

XIA, X.; NING, D.; LIU, P.; DU, H.; ZHANG, N. Electrical network optimization for electrically interconnected suspension system. **Mechanical Systems and Signal Processing**, v. 187, p. 109902, 2023. ISSN 0888-3270. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0888327022009700>>. Citado na página 9.

ZHANG, Q.; LI, H. Moea/d: A multiobjective evolutionary algorithm based on decomposition. **IEEE Transactions on evolutionary computation**, IEEE, v. 11, n. 6, p. 712–731, 2007. Citado na página 22.

ZITZLER, E.; LAUMANN, M.; THIELE, L. **SPEA2: Improving the Strength Pareto Evolutionary Algorithm**. [S.l.], 2001. Disponível em: <<https://doi.org/10.3929/ethz-a-004284029>>. Citado na página 15.