UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE INFORMÁTICA

PEDRO HENRIQUE SANCHES PELEGRINO ZAMBRANO

Uma abordagem Multi-Objetivo do método de Fertilização In Vitro para o algoritmo SPEA2

Goiânia
2023

Digitalizado com CamScanner

sistema de bibliotecas ufg

PRPG
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO

UFG

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou *download*, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

1. Identificação do material bibliográfico: **[x] Dissertação** **[ ] Tese**

2. Identificação da Tese ou Dissertação:

Nome completo do autor: Pedro Henrique Sanches Pelegrino Zambrano

Título do trabalho: Uma abordagem Multi-Objetivo do método de Fertilização In Vitro para o algoritmo SPEA2

3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento [**x**] SIM [ ] NÃO[1]

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.

Documento assinado digitalmente
gov.br PEDRO HENRIQUE SANCHES PELEGRINO ZA
Data: 03/03/2023 11:53:15-0300
Verifique em https://verificador.iti.br

Assinatura do(a) autor(a)[2]

Ciente e de acordo:

Assinatura do(a) orientador(a)[2]

Data: 03 / 03 / 2023

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.
Casos de embargo:
- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

[2] A assinatura deve ser escaneada.

Versão atualizada em setembro de 2017.

Digitalizado com CamScanner

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE INFORMÁTICA

AUTORIZAÇÃO PARA PUBLICAÇÃO DE TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO EM FORMATO ELETRÔNICO

Na qualidade de titular dos direitos de autor, **AUTORIZO** a Instituto de Informática da Universidade Federal de Goiás – UFG a reproduzir, inclusive em outro formato ou mídia e através de armazenamento permanente ou temporário, bem como publicar na rede mundial de computadores (*Internet*) e na biblioteca virtual da UFG, entendendo-se os termos "reproduzir" e "publicar" conforme definições dos incisos I e VI, respectivamente, do artigo 5º da Lei nº 9610/98 de 10/02/1998, a obra abaixo especificada, sem que me seja devido pagamento a título de direitos autorais, desde que a reprodução e/ou publicação tenham a finalidade exclusiva de uso por quem a consulte, e a título de divulgação da produção acadêmica gerada pela Universidade, a partir desta data.

Título: Uma abordagem Multi-Objetivo do método de Fertilização In Vitro para o algoritmo SPEA2

Autor(a): Pedro Henrique Sanches Pelegrino Zambrano

Goiânia, 23 de Fevereiro de 2023 .

gov.br Documento assinado digitalmente
PEDRO HENRIQUE SANCHES PELEGRINO ZA
Data: 04/03/2023 15:58:26-0300
Verifique em https://verificador.iti.br

Pedro Henrique Sanches Pelegrino Zambrano – Autor

Dr. Celso G. Camilo-Junior – Orientador

gov.br Documento assinado digitalmente
SAVIO MENEZES SAMPAIO
Data: 04/03/2023 16:14:15-0300
Verifique em https://verificador.iti.br

Sávio Menezes Sampaio – Co-Orientador

Digitalizado com CamScanner

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE INFORMÁTICA

BANCA EXAMINADORA

(_____Pedro Henrique Sanches Pelegrino Zambrano_____)

*(*_____Uma abordagem Multi-Objetivo do método de Fertilização In Vitro para o algoritmo SPEA2_____*)*

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Universidade Federal de Goiás como parte dos requisitos para a obtenção do título de Bacharel em (_____Ciências da Computação__).

Orientador: Prof. Dr. __Celso Gonçalves Camilo Junior____

Aprovado em _23/02/2023.

Examinadores:

Prof. Dr. _Celso Gonçalves Camilo Junior___
Universidade Federal de Goiás
Instituto de Informática

Prof. Dr.__Vagner José do Sacramento Rodrigues
Universidade Federal de Goiás
Instituto de Informática

Documento assinado eletronicamente por **Celso Gonçalves Camilo Júnior**, **Professor do Magistério Superior**, em 23/02/2023, às 19:10, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.

Documento assinado eletronicamente por **Vagner José Do Sacramento Rodrigues**, **Professor do Magistério Superior**, em 23/02/2023, às 19:10, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.

Digitalizado com CamScanner

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **3542628** e o código CRC **F21B9574**.

Digitalizado com CamScanner

PEDRO HENRIQUE SANCHES PELEGRINO ZAMBRANO

Uma abordagem Multi-Objetivo do método de Fertilização In Vitro para o algoritmo SPEA2

Trabalho de Conclusão apresentado à Coordenação do Curso de Computação do Instituto de Informática da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Computação.

Área de concentração: Ciência da Computação.

Orientador: Prof. Dr. Celso G. Camilo-Junior

Co-Orientador: Prof. Sávio Menezes Sampaio

Goiânia
2023

Digitalizado com CamScanner

PEDRO HENRIQUE SANCHES PELEGRINO ZAMBRANO

Uma abordagem Multi-Objetivo do método de Fertilização In Vitro para o algoritmo SPEA2

Trabalho de Conclusão apresentado à Coordenação do Curso de Computação do Instituto de Informática da Universidade Federal de Goiás como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Computação, aprovada em 23 de Fevereiro de 2023 , pela Banca Examinadora constituída pelos professores:

Prof. Dr. Celso G. Camilo-Junior
Instituto de Informática – UFG
Presidente da Banca

Documento assinado digitalmente
SAVIO MENEZES SAMPAIO
Data: 04/03/2023 16:15:57-0300
Verifique em https://verificador.iti.br

Prof. Sávio Menezes Sampaio
Instituto de Informática – UFG

Documento assinado digitalmente
VAGNER JOSE DO SACRAMENTO RODRIGUE
Data: 06/03/2023 21:49:00-0300
Verifique em https://verificador.iti.br

Prof. Dr. Vagner José do Sacramento Rodrigues
Instituto de Informática – UFG

Digitalizado com CamScanner

Todos os direitos reservados. É proibida a reprodução total ou parcial do trabalho sem autorização da universidade, do autor e do orientador(a).

Pedro Henrique Sanches Pelegrino Zambrano

Graduando em Ciência da Computação na UFG - Universidade Federal de Goiás. Durante sua graduação, foi monitor no Instituto de Informática da UFG. Integra o grupo de estudo i4Soft/CExIA - "Lado i". Atualmente é pesquisador da FUNAPE em um trabalho de especialização em Inteligência Artificial

Digitalizado com CamScanner

Dedico este trabalho a Deus, aos professores e amigos que encontrei nesta vida e principalmente à minha família, em especial ao meu pai que faleceu em um acidente durante o período de graduação, sendo minha maior inspiração e motivo de querer ser melhor a cada dia, a minhas irmãs e minha mãe que foram o alicerce da minha vida, me apoiando e me reerguendo nos momentos difíceis.

Digitalizado com CamScanner

Agradecimentos

Agradeço a Deus pela resiliência que me foi dada, possibilitando com que continuasse no caminho superando as dificuldades impostas.

Agradeço a Deus pelas possibilidades e tudo aquilo que foi posto em meu caminho, formando as experiências vividas e me ajudando a descobrir o que eu era de fato.

À minha família por ser meu pilar, meu porto seguro, me propiciando a vontade de adquirir conhecimento, com meu pai Darci e minha mãe Luciana sempre ressaltando o quão importante é seguir nossos sonhos, estando sempre dando todo o suporte necessário durante a caminhada, sem isso, nada seria.

Às minhas irmãs Ana Carolina, Diana Natalia e Anita Maria que sempre estiveram ao meu lado, me fortificando, animando e sendo de fato família.

A meu orientador, professor Celso Camilo, pela confiança, pelos valiosos direcionamentos e oportunidades.

A meu coorientador Sávio Menezes, por ter me ensinado tanto, ter direcionado e por toda a atenção dispensada durante essa jornada.

Aos meus amigos do grupo de estudo, em especial Altino Dantas e Eduardo Souza, que passaram orientações indispensáveis, me mostrando o quão legal e empolgante poderia ser estudar, me corrigindo e mostrando os caminhos possíveis com importantes discussões e direcionamentos.

A todos os meus amigos e colegas de faculdades, em especial meus amigos da graduação e do coração Douglas, Franciely, Isaac, Leles, Lucas, Marcelo, Miguel, Python e Yuri que me fizeram sair do buraco em vários momentos difíceis longe da família e com dúvidas sobre meu futuro, me propiciando uma felicidade que jamais pensei que poderia ter em Goiânia.

À Universidade Federal de Goiás, o Instituto de Informática, seu corpo docente, diretores e técnicos administrativos pela estrutura e manutenção das condições necessárias ao estudo.

Digitalizado com CamScanner

Nada como um dia após o outro, continuar, viver, tenho que me levantar de novo e acreditar dias melhores virão

CPM22,
Música: Perdas.

Digitalizado com CamScanner

Resumo

Sanches, Pedro. **Uma abordagem Multi-Objetivo do método de Fertilização In Vitro para o algoritmo SPEA2**. Goiânia, 2023 . 61p. Relatório de Graduação. Instituto de Informática, Universidade Federal de Goiás.

Este trabalho propõe o acoplamento do método Fertilização In Vitro ao algoritmo evolutivo multiobjetivo SPEA2, assim como um conjunto de experimentos para avaliar o seu desempenho em comparação com o algoritmo SPEA2 canônico, com o uso do benchmark ZDT e a métrica Inverted Generational Distance que são amplamente utilizados para medir a performance da otimização. Os resultados demonstram que o acoplamento do método IVF contribuiu para a convergência e diversificação das soluções conhecidas pelo algoritmo "hospedeiro", principalmente em problemas com configuração multimodal, proporcionando a capacidade de obter performances satisfatórias em configurações diferentes.

Palavras–chave

In Vitro Fertilization Method, Algoritmos Meméticos Multi-Objetivo, Algoritmos Evolucionários Multi-Objetivo, Algoritmos Genéticos, SPEA2, Problema ZDT

Digitalizado com CamScanner

Abstract

Sanches, Pedro. **Multi-Objective Approach to the In Vitro Fertilization Method for the SPEA2 Algorithm**. Goiânia, 2023 . 61p. Relatório de Graduação. Instituto de Informática, Universidade Federal de Goiás.

The in vitro fertilization genetic algorithm (IVF/GA) is applied to single-objective problems, especially those that are complex and multimodal. Subsequently, the IVF/NSGA-II and IVF/GDE3 versions were applied to multi-objective problems due to their ability to balance the intensification and exploration of the search space and avoid local optima. It is believed that this method can also improve the results of the SPEA2 algorithm. We propose to couple the IVF method to the SPEA2 algorithm, thus creating a new multi-objective memetic algorithm IVF/SPEA2. The effectiveness of this proposal was evaluated by comparing the canonical SPEA2 with the memetic IVF/SPEA2, applied to the multi-objective ZDT benchmark. The results show that the IVF method for multi-objective approach contributed to the memetic versions outperforming the canonical versions, indicating that this approach is promising to support MOEAs like SPEA2.

Keywords

In Vitro Fertilization Method, Multi-Objective Memetic Algorithms, MultiObjective Evolutionary Algorithms, Genetic Algorithms, SPEA2, ZDT Problems

Digitalizado com CamScanner

Sumário

Lista de Figuras 14

Lista de Tabelas 16

1 Introdução 17
- 1.1 Objetivos 18
- 1.2 Organização do Trabalho 18

2 Fundamentação Teórica 20
- 2.1 Algoritmos Genéticos 20
  - 2.1.1 Cromossomo e função de aptidão 21
  - 2.1.2 Seleção 23
  - 2.1.3 Cruzamento 23
  - 2.1.4 Mutação 24
  - 2.1.5 Gerações e sobrevivência 25
  - 2.1.6 Critério de parada 26
- 2.2 Otimização Multi-Objetivo 26
- 2.3 Indicador de qualidade em otimização Multi-Objetivo 27
  - 2.3.1 IGD 28
- 2.4 SPEA2 - The Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2 28
- 2.5 Método de Fertilização In Vitro 30
- 2.6 Trabalhos Correlatos 32

3 Propostas 34
- 3.1 Método de Fertilização In Vitro acoplado ao SPEA2: IVF/SPEA2 34
  - 3.1.1 Acoplamento do módulo IVF ao fluxo do SPEA2 (IVF/SPEA2) 35
    - Coleta do módulo IVF acoplado 35
    - Manipulação genética do módulo IVF acoplado 36
    - Transferência do módulo IVF acoplado 36

4 Experimentos e resultados 38
- 4.1 Benchmark ZDT 38
- 4.2 Experimento: IVF/SPEA2 40
  - 4.2.1 Parametrização do experimento 40
- 4.3 Resultados do experimento: IVF/SPEA2 41
  - 4.3.1 ZDT1 41
  - 4.3.2 ZDT2 43
  - 4.3.3 ZDT3 45
  - 4.3.4 ZDT4 47

Digitalizado com CamScanner

4.3.5 ZDT5 49
4.3.6 ZDT6 51
4.3.7 Diferença estatística: IVF/SPEA2 e SPEA2 53
4.3.8 Conclusões do experimento 53

5 Conclusões **55**
5.1 Ameaças à validade 56
5.2 Trabalhos Futuros 57

Referências **59**

Digitalizado com CamScanner

Lista de Figuras

2.1 Fluxo resumido de um Algoritmo Genético, com a inicialização, avaliação de aptidão, verificação do critério de parada, seleção, cruzamento e mutação 21
2.2 Exemplo de cromossomo com representações: Real, Binária e Combinatória, mostrando exemplos de alelo, gene e cromossomo. 23
2.3 Exemplo de reprodução com representação real, corte em 2 pontos e geração de dois filhos. 24
2.4 Exemplo de mutação Bit Flip com inversão de apenas um gene(segundo) dentre os 5 possíveis com representação binária. 25
2.5 Exemplificação dos termos convergência e diversificação dentro do espaço de busca do problema. Adaptado de IVF/NSGA-II, LACCI 2017. 27
2.6 Exemplos de cálculo de distância IGD, onde existem dois conjuntos, estando o conjunto A com um IGD melhor ao conjunto B, considerando um problema de minimização. 28
2.7 Demonstrativo de fronteiras obtidas pelos problemas NSGA2, PESA, SPEA e SPEA2 para otimização do problema KP-750-2. Retirado do artigo SPEA2 por Zitzler em 2001, problema KP-750-2. 29
2.8 Fluxo resumido do método de Fertilização In Vitro acoplado a um algoritmo evolutivo realizando a transferência após o fluxo do "hospedeiro". 30
2.9 Exemplo do primeiro estágio da Manipulação Genética: operadores de exploração. O operador EAR-P demonstrado muta parte do cromossomo de metade das mães coletadas (das mães com menores aptidões). 31
2.10 Exemplo do segundo estágio da Manipulação Genética: operadores de recombinação. O operador de cruzamento demonstrado cruza o material genético do pai corrente com toda a população de mães retornada pela fase anterior, ao fim, com base na aptidão do super-bebe gerado, a decisão se um novo ciclo deve ser iniciado é feita. 32

3.1 Exemplo de Coleta, demonstrando as características que fundamentam a escolha dos indivíduos como mães. 36
3.2 Acoplamento do IVF multi-objetivo ao fluxo do SPEA2, na versão IVF/SPEA2. 37

4.1 Geometria das fronteiras de Pareto dos problemas do benchmark ZDT. Apesar da semelhança entre ZDT1 e ZDT4, a geometria do espaço de objetivos em ZDT4 é altamente multimodal, contendo 21^9 fronteiras locais. 39
4.2 Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT1, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos. 43

Digitalizado com CamScanner

4.3 Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT2, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos. 44
4.4 Gráficos comparando as 30 fronteiras retornadas na configuração com menor média do IVF/SPEA2 com o SPEA2 canônico no problema desconecto e multimodal ZDT3. 45
4.5 Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT3, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos. 47
4.6 Gráficos comparando as 30 fronteiras retornadas na configuração com menor média do IVF/SPEA2 com o SPEA2 canônico no problema multimodal ZDT4, que possui 21^9 mínimos locais. 48
4.7 Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT4, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos. 49
4.8 Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT5, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos. 51
4.9 Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT6, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos. 52
4.10 Boxplots comparando os resultados de IGD: SPEA2 e IVF/SPEA2(mínimo, primeiro quartil, mediana, média(círculo com cruz), terceiro quartil, máximo e outliers). Diferença estatística, com p-value < 0,05, nos resultados de ZDT3, ZDT4 e ZDT6. 53

Digitalizado com CamScanner

Lista de Tabelas

2.1 Demonstrativo das nomenclaturas que são utilizadas na computação em relação à biologia. 22

4.1 Parâmetros utilizados no SPEA2 canônico e no SPEA2 "hospedeiro"do IVF/SPEA2. 41
4.2 Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT1. Baixo IGD é melhor. 42
4.3 Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT2. Baixo IGD é melhor. 44
4.4 Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT3. Baixo IGD é melhor. 46
4.5 Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT4. Baixo IGD é melhor. 48
4.6 Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT5. Baixo IGD é melhor. 50
4.7 Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT6. Baixo IGD é melhor. 52
4.8 Configuração de parâmetros com menor valor médio IGD pelo IVF/SPEA2 versus SPEA2 (p-value do Wilcoxon rank sum test). 54

Digitalizado com CamScanner

CAPÍTULO 1

Introdução

Podemos encontrar no mundo real problemas de otimização nos quais é necessário trabalhar com um, dois ou mais objetivos, que podem ser conflitantes. Problemas multiobjetivo (MOP, da sigla em inglês) são aqueles que possuem mais de um objetivo conflitante entre si, o que implica em ganhos inversamente proporcionais. Dessa forma, MOPs não possuem uma única solução ótima, mas sim um conjunto de soluções ótimas. Como exemplo, problemas de otimização entre custo e quantidade de erros na produção de um programa, onde a minimização de um gera o aumento do outro. O conjunto de soluções ótimo produzido como resultado é chamado pela literatura como soluções ótimas de Pareto ou apenas fronteira de Pareto [17]. Diversas técnicas podem ser utilizadas para a aproximação dessas soluções, sendo os algoritmos evolucionários (EAs) uma das mais populares.

Ao trabalhar na otimização de MOPs, é possível encontrar fronteiras de Pareto com diversas configurações e características, como por exemplo problemas com diversos mínimos locais ou descontinuidade na fronteira, que por sua vez podem gerar baixa performance do algoritmo evolutivo, levando à resultados não satisfatórios de otimização.

A intensificação e a exploração de um Algoritmo Evolutivo Multiobjetivo (MOEA) são responsáveis por conduzir a sua evolução dentro do espaço de busca. Portanto, obter um equilíbrio adequado entre esses dois aspectos pode levar a resultados satisfatórios e uma boa performance. São conhecidos MOEAs como SPEA2 [25] ou NSGA-II [10], os quais por obterem bons resultados na otimização de problemas [25] e são comumente utilizados para resolver MOPs. Ambos possuem estratégias específicas, proporcionam convergência e diversificação das soluções.

O algoritmo genético de fertilização in vitro (IVF/GA) [5] é uma técnica que combina os princípios da fertilização in vitro (IVF) com os de algoritmos genéticos. Ele funciona manipulando os cromossomos de uma parte da população de um algoritmo genético mono-objetivo, simulando a criação de "bebês de proveta" através da manipulação genética e da fertilização in vitro. Finalmente, o IVF/GA transfere os melhores indivíduos manipulados para a população do algoritmo genético hospedeiro.

O método de fertilização in vitro (IVF) [5] tem sido cada vez mais utilizado

Digitalizado com CamScanner

como uma técnica auxiliar para a otimização de problemas MOP através de EAs. A incorporação da técnica IVF melhorou a capacidade dos EAs de aproximar às suas soluções às ótimas de Pareto em alguns problemas, pois ela permite um melhor equilíbrio entre intensificação e exploração no espaço de busca. Essa integração pode levar a resultados potencialmente melhores em comparação com versões de EAs que não utilizam a técnica IVF.

Há estudos recentes [20] que propõem a adaptação do método IVF à abordagem multi-objetivo, baseada em algoritmos genéticos e evolução diferencial. Esse estudo sugere que a combinação de algoritmos evolucionários multi-objetivo, como o NSGA-II e o GDE3 com o IVF podem ajudar a melhorar a distribuição de soluções sobre a fronteira de aproximação e aumentar a velocidade de convergência. Inspirado pelos bons resultados obtidos e pelo conhecimento de que o SPEA2 possui melhor desempenho do que o NSGA-II na otimização de problemas como por exemplo KP-750-2 [25], este trabalho propõe a aplicação da adaptação do método IVF à abordagem Multi-Objetivo, baseada em Algoritmos Genéticos por meio do acoplamento ao Algoritmo Evolucionário Multi-Objetivo SPEA2 [25] (Improving the Strength Pareto Evolutionary Algorithm).

1.1 Objetivos

O objetivo geral deste trabalho é analisar e realizar o acoplamento do módulo IVFm ao algoritmo MultiObjetivo SPEA2. Neste sentido, e em consonância com os trabalhos de Sampaio e Camilo-Junior (2017) [18] e Sampaio e Camilo-Junior (2019) [19], os objetivos específicos desta pesquisa são:

1. Acoplar o método In Vitro Fertilization ao algoritmo evolucionário multiobjetivo SPEA2, formando o algoritmo memético IVF/SPEA2.
2. Comparar o desempenho obtido entre IVF/SPEA2 e SPEA2 canônico.
3. Validar a proposta com o uso de *benchmarks* e métricas amplamente utilizadas na avaliação de Algoritmos Evolucionários Multi-Objetivo.

1.2 Organização do Trabalho

Dando sequência ao fluxo do trabalho, no Capítulo 2 é apresentado o embasamento teórico que guia a presente pesquisa.

No Capítulo 3 são apresentadas as abordagens utilizadas com novos critérios adotados no IVF/GDE3 [19] nas etapas de coleta e transferência do método de Fertilização In Vitro, para o seu acoplamento ao algoritmo multiobjetivo SPEA2 e a obtenção do algoritmo memético multiobjetivo IVF/SPEA2.

Digitalizado com CamScanner

No Capítulo 4, são detalhados os testes conduzidos, incluindo *benchmarks*, parâmetros dos algoritmos, métricas empregadas e os resultados obtidos.

O Capítulo 5 apresenta as conclusões dos experimentos e trabalhos futuros.

Digitalizado com CamScanner

CAPÍTULO 2

Fundamentação Teórica

2.1 Algoritmos Genéticos

Propostos por Holland [14] em 1975, algoritmos genéticos são técnicas de busca inspiradas pela evolução biológica e pelo processo de seleção natural, são de maneira geral utilizados para encontrar soluções ótimas ou sub ótimas para problemas complexos e de otimização, promovendo a imitação da evolução natural e a seleção dos indivíduos mais aptos.

Quando se trata de encontrar a solução ideal para um problema, existem dois componentes-chave a serem considerados: o espaço de busca, que abrange todas as possibilidades, e a função de avaliação, que permite avaliar cada opção dentro do espaço de busca. Existem muitas abordagens diferentes para a busca e avaliação de soluções.

Os algoritmos genéticos são excepcionalmente bons em encontrar soluções ótimas ou quase ótimas para uma ampla gama de problemas [22], por não serem restritos por muitas das limitações presentes em outras técnicas de busca. São uma abordagem eficiente para a geração e teste de soluções, pois eles se baseiam no princípio da evolução biológica, codificam estruturas que representam cromossomo que em conjunto com o uso de operadores genéticos de cruzamento e mutação, podem preservar e repassar adiante, materiais genéticos relevantes que por gerações podem contribuir para a evolução de soluções promissoras.

Resumindo o processo, o Algoritmo Genético visa manter uma população de indivíduos que representam possíveis soluções para o problema em questão, que por meio de operadores genéticos acabam trocando informações, formando, portanto, o processo de evolução.

Digitalizado com CamScanner

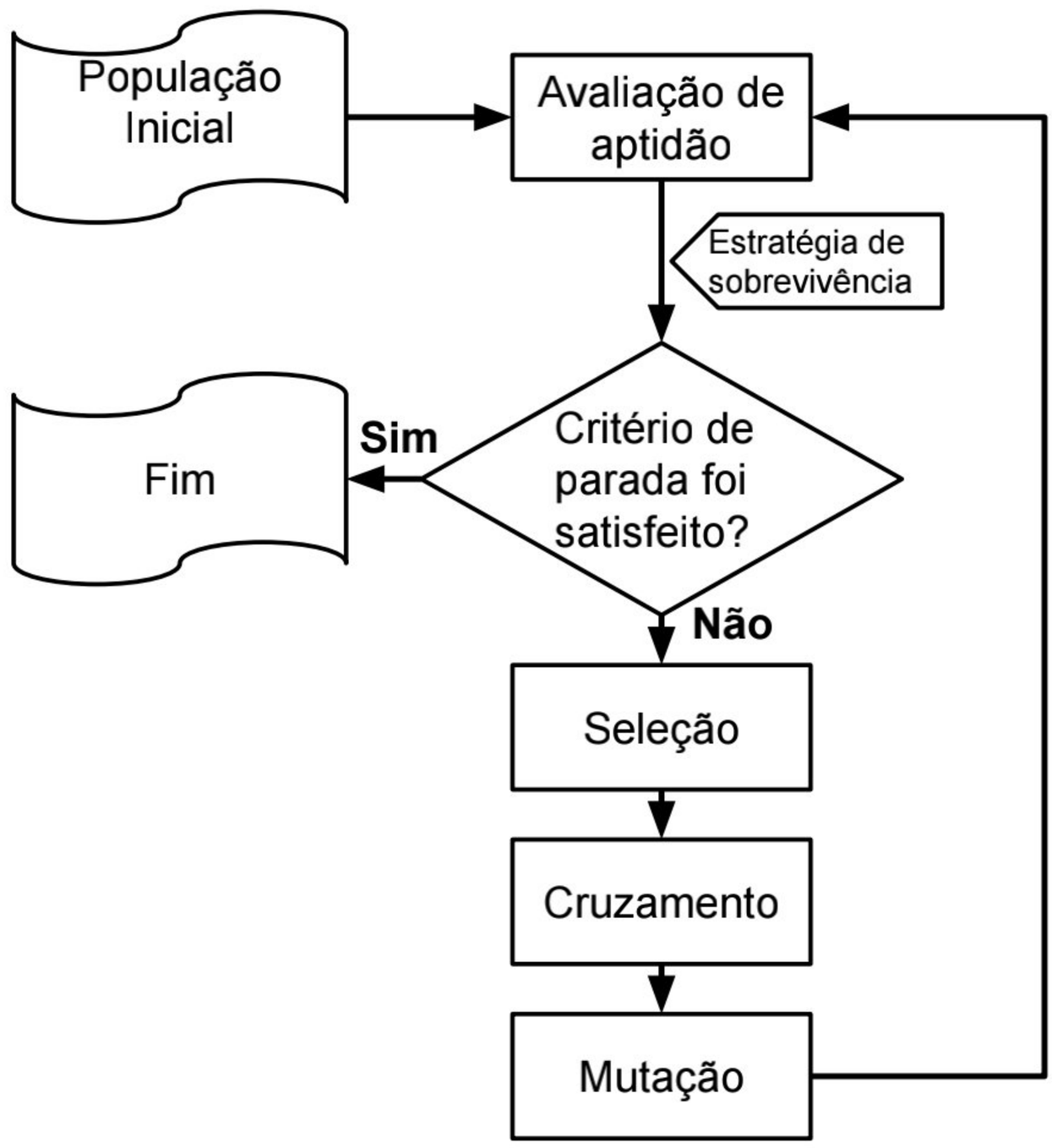

Figura 2.1: *Fluxo resumido de um Algoritmo Genético, com a inicialização, avaliação de aptidão, verificação do critério de parada, seleção, cruzamento e mutação*

O fluxo de um algoritmo genético, que pode ser visto na Figura 2.1, começa com uma população de soluções, geralmente geradas aleatoriamente. Essas soluções são avaliadas por uma função, que reflete o problema que se deseja resolver ou otimizar. Os melhores indivíduos, ou soluções, terão maior probabilidade de serem selecionados para recombinação do que aqueles com resultados inferiores na avaliação.

As novas soluções, originadas desse processo de seleção e recombinação, podem ainda passar por processos de mutação, causando pequenas alterações em seus conteúdos, formando assim a próxima geração de soluções.

É possível notar que os algoritmos genéticos usam uma terminologia baseada na genética e evolução natural, como gerações, cruzamentos, mutações, descendentes, entre outros. Esses algoritmos são frequentemente vistos como otimizadores de função e são uma abordagem de busca meta-heurística [4] baseada em população.

2.1.1 Cromossomo e função de aptidão

Nos algoritmos genéticos, o cromossomo representa a solução do indivíduo, obtendo o material que contém as informações ou valores sobre a solução para um

Digitalizado com CamScanner

determinado problema.

A estrutura do cromossomo é projetada para refletir as características do problema que se deseja resolver. Por exemplo, se o problema for a otimização de uma função, cada bit, inteiro ou real do cromossomo pode representar um valor de entrada para a função. Os cromossomos são armazenados na população, sendo submetidos a operações como seleção, reprodução e mutação durante o processo de otimização.

É possível montar uma comparação de elementos na evolução natural e dos termos utilizados na computação, a Tabela 2.1 mostra os termos empregados em algoritmos genéticos [2], alguns exemplos são vistos na figura 2.2.

Tabela 2.1: *Demonstrativo das nomenclaturas que são utilizadas na computação em relação à biologia.*

Termos na biologia	**Termos computacionais**
Cromossomo	Estrutura de dados que representa o indivíduo, como uma *string*, um vetor, etc.
Gene	Parte específica de um cromossomo que contém informações genéticas sobre uma característica ou variável.
Alelo	Valor presente em um gene que representa a informação genética de uma característica ou variável.
Locus	Posição de um gene em um cromossomo.
Genótipo	Estrutura ou sequência codificada
Fenótipo	Conjunto de parâmetros, uma estrutura decodificada

Portanto, é possível com que o cromossomo seja representado, por exemplo, por um vetor de valores reais (podemos citar o problema de otimização de funções, onde cada gene representa o valor real de uma variável), ou uma sequência de letras (podemos citar o problema do caixeiro viajante, onde cada letra representa uma cidade dentro do problema e a sequência de letras o caminho a ser feito), ou uma sequência de valores binários (podemos citar o problema da mochila, os genes sendo valor 1 para está presente na mochila e 0 para não presente), a representação utilizada nesses problemas pode ser exemplificada na Figura 2.2.

Digitalizado com CamScanner

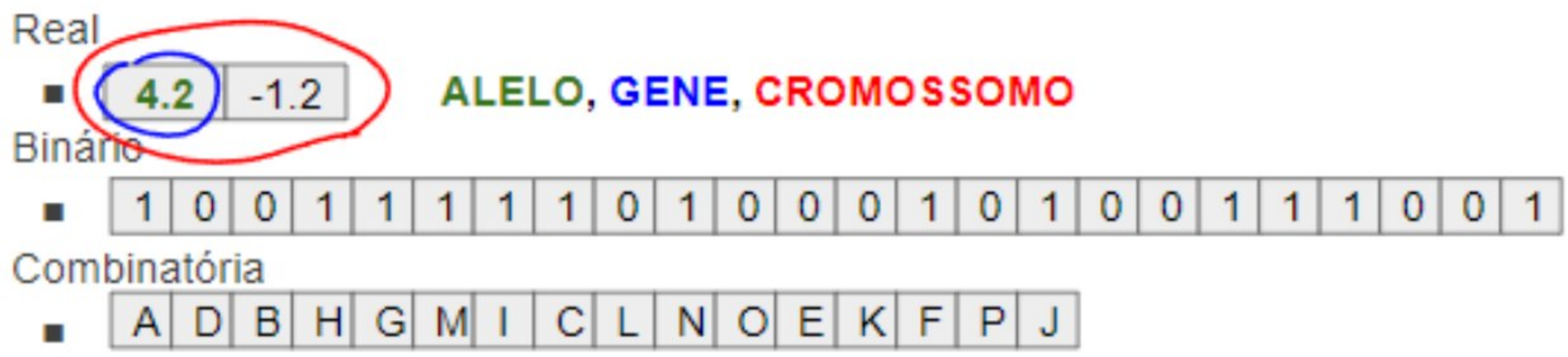

Figura 2.2: *Exemplo de cromossomo com representações: Real, Binária e Combinatória, mostrando exemplos de alelo, gene e cromossomo.*

Tendo as representações referente às soluções candidatas, para ser possível realizar a comparação e promover o processo de busca e otimização, se torna necessário submeter os indivíduos a uma função de aptidão. Essa função é a responsável por avaliar os indivíduos com base em suas informações (ou variáveis), sendo assim, com base nos valores (alelos) de cada gene do indivíduo (cromossomo) em questão.

Desta maneira, com o indivíduo avaliado, é possível enumerar sua aptidão, que representa o fenótipo do indivíduo no espaço de objetivos.

2.1.2 Seleção

Seguindo a evolução natural, o processo de seleção visa selecionar os indivíduos mais aptos com mais frequência, tendo como foco com que estes indivíduos sejam prevalecidos e que possam repassar seu material genético adiante, realizando, portanto, contribuição para a convergência dos resultados de busca.

Há diferentes maneiras de reproduzir a seleção, porém sempre com um mesmo objetivo: a comparação de indivíduos, para que desta forma o mais apto prevaleça, portanto, que seu material genético tenha continuidade, gerando descendentes.

Um dos métodos de seleção mais usuais é a Seleção por Torneio [13], no qual dois ou mais indivíduos são selecionados de maneira aleatória a partir da população, o indivíduo que tiver melhor aptidão é selecionado, possivelmente gerando descendentes nos próximos passos.

2.1.3 Cruzamento

A partir do momento em que se tem indivíduos a prosperar o seu material genético, é necessário realizar a combinação dos mesmos, realizando a troca do material entre eles, produzindo, portanto, descendentes para gerações futuras.

Esta recombinação pode ser feita de diversas maneiras, sendo eventualmente diferentes para cada tipo de representação (real, binário, combinatória, etc.).

Digitalizado com CamScanner

Dentre os mais usuais, é possível citar o operador de cruzamento com cortes, podendo ter 1, 2 ou mais cortes, a Figura 2.3 ilustra o caso do operador possuir dois pontos de corte. Os cortes podem ser feitos de maneira aleatória, sorteando a sua posição. É possível também com que os cortes sejam fixos, determinados brevemente para não serem alterados durante a execução.

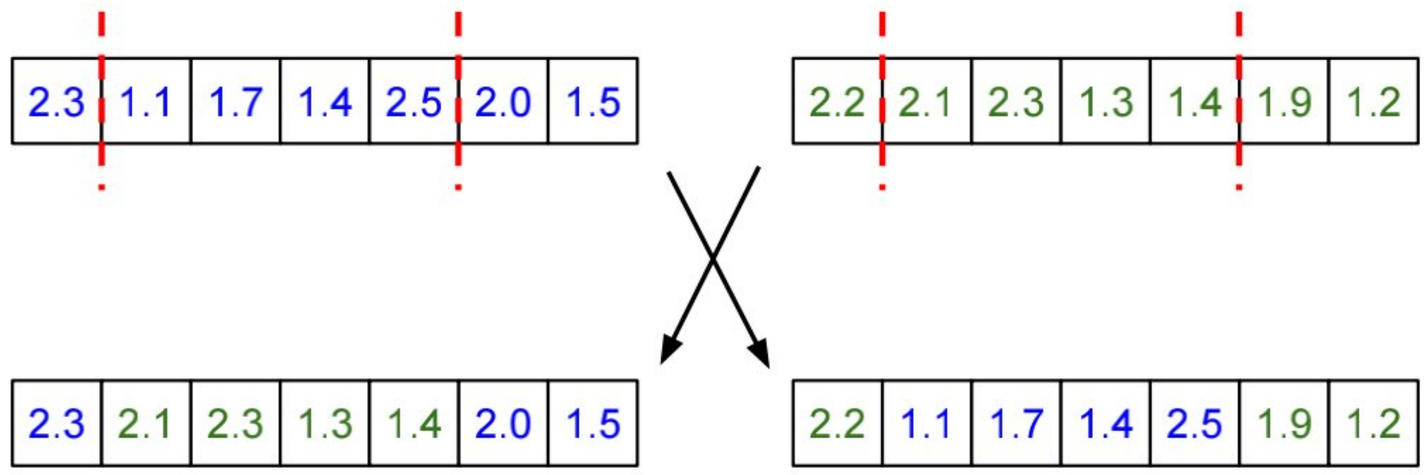

Figura 2.3: *Exemplo de reprodução com representação real, corte em 2 pontos e geração de dois filhos.*

O operador de cruzamento com corte é amplamente utilizado em representações reais ou binárias, porém, para representações combinatórias não são indicados, uma vez que pode provocar a repetição de alguns valores e a falta de outros, o que muitas vezes não é o desejado em representações combinatórias.

Para os casos de representação combinatória, há operadores pensados especificamente para eles, evitando alguns possíveis problemas em representação combinatória, tais como repetição ou falta de valores.

É possível citar OX crossover [11] (também conhecido como *crossover* ordenado), sendo uma variação do operador de cruzamento de um ponto, especialmente projetado para representações combinatórias ordenadas, como sequências de números, cidades em uma rota de viagem, etc. A ideia básica do OX crossover é selecionar dois pontos aleatórios na representação dos pais, criando assim um intervalo de seleção. Em seguida, todos os elementos dentro desse intervalo são copiados para o filho, enquanto os elementos fora desse intervalo são preenchidos com os elementos restantes dos pais, na ordem em que aparecem.

2.1.4 Mutação

Algumas características específicas na natureza surgem a partir da mutação de um indivíduo, beneficiando-o a partir de uma leve alteração em suas características. Em Algoritmos Genéticos se torna fundamental que durante a prosperidade de gerações que ocorra a manutenção da diversidade, permitindo que o algoritmo genético explore novas regiões do espaço de busca.

Digitalizado com CamScanner

Para cada uma das representações podemos encontrar operadores que trabalham melhor com suas características, para indivíduos com representação binária é usualmente utilizado o operador de inversão de bit ou apenas Bit flip [15]. Com uma probabilidade determinada anteriormente, este operador passa por cada gene do cromossomo, testando se deve inverter o bit ou não. Desta forma, os genes que assumem valor 1 passam a ser 0 caso a probabilidade seja atingida, em caso contrário, o valor do gene permanece o mesmo. Analogamente, os genes que assumem valor 1, em caso de positivo, passam a ser 0 como é visto na imagem 2.4. É importante ressaltar que pode ocorrer mais de uma mutação em um mesmo cromossomo, pois cada gene é testado individualmente.

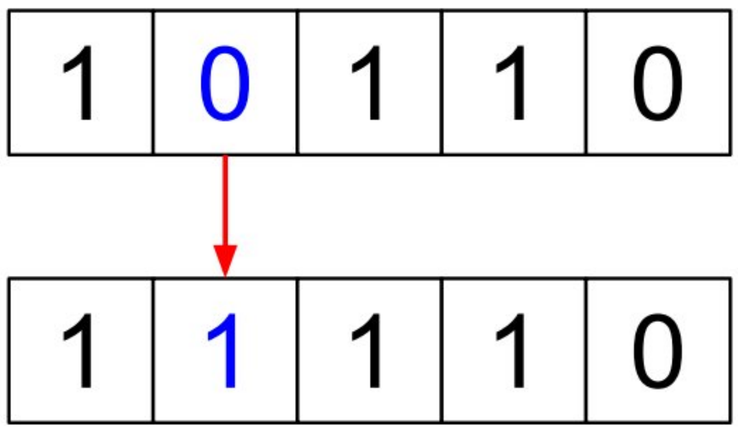

Figura 2.4: *Exemplo de mutação Bit Flip com inversão de apenas um gene(segundo) dentre os 5 possíveis com representação binária.*

Para cromossomos com representação real, há da mesma forma operadores desenvolvidos dentro de seus requisitos, é possível citar Polinomial Mutation [9] como operador de mutação polinomial, sendo possível encontrar diversas possibilidades. O operador de mutação polinomial funciona aplicando uma função polinomial a um determinado gene presente na representação do indivíduo, para gerar um novo valor para esse elemento.

Quando a representação utilizada é a combinatória, em prol de obedecer todos os limites impostos pelo problema, operadores de mutação combinatória são indicados. Dentre as demasiadas opções, é comum utilizar a Swap Mutation, nessa técnica, dois elementos são selecionados aleatoriamente na representação do indivíduo e trocados de posição. Por exemplo, considerando um indivíduo representado por uma permutação [A, B, C, D, E], a mutação de troca pode trocar o elemento A com o elemento C, resultando em [C, B, A, D, E].

2.1.5 Gerações e sobrevivência

Gerações em um algoritmo genético são períodos de evolução sucessivos do conjunto de soluções (população) ao longo do tempo. Durante cada geração, os indivíduos da população são avaliados com base em uma função de aptidão e, em seguida, submetidos a operações genéticas para gerar uma nova geração de indivíduos. Esse processo pode

Digitalizado com CamScanner

ser repetido várias vezes. A evolução da população ao longo das gerações é uma busca heurística pelo melhor indivíduo, ou a solução ótima para o problema.

Podendo ser completamente substituída por seus filhos, a população passa por um processo de sobrevivência, onde dependendo do método escolhido, diferentes possibilidades podem ser descritas para prevalecer ou não os mais aptos. Na versão canônica de algoritmos genéticos, os pais são completamente substituídos por seus filhos.

É de grande importância selecionar a estratégia de sobrevivência mais adequada ao problema em questão, descartar soluções promissoras após fazer a avaliação de aptidão pode representar um uso de trabalho computacional em vão, podendo levar a uma evolução não satisfatória.

A estratégia de sobrevivência denominada de elitismo explora uma possível convergência mais rápida, pois sua proposta é tentar evitar a perda de boas soluções por meio de prosperar um número "n" de melhores indivíduos para a próxima geração.

2.1.6 Critério de parada

Critérios de parada em algoritmo genético são condições estabelecidas para interromper o processo de otimização. Alguns exemplos incluem: atingir uma determinada precisão ou pontuação, completar um número máximo de iterações, detectar a estabilidade ou estagnação dos resultados, entre outros. Eles garantem que o processo de otimização não continue indefinidamente, tornando-se mais eficiente e evitando a sobrecarga de processamento.

É necessário manter controle do esforço computacional dedicado, para isso, é possível utilizar o número de avaliações de indivíduos como uma métrica de custo computacional [7], fator importante na otimização.

2.2 Otimização Multi-Objetivo

Dentre os diversos problemas existentes, podemos encontrar problemas em que é necessário realizar a otimização de dois ou mais objetivos conflitantes.

Otimização multi-objetivo é um ramo da otimização computacional que busca encontrar múltiplas soluções ótimas em vez de uma única solução, para problemas que possuem mais de um objetivo conflitante [6]. Em vez de escolher uma solução com base em uma função de aptidão única, a otimização multi-objetivo produz um conjunto de soluções que representam alguns ganhos e perdas entre os objetivos. Essas soluções formam o que é conhecido como "fronteira de Pareto", que representa as melhores combinações possíveis de objetivos.

Digitalizado com CamScanner

Trabalhos realizados anteriormente indicam que o uso de Algoritmos Evolutivos tem apresentado bom desempenho para realizar uma boa aproximação da "fronteira de Pareto" em problemas multi-objetivo [21].

Com intenção de chegar em um conjunto de soluções satisfatório, é necessário manter uma boa razão entre convergência e diversificação [21], realizando assim uma boa aproximação da fronteira de Pareto, de maneira que esteja também populada e com soluções diversas. Por mais que pareça simples, este processo ilustrado pela Figura 2.5 pode levar a um desempenho insatisfatório, pois diversas características do problema podem dificultar a convergência e/ou diversificação.

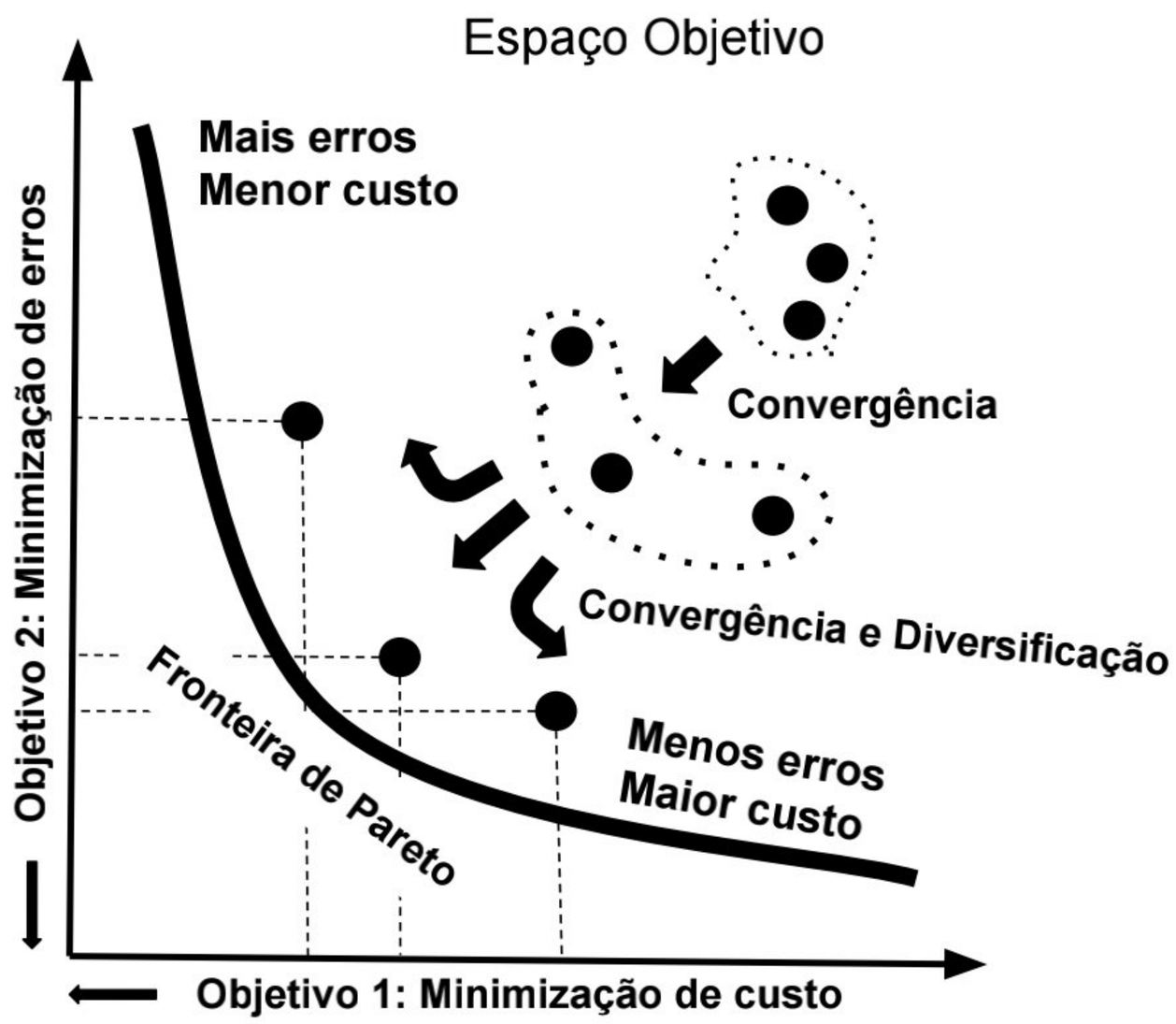

Figura 2.5: *Exemplificação dos termos convergência e diversificação dentro do espaço de busca do problema. Adaptado de IVF/NSGA-II, LACCI 2017.*

2.3 Indicador de qualidade em otimização Multi-Objetivo

Indicadores de qualidade em otimização multi-objetivo são métricas utilizadas para avaliar a qualidade das soluções geradas pelos algoritmos de otimização [6]. Eles fornecem uma forma de comparar e avaliar diferentes soluções de forma quantitativa e objetiva.

Digitalizado com CamScanner

2.3.1 IGD

O IGD [8] (*Inverted Generational Distance*) é um indicador de qualidade amplamente utilizado em otimização multi-objetivo [7]. Ele mede a distância entre a fronteira de Pareto obtida pelo algoritmo e a fronteira de Pareto ideal, que representa a fronteira ótima para o problema. Em outras palavras, o IGD é uma medida de quanto as soluções obtidas pelo algoritmo estão próximas das soluções ideais. Quanto menor o IGD, melhor é a qualidade das soluções geradas pelo algoritmo, assim como é possível visualizar na imagem 2.6.

O cálculo do IGD é feito pela média da distância Euclidiana entre cada solução da fronteira de Pareto obtida pelo algoritmo e a fronteira de Pareto ideal, de maneira similar do que ocorre na imagem 2.6. O IGD é uma medida quantitativa importante para avaliar e comparar a eficiência de diferentes algoritmos em otimização multi-objetivo.

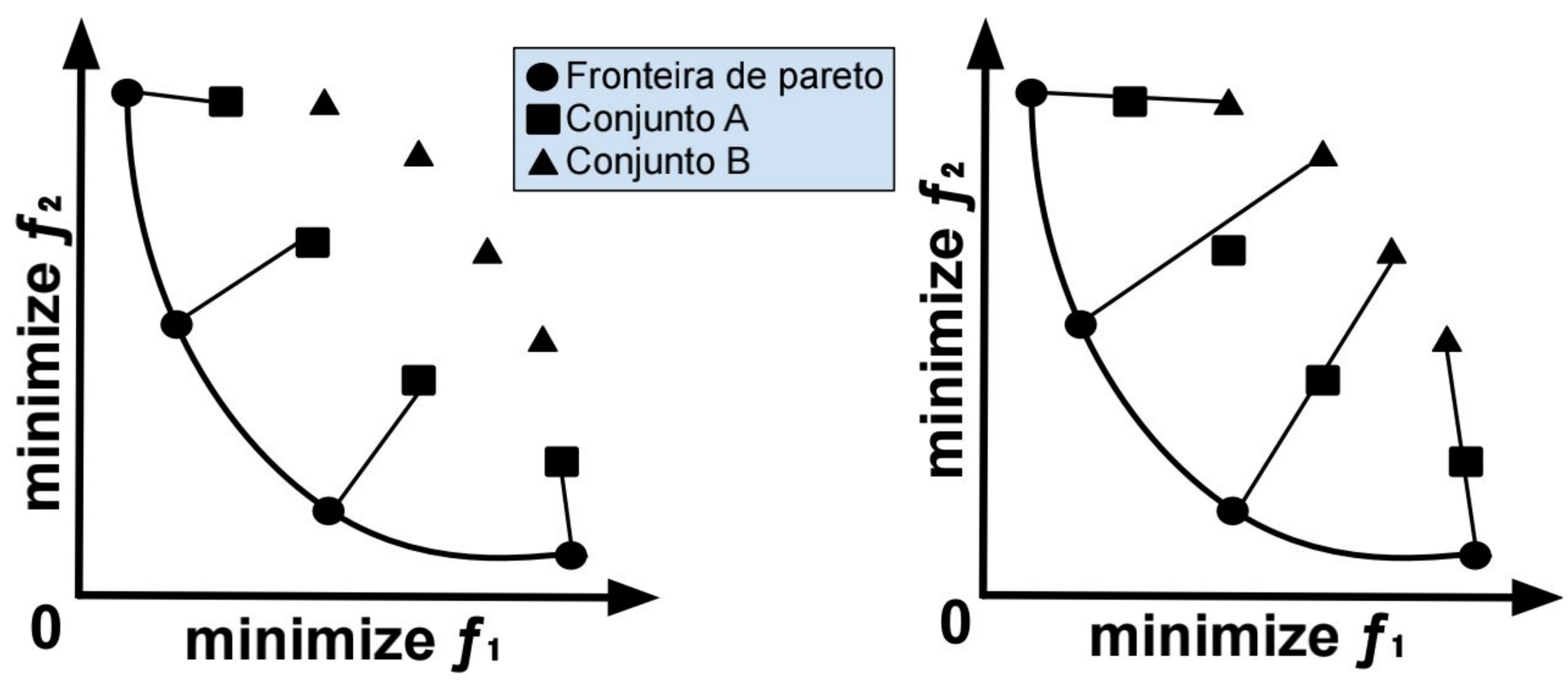

Figura 2.6: *Exemplos de cálculo de distância IGD, onde existem dois conjuntos, estando o conjunto A com um IGD melhor ao conjunto B, considerando um problema de minimização.*

Em resumo, o IGD é um indicador de qualidade útil para avaliar a qualidade das soluções geradas por algoritmos de otimização multi-objetivo, comparando-as com as soluções ideais. Quanto menor o IGD, melhor é a qualidade das soluções.

2.4 SPEA2 - The Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2

De acordo com seus autores, o algoritmo SPEA2 [25] é uma melhora do pioneiro SPEA [26], evoluindo em:

Digitalizado com CamScanner

- Adição de uma nova técnica de seleção de sobreviventes, que utiliza o conceito de domínio de Pareto para selecionar indivíduos para a próxima geração.
- Uso de uma nova técnica de agregação de fitness, que combina as informações de várias funções objetivo em uma única medida de fitness.
- Adição de uma nova técnica de reestruturação da população, que garante que a população esteja sempre densa em torno dos pontos de Pareto ótimos.

Em geral, SPEA2 é projetado para ter uma melhor performance que o SPEA na solução de problemas de otimização multi-objetivo [25], sua performance pode ser demonstrada em comparação a outros algoritmos evolutivos multi-objetivo na Figura 2.7.

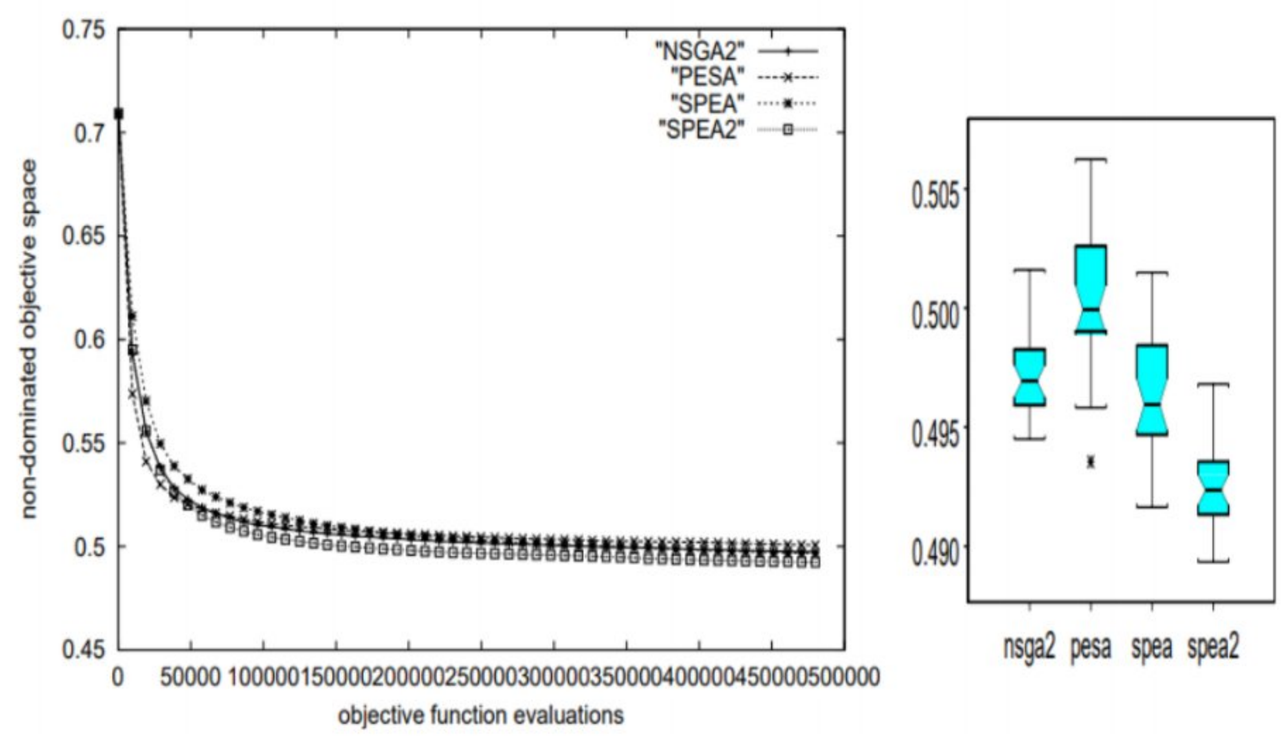

Figura 2.7: *Demonstrativo de fronteiras obtidas pelos problemas NSGA2, PESA, SPEA e SPEA2 para otimização do problema KP-750-2.*
Retirado do artigo SPEA2 por Zitzler em 2001, problema KP-750-2.

É utilizado um arquivo externo para guardar as melhores soluções de cada geração, conferindo um caráter elitista para o algoritmo. Utilizando o cálculo do fitness sendo N como o número de soluções na população atual e d como o número de objetivos. O conjunto de k vizinhos mais próximos Sk de uma solução s é definido como o conjunto de k soluções com as menores distâncias Euclidianas em relação a **s**.

A estimativa de densidade de uma solução s é definida como:

$density(s) = \frac{k}{\sum_{t \in Sk} dist(s,t)}$ onde $dist(s,t)$ é a distância Euclidiana entre as soluções **s** e **t**.

O valor de força de uma solução **s** é definido como:

$strength(s) = \sum_{t \in N} [s \text{ domina } t]$ onde **[s domina t]** é 1 se a solução **s** domina **t**, e 0 caso contrário.

O valor de fitness de uma solução **s** é definido como:

$fitness(s) = strength(s) + \alpha * dist(s, nearest(s))$ onde **nearest(s)** é a solução mais próxima a **s** que não é dominada por **s**, e α é um fator de escala constante.

Digitalizado com CamScanner

Resumindo o processo, primeiro, todos os membros da população não dominados são copiados para o arquivo; qualquer indivíduo dominado ou duplicatas (em relação aos valores objetivos) são removidos do arquivo durante esta operação de atualização. Se o tamanho do arquivo atualizado ultrapassar um limite pré-definido, mais membros do arquivo são excluídos por uma técnica de agrupamento que preserva as características da frente não dominada. Em seguida, valores de aptidão são atribuídos tanto aos membros do arquivo quanto à população.

2.5 Método de Fertilização In Vitro

Proposto por Camilo-Junior, Celso G and Yamanaka, Keiji [5] o módulo de Fertilização In Vitro visa recombinar indivíduos promissores de determinada população, com a intenção de propagar bom material genético por meio das gerações. Simula a criação de "super bebês", sendo geneticamente manipulados e avaliados durante o processo.

Como descrito na literatura [5], o algoritmo pode ser integrado a outros algoritmos evolutivos(exemplo: imagem 2.8), pois é modular, executado em paralelo ao algoritmo "hospedeiro". Esse acoplamento pode ser feito antes do processo principal do algoritmo "hospedeiro", durante esse processo ou depois dele.

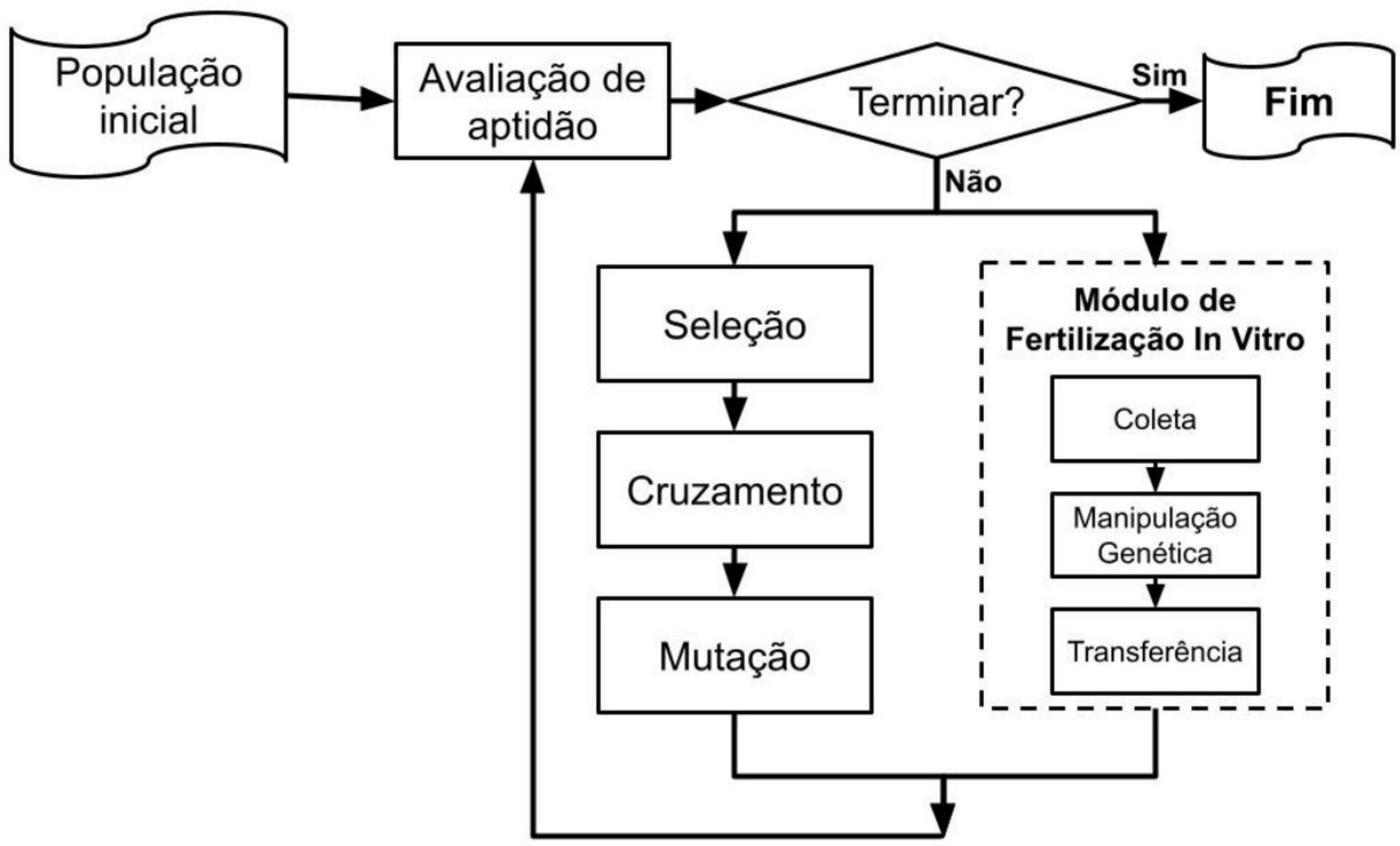

Figura 2.8: *Fluxo resumido do método de Fertilização In Vitro acoplado a um algoritmo evolutivo realizando a transferência após o fluxo do "hospedeiro".*

Digitalizado com CamScanner

O método de Fertilização In Vitro compreende as seguintes etapas: Coleta, Manipulação Genética e Transferência. É possível visualizar seu fluxo em 2.8.

A etapa de coleta é a parte em qual os indivíduos são selecionados para participarem do fluxo do método In Vitro, sendo submetidos a manipulações genéticas ocorrendo a geração de novas soluções. O melhor indivíduo coletado é determinado como "Pai corrente" e o restante como "Mães".

A etapa de manipulação genética é a responsável por trabalhar com os cromossomos recebidos da coleta, promovendo a parte exploratória(alteração de parte ou todo material genético) de uma porção da população coletada, os possíveis operadores do IVF/GA desta etapa são: AR, EAR-P, EAR-T e EAR-N (Um exemplo de EAR-P pode ser visto em Fig. 2.9).

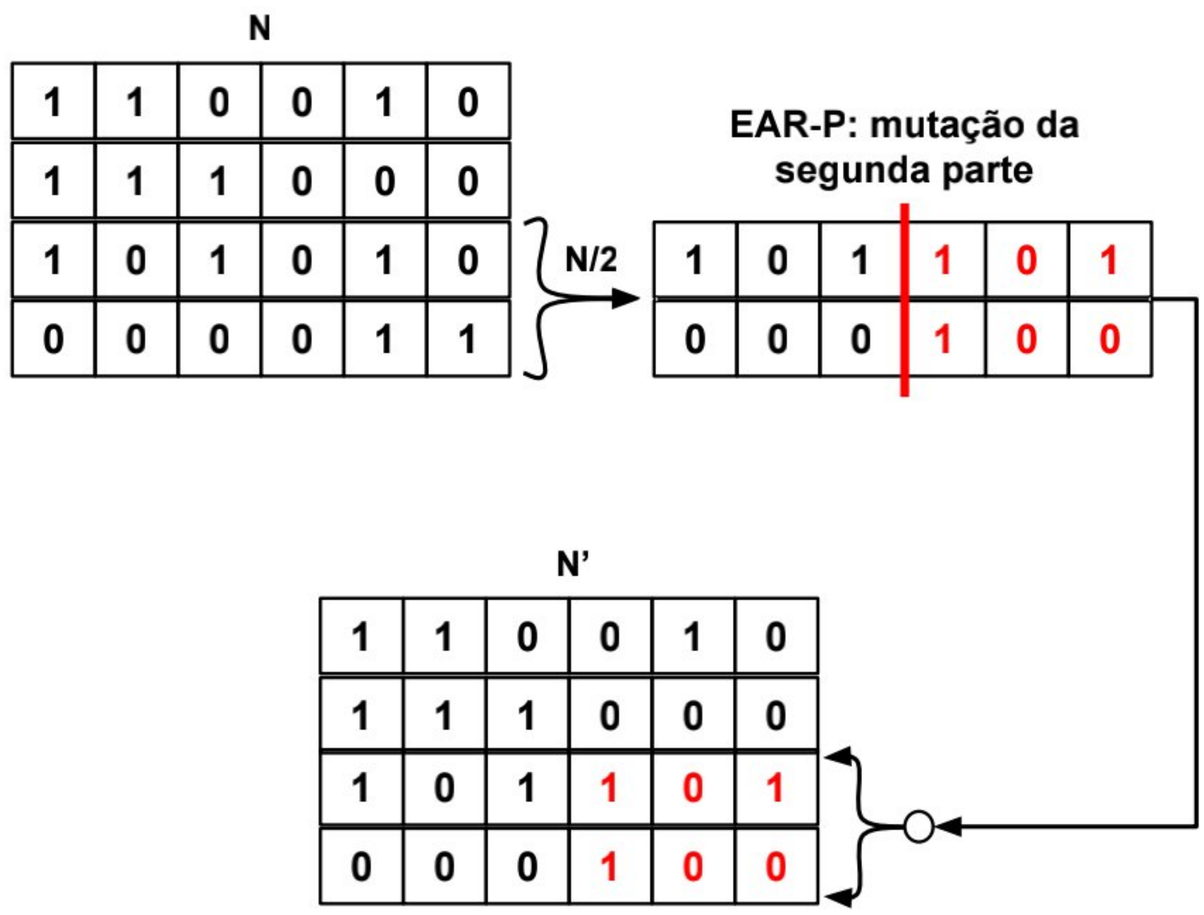

Figura 2.9: *Exemplo do primeiro estágio da Manipulação Genética: operadores de exploração. O operador EAR-P demonstrado muta parte do cromossomo de metade das mães coletadas (das mães com menores aptidões).*

Em segundo momento, como exemplificado em 2.10, ocorre a recombinação deste material, mesclando o pai com todas as mães, buscando "super-bebês" que possam superar o "pai corrente" dentro da avaliação gerada pela função de aptidão.

Se houver um "super-bebê" mais apto que o "pai corrente", este indivíduo deve, portanto, ocupar o lugar do pai em um novo ciclo do método a ser realizado.

A transferência dos indivíduos gerados pode ocorrer de diversas maneiras diferentes, uma comumente utilizada é ao fim dos ciclos do In Vitro, repassar ao "hospedeiro" apenas o pai corrente final, prosperando o melhor indivíduo utilizado durante toda a execução do In Vitro. Essa transferência pode ocorrer antes, durante ou depois do processo principal do algoritmo "hospedeiro", temos um exemplo na imagem 2.8, onde a transferência ocorre depois do processo principal do algoritmo genético "hospedeiro".

Digitalizado com CamScanner

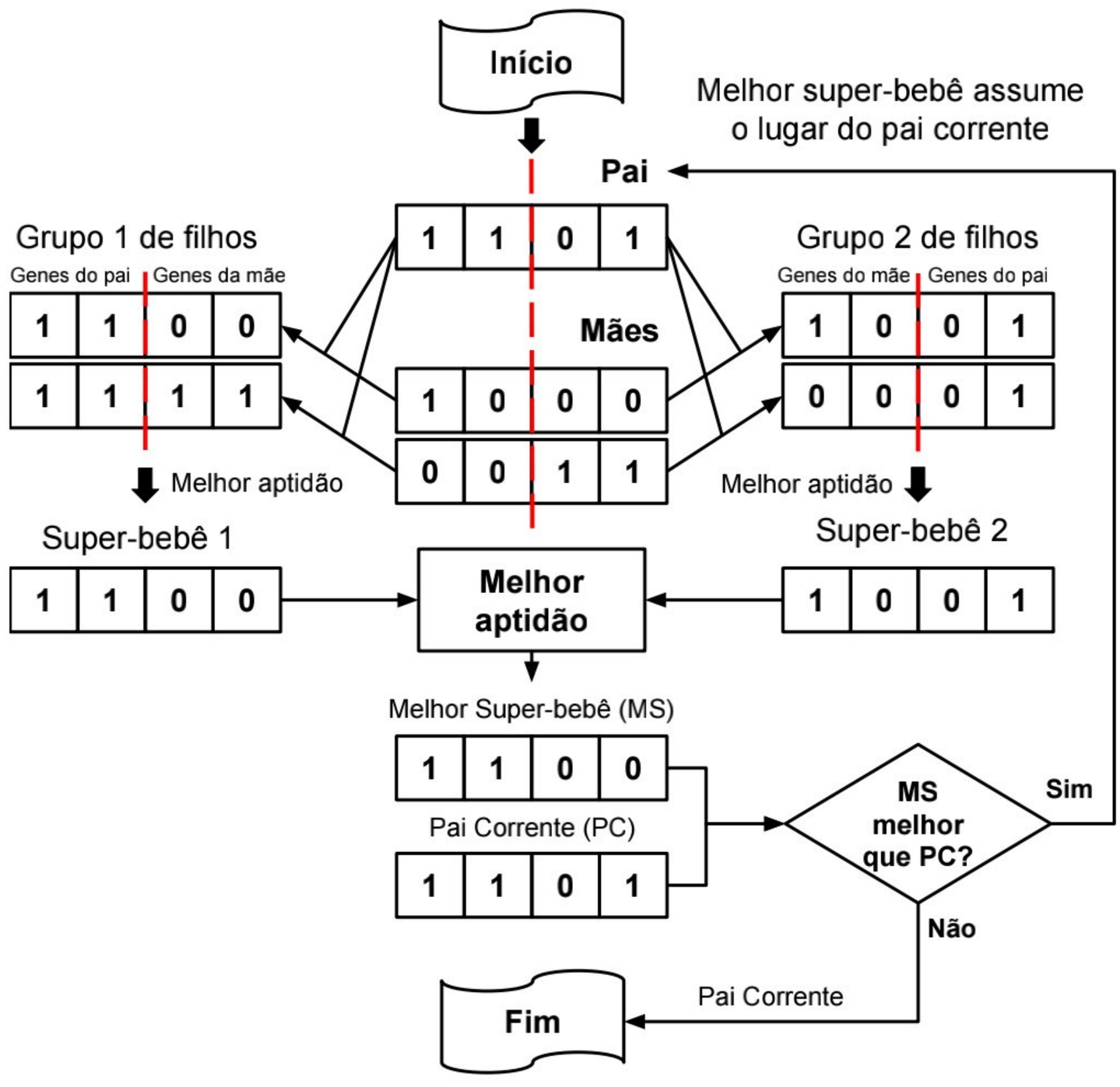

Figura 2.10: *Exemplo do segundo estágio da Manipulação Genética: operadores de recombinação. O operador de cruzamento demonstrado cruza o material genético do pai corrente com toda a população de mães retornada pela fase anterior, ao fim, com base na aptidão do super-bebe gerado, a decisão se um novo ciclo deve ser iniciado é feita.*

2.6 Trabalhos Correlatos

Em 2011, Camilo-Junior e Yamanaka apresentaram a proposta do Algoritmo Genético de Fertilização In Vitro (IVF/GA) [5]. Esse algoritmo é uma ferramenta de apoio com fluxo paralelo, cujo objetivo é ajudar a preservar a convergência e a exploração no espaço de busca. Agindo ao lado do fluxo principal do algoritmo, o módulo de Fertilização In Vitro combina cromossomos de uma parte da população do Algoritmo Genético para explorar as informações genéticas presentes em indivíduos.

De acordo com Camilo-Junior e Yamanaka (2011) [5], o algoritmo IVF consegue ser incorporado a outros algoritmos evolutivos, já que é modular executado paralelamente ao algoritmo "hospedeiro". Sua natureza modular permite sua utilização para criar algoritmos meméticos.

Em 2015, foi publicado um estudo que apresenta uma abordagem que combina

Digitalizado com CamScanner

o método de Fertilização In Vitro com o NSGA-II (NSGA-II In Vitro) para solucionar o Problema do Próximo Release Multiobjetivo [12]. Em relação à etapa de transferência, todos os indivíduos gerados no processo de Fertilização In Vitro são transferidos para a população atual, deixando a tarefa de seleção das melhores soluções para o processo de ordenação do NSGA-II. Na proposta original de Camilo-Junior e Yamanaka (2011) [5], a etapa de transferência permitia que o operador determinasse quantos superindivíduos deveriam ser transferidos.

Anteriormente, em 2017 foi publicada uma versão dessa abordagem acoplada ao NSGA-II (SAMPAIO; CAMILO-JUNIOR, 2017) [18], sem a nova estratégia de coleta. Também é apresentado um meio para possibilitar ao operador transferir um número específico de super indivíduos [18], conforme a proposta inicial do método IVF. Em uma nova abordagem multiobjetivo para o método de Fertilização In Vitro descrita por Sampaio et al. (2020) [20] apresenta-se uma diferente estratégia de coleta do “pai inicial”, bem como se opta por se manter a estratégia original de manipulação genética, em que apenas o melhor filho substitui o pai corrente.

Digitalizado com CamScanner

CAPÍTULO 3

Propostas

A seção a seguir apresenta detalhes sobre o acoplamento do método de Fertilização In Vitro ao algoritmo SPEA2, formando o algoritmo memético IVF/SPEA2. A proposta deste trabalho é realizar o acoplamento do método IVF, possibilitando deste modo a comparação do algoritmo evolutivo multi-objetivo SPEA2 à sua versão hibridizada IVF/SPEA2.

3.1 Método de Fertilização In Vitro acoplado ao SPEA2: IVF/SPEA2

Como citado anteriormente, o método Fertilização In Vitro pode contribuir para a melhoria de Algoritmos Evolutivos Multi-Objetivo, devido ao equilíbrio entre seus recursos de exploração e intensificação [20].

> Os resultados demonstraram que o IVF/NSGA-II contribuiu para a melhoria dos resultados em comparação com o NSGA-II no problema fortemente multimodal ZDT4, e nos problemas ZDT5 e ZDT6. Mostraram também que nos problemas ZDT1, ZDT2 e ZDT3, nos quais o NSGA-II já obtém muito bons resultados, o acoplamento composto pelo IVF/NSGA-II manteve os bons resultados já obtidos pelo algoritmo canônico, sem degradação de seus resultados.

Em versões anteriores (IVF/NSGA-II [20]) as avaliações realizadas pelo módulo IVF foram computadas com as avaliações realizadas pelo algoritmo "hospedeiro". No entanto, já que o algoritmo anfitrião comumente gera um número de descendentes igual ao número de indivíduos da população, isso resulta em uma geração onde são avaliados mais indivíduos do que o tamanho da população original. Por exemplo, podem ser gerados 100 descendentes pelo algoritmo anfitrião e mais 30 "super bebês" em uma única geração, efetivando assim 130 avaliações ao invés das 100 tradicionais. É importante notar que, mesmo que apenas 10 super indivíduos sejam transferidos para a próxima geração, o número total de avaliações realizadas ainda será maior do que o tamanho da população original, pois podem ter sido efetuadas 30 avaliações internas no IVF.

Digitalizado com CamScanner

Tendo em vista um potencial número de avaliações maior em cada geração do que em um algoritmo canônico, é possível com que o número de gerações seja menor quando há o acoplamento do método IVF, já que em casos de número limitado de avaliações chegaríamos no limite antes por possivelmente efetuar mais avaliações em cada geração.

Ao notar os benefícios das melhorias realizadas durante o acoplamento do método de Fertilização In Vitro aos algoritmos GDE3 e NSGA-II [20], como temos características e razão de intensificação e exploração diferentes no SPEA2, ficou claro que seria importante realizar o acoplamento do IVF ao algoritmo SPEA2, que em sua versão canônica, obtém melhores resultados em alguns problemas em relação a outros algoritmos evolutivos [25]. O acoplamento contribuiu para uma convergência rápida e evitou retrocessos na intensificação da fronteira de aproximação nos algoritmos meméticos citados.

3.1.1 Acoplamento do módulo IVF ao fluxo do SPEA2 (IVF/SPEA2)

Durante o acoplamento do módulo IVF ao fluxo do SPEA2, serão incorporadas mudanças sugeridas pelo IVF/GDE3 e IVF/NSGA-II [20], implicando em mudanças de estratégia de coleta e estratégia de transferência. Com efeito, teremos após isso as mudanças necessárias para montar o memético IVF/SPEA2.

Coleta do módulo IVF acoplado

Durante a etapa de Coleta do IVF/SPEA2, serão incorporadas as melhorias presentes nos métodos IVF/GDE3 e IVF/NSGA-II. A estratégia de coleta referenciada define as extremidades da fronteira conhecida (Figura 3.1) pelo algoritmo "hospedeiro" como "mães", permitindo com que elas sejam sempre recombinadas com o "pai atual" ou com seus substitutos. Resultados indicados em estudos anteriores [20] sugerem que essa alteração pode trazer melhorias na convergência.

Selecionando os dois indivíduos de extremidade como mães fixas, independente de quantos ciclos sejam realizados pelo módulo IVF, as melhores soluções em cada objetivo serão mantidas na recombinação, podendo recombinar seu material genético e consequentemente tendo a possibilidade de gerar novos super-bebês. É importante lembrar que o pai corrente é substituído caso o módulo entre em um novo ciclo. O pai inicial nessa estratégia é sempre a melhor solução que não sejam as duas das extremidades.

Digitalizado com CamScanner

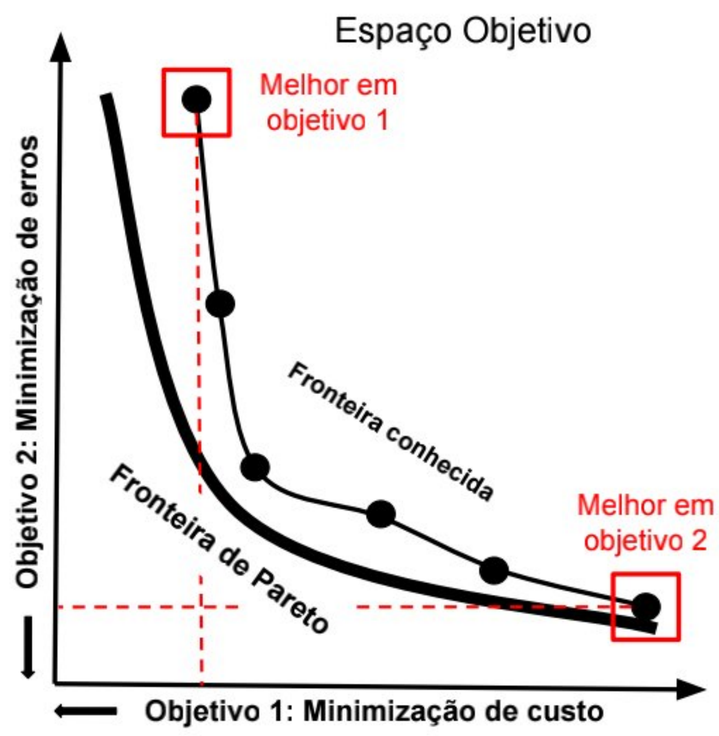

Figura 3.1: *Exemplo de Coleta, demonstrando as características que fundamentam a escolha dos indivíduos como mães.*

Manipulação genética do módulo IVF acoplado

A manipulação genética utilizada no módulo IVF acoplado ao SPEA2 canônico se manteve a mesma descrita anteriormente na Seção 2.5, realizando mutações em metade da subpopulação de mães (EAR-P) e recombinando os indivíduos por meio do operador genético cruzamento por corte, trabalhando com apenas um ponto de corte.

Transferência do módulo IVF acoplado

A estratégia de transferência incorporada pelo módulo IVF realiza a transferência de todos os indivíduos avaliados dentro do fluxo IVF, deste modo, nenhuma avaliação é descartada de prontidão, transferindo todo o material genético produzido para o fluxo do algoritmo "hospedeiro", desta forma, o SPEA2 por meio de sua estratégia de sobrevivência filtra aqueles que devem prosperar para a próxima geração.

Foi aplicada a mudança no momento de transferência neste trabalho, acoplando o módulo IVF antes da geração de filhos do algoritmo "hospedeiro", descontando assim a quantidade de avaliações gastas no ciclo interno do IVF das possíveis naquela geração, proporcionando então uma mesma quantidade de avaliações gasta por cada geração em relação o algoritmo canônico.

O SPEA2 segue um processo comum aos Algoritmos Genéticos, passando por seleção, cruzamento e mutações, que geram assim a quantidade solicitada de indivíduos naquela geração. Como citado anteriormente, para que ocorra uma mesma quantidade de avaliações por geração no algoritmo canônico e no algoritmo memético, a quantidade de filhos gerados pelo algoritmo hospedeiro foi ajustada pela quantidade de filhos gerados durante a execução do módulo IVF.

Digitalizado com CamScanner

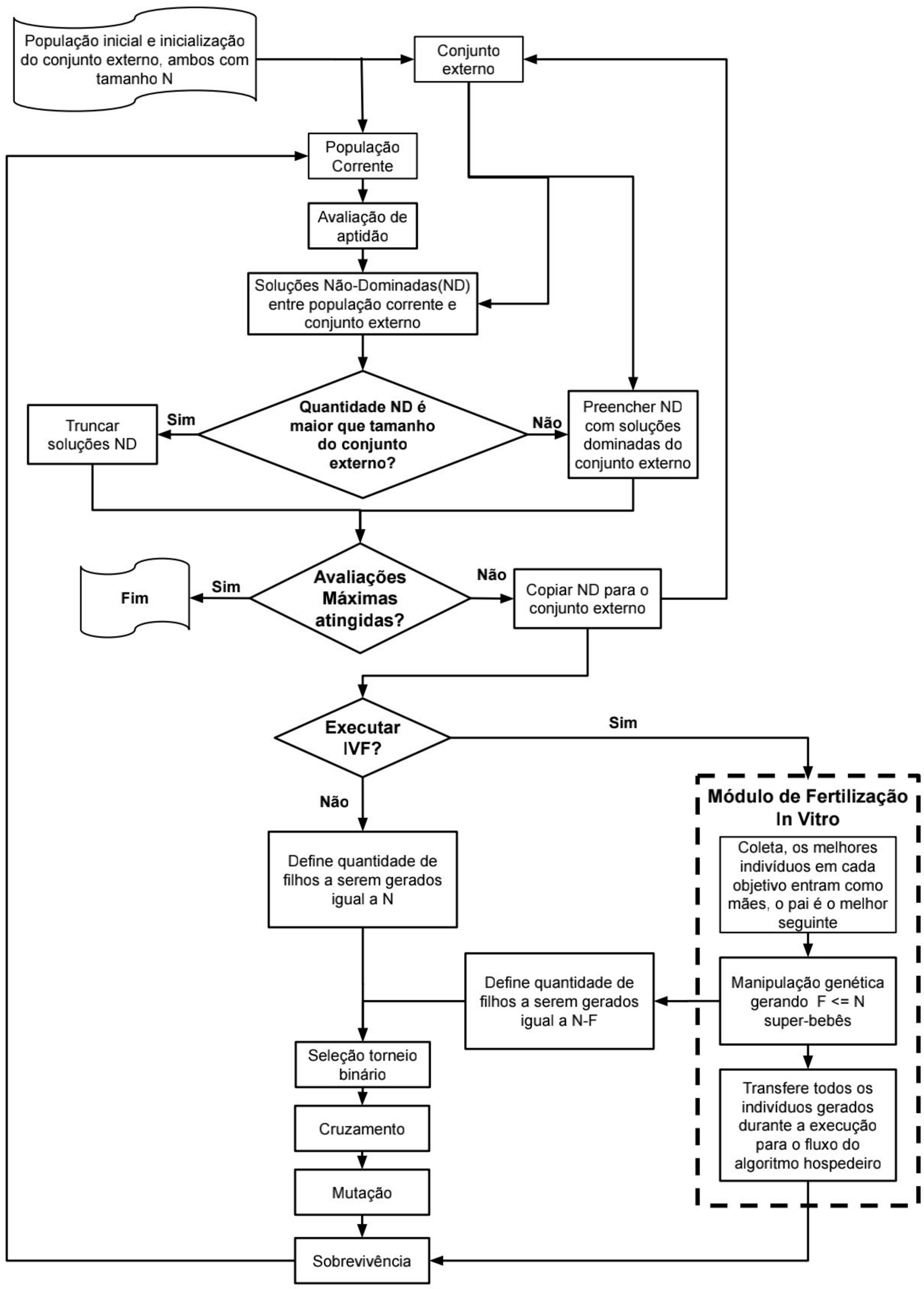

Figura 3.2: *Acoplamento do IVF multi-objetivo ao fluxo do SPEA2, na versão IVF/SPEA2.*

Digitalizado com CamScanner

CAPÍTULO 4

Experimentos e resultados

O algoritmo IVF/SPEA2 foi desenvolvido utilizando como base para programação o pymoo Framework [3], em sua versão 0.6.0, de 11 de julho de 2022.

O pymoo framework possui uma vasta base de algoritmos da literatura de otimização, como GA, NSGA-II, SPEA2 entre outros. Possui também ferramentas que provêm métodos para comparação de desempenho, benchmarks da classe de problemas ZDT e métricas de avaliação como IGD e Hypervolume.

4.1 Benchmark ZDT

Os benchmarks da classe ZDT [24] (Zitzler-Deb-Thiele) são utilizados com frequência em pesquisas sobre algoritmos genéticos (AGs) e outras técnicas de otimização multi-objetivo por várias razões:

- Representatividade: A classe ZDT abrange uma ampla variedade de problemas de otimização multi-objetivo, incluindo problemas com diferentes níveis de complexidade e diferentes números de objetivos.
- Avaliação eficiente: A função de avaliação dos benchmarks ZDT é simples e pode ser avaliada rapidamente, o que permite a realização de experimentos em larga escala.
- Referência comum: A classe ZDT é amplamente utilizada na literatura, o que permite comparações entre diferentes métodos de otimização multi-objetivo.
- Conhecimento prévio: A classe ZDT é amplamente estudada, o que permite aos pesquisadores ter uma compreensão profunda dos problemas incluídos e dos desafios enfrentados por diferentes técnicas de otimização multi-objetivo.

Em resumo, a utilização de benchmarks da classe ZDT em comparações de algoritmos genéticos e outras técnicas de otimização multi-objetivo permite uma avaliação eficiente e confiável de diferentes métodos.

Digitalizado com CamScanner

Foram realizados experimentos em todos os 6 problemas do benchmark ZDT (ZDT1, ZDT2, ZDT3, ZDT4, ZDT5 e ZDT6) que possuem diferentes configurações da fronteira de Pareto, como ilustrado na Figura 4.1.

O problema ZDT1 testa a habilidade do algoritmo em lidar com a aproximação de uma curvatura convexa da fronteira de Pareto (Figura 4.1), o ZDT2 no que lhe concerne o faz com uma curvatura côncava, ambos possuindo uma curvatura unimodal no espaço de objetivos (Figura 4.1). Fugindo um pouco da configuração unimodal, o ZDT3 possui um aspecto desconectado de sua fronteira de Pareto (Figura 4.1). Estes três problemas possuem 2 objetivos e 30 variáveis.

O ZDT4 possui uma fronteira de Pareto convexa (Figura 4.1), de maneira similar ao problema ZDT1, diferenciando em possuir múltiplos ótimos locais ou multimodalidade, possuindo 2 objetivos e 10 variáveis. O problema ZDT5 no que lhe concerne é discreto, com 2 objetivos e 11 variáveis binárias. O problema ZDT6 possui a característica de que conforme se aproxima da fronteira de Pareto, a densidade de soluções diminui, sobre a fronteira de Pareto possui soluções não uniformemente distribuídas. O problema ZDT6 possui 2 objetivos e 10 variáveis.

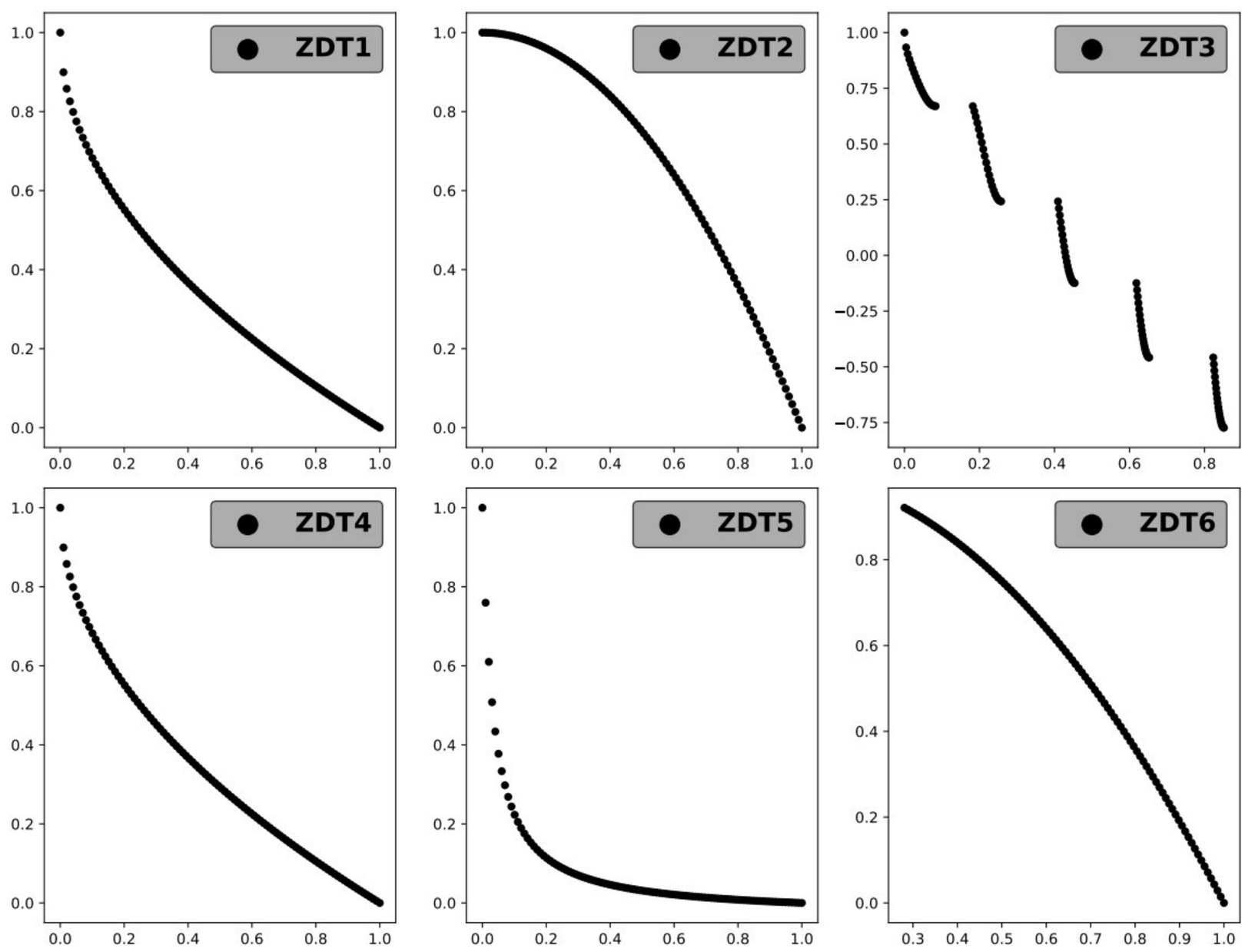

Figura 4.1: *Geometria das fronteiras de Pareto dos problemas do benchmark ZDT. Apesar da semelhança entre ZDT1 e ZDT4, a geometria do espaço de objetivos em ZDT4 é altamente multimodal, contendo* 21^9 *fronteiras locais.*

Digitalizado com CamScanner

4.2 Experimento: IVF/SPEA2

Nesta seção será apresentado os resultados feitos no *benchmark*, algoritmos e parâmetros utilizados para validar a proposta do IVF/SPEA2. Todos os seis problemas do *benchmark* multi-objetivo ZDT foram utilizados na testagem. Os resultados foram comparados com os obtidos no algoritmo canônico SPEA2.

Para avaliação do IVF/SPEA2 foi utilizado um *benchmark* que possui ampla cobertura de tipos de problemas, o *benchmark* multi-objetivo ZDT. Essa referência é bem conhecida e amplamente utilizada para avaliar desempenho de algoritmos que promovem a otimização de problemas multi-objetivo. Descritos na seção 4.1, podemos encontrar diversas características de aproximação da fronteira de Pareto, explorando também abundância de configurações de variáveis e objetivos.

Para promover a avaliação da proposta, este experimento utilizou a métrica IGD, já descrita anteriormente em 2.3.1.

4.2.1 Parametrização do experimento

Os testes foram feitos nos algoritmos SPEA2 canônico e IVF/SPEA2, executando 30 vezes cada configuração no benchmark ZDT, com 20.000 avaliações sendo o critério de parada por cada execução (*seed*).

Foram utilizados o operador de cruzamento SBX (Simulated Binary Crossover) [9] com a probabilidade de cruzamento de 0,5, o operador de mutação utilizado foi o PM (Polynomial Mutation) com a probabilidade de 0,9 de ser executado. Esses valores e operadores foram utilizados tanto na versão canônica (SPEA2) quanto na versão apresentada neste trabalho(IVF/SPEA2).

O IVF/SPEA2 possui parâmetros além dos convencionais do SPEA2. Estes parâmetros específicos do método de Fertilização In Vitro foram avaliados com diferentes valores, permitindo analisar a influência de cada operador e parâmetro do IVF nas características dos problemas estudados.

Para manter a conformidade com o algoritmo hospedeiro (SPEA2), o estágio de manipulação genética interna do IVF/SPEA2 utilizou os operadores de mutação PM (Polinomial mutation) para a mutação de parte de “mães”, e o operador de cruzamento de um corte, para a etapa de recombinações genéticas com o “pai corrente”.

Em cada série de 30 execuções (*seeds*) para cada algoritmo e problema, as métricas do IGD são determinadas, incluindo a média, o desvio padrão, a mediana, o valor mínimo e o valor máximo.

Esses 30 resultados de cada configuração foram comparados aos 30 resultados obtidos pelo SPEA2 canônico usando a função do Wilcoxon rank sum test, com nível de significância de 0,05.

Digitalizado com CamScanner

Tabela 4.1: *Parâmetros utilizados no SPEA2 canônico e no SPEA2 "hospedeiro"do IVF/SPEA2.*

Parâmetro e descrição	Valores
Operador IVF (*op*): Operador do estágio de manipulação genética do módulo IVF	EAR-P
Taxa IVF (r): Probabilidade do módulo IVF ser executado a cada geração do algoritmo hospedeiro	0,1 a 0,9, passo 0,2
Tamanho da coleta (c): Número de indivíduos obtidos no estágio de coleta para a manipulação In Vitro	5, 7, 11, 19
Máximo de ciclos (m): Número máximo de ciclos internos In Vitro, para limite de avaliações IVF	1 a 5, passo 1
Taxa de avaliações (e): Porcentagem máxima de avaliações feitas em uma geração destinadas ao In Vitro	0,3 a 0,9, passo de 0,2

4.3 Resultados do experimento: IVF/SPEA2

Nesta seção serão apresentados os resultados obtidos do experimento com a métrica IGD.

O IVF/SPEA2 foi testado com diferentes parâmetros: taxa de execução do módulo IVF (R), tamanho da coleta (C) - o tamanho do subconjunto da população a ser manipulado na fertilização in vitro; Max Cycles (M) - número máximo de ciclos de recombinação dentro do módulo IVF; e Max Avaliações (E) - porcentagem máxima de avaliações dedicadas ao módulo IVF.

4.3.1 ZDT1

Como indicado na tabela 4.2, apresentando média e desvio padrão muito reduzidos, é indicado que o SPEA2 já possui um bom resultado neste problema, pois é possível perceber que a frente do SPEA2 é muito semelhante à frente de Pareto ideal. Consequentemente, os resultados obtidos no algoritmo IVF/SPEA2 não representam melhoras significativas para com o resultado obtido no algoritmo canônico. É importante salientar que em alguns casos a média obtida pelo IVF/SPEA2 foi melhor do que a obtida pelo SPEA2 canônico.

Sobre os parâmetros utilizados, as melhores taxas de execução do In Vitro (R) foram de 0,1, mostrando que poucas intervenções ou quase nenhuma são suficientes para o problema, dado que a fronteira de Pareto obtida pelo SPEA2 canônico é muito semelhante à fronteira de Pareto ideal. Sobre o tamanho de coleta (C), os melhores resultados obtidos vieram de 5% da população do algoritmo "hospedeiro" SPEA2. A ilustração disso pode

Digitalizado com CamScanner

Tabela 4.2: *Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT1. Baixo IGD é melhor.*

Configuração				*IGD*				Algoritmo
R	C	M	E	*mean*	*min*	*max*	*std*	
				0,00527	0,004704	0,00595	0,000334	SPEA2
0,1	11	1	0,7	0,005280	0,004701	0,006090	0,000356	IVF/SPEA2
0,1	11	2	0,3	0,005264	0,004657	0,006074	0,000336	IVF/SPEA2
0,1	11	4	0,9	0,005273	0,004800	0,005895	0,000311	IVF/SPEA2
0,1	19	1	0,9	0,005280	0,004815	0,005858	**0,000265**	IVF/SPEA2
0,1	**5**	1	0,5	0,005269	0,004399	0,005878	0,000323	IVF/SPEA2
0,1	**5**	1	0,7	0,005236	0,004495	0,005901	0,000303	IVF/SPEA2
0,1	**5**	2	0,3	0,005254	0,004608	0,006063	0,000272	IVF/SPEA2
0,1	**5**	4	0,3	**0,005211**	0,004591	0,005998	0,000297	IVF/SPEA2
0,1	**5**	4	0,9	0,005277	0,004806	**0,006299**	0,000322	IVF/SPEA2
0,3	**5**	2	0,9	0,005237	**0,004333**	0,005760	0,000329	IVF/SPEA2

ser vista no mapa de calor em 4.2, quanto mais altos os valores de "R" e "C" mais alta a média de IGD retornada.

O número máximo de ciclos (M) mais frequentes nos melhores resultados foi de 1, podendo indicar que não era comum a geração de "super bebês"dentro do módulo, favorecendo os módulos com taxa de ciclos mais baixas. A taxa de avaliações máxima (E) não representou grande relevância pois como visto na Figura 4.2 mesmo com a variação de E não é possível notar diferença nos resultados.

Digitalizado com CamScanner

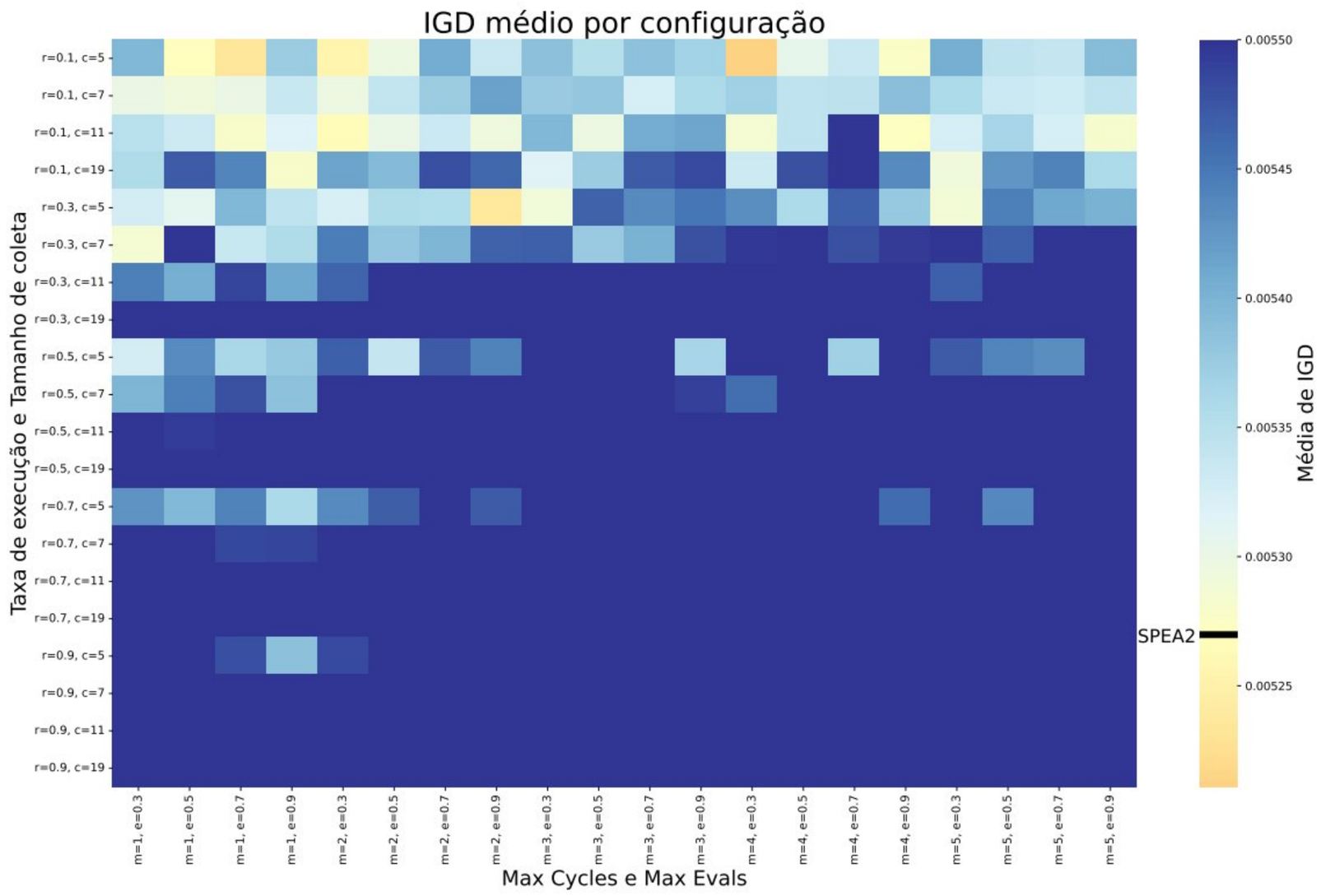

Figura 4.2: *Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT1, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos.*

4.3.2 ZDT2

Enfrentando o problema que tem como resultado a fronteira de Pareto não convexa, a tabela 4.3 nos traz dados que mostram o valor do acoplamento do méotodo In Vitro ao SPEA2. O SPEA2 parece apresentar mais dificuldades do que encontrou no ZDT1, retornando um desvio padrão mais elevado neste problema. O IVF/SPEA2 traz bons resultados e também possui valor semelhante ao do SPEA2, para algumas configurações.

Sobre os parâmetros, as melhores taxas de execução do módulo In Vitro (R) foram de 0,1 e 0,3, mostrando que poucas intervenções do módulo IVF são suficientes para obter um resultado semelhantes ao SPEA2 canônico neste problema, o tamanho da coleta (C) com melhor resultado foi de 7% da população do algoritmo "hospedeiro"SPEA2. A quantidade de ciclos máxima (M) não apresentou grande relevância, já a quantidade de avaliações máxima (E) das melhores configurações permaneceu constantemente em 50% e 70% das avaliações totais de uma geração, indicando que quando o método era ativado,

Digitalizado com CamScanner

Tabela 4.3: *Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT2. Baixo IGD é melhor.*

Configuração				*IGD*				Algoritmo
R	C	M	E	*mean*	*min*	*max*	*std*	
				0,051294	0,005011	0,19407	0,057953	SPEA2
0,1	19	1	0,5	**0,026479**	0,004797	0,129211	**0,036631**	IVF/SPEA2
0,1	5	4	0,5	0,034565	**0,004715**	0,148593	0,046157	IVF/SPEA2
0,1	**7**	1	0,7	0,033280	0,004766	0,134773	0,039354	IVF/SPEA2
0,1	**7**	4	0,7	0,031036	0,004820	0,212524	0,055394	IVF/SPEA2
0,1	**7**	5	0,7	0,035760	0,004901	0,185299	0,046235	IVF/SPEA2
0,3	**7**	1	0,7	0,035128	0,005118	**0,341240**	0,066754	IVF/SPEA2
0,3	**7**	2	0,5	0,036141	0,004819	0,231529	0,049900	IVF/SPEA2
0,3	**7**	2	0,7	0,035258	0,004740	0,180575	0,047854	IVF/SPEA2
0,7	5	2	0,7	0,031410	0,004898	0,193936	0,043298	IVF/SPEA2
0,7	**7**	3	0,7	0,033971	0,005776	0,209347	0,050352	IVF/SPEA2

efetuar mais avaliações dentro dele podia ser interessante. O mapa de calor em 4.3 demonstra graficamente o ocorrido com a variação de configurações e às reações para com às médias de IGD.

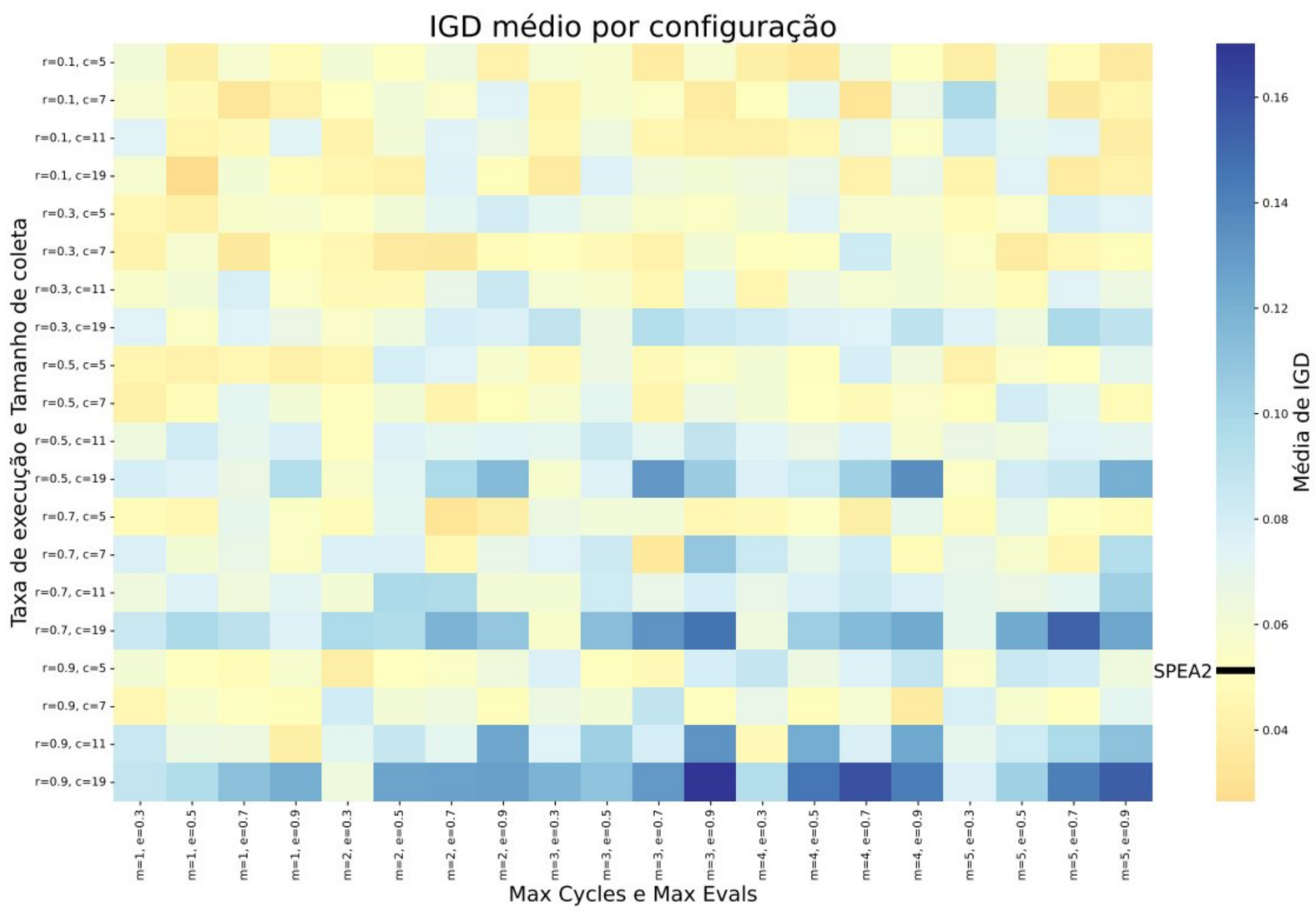

Figura 4.3: *Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT2, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos.*

Digitalizado com CamScanner

4.3.3 ZDT3

De maneira similar ao apresentado no problema ZDT2, o SPEA2 canônico apresenta certa dificuldade em relação ao avanço da fronteira, como podemos ver em 4.4, obtendo um desvio padrão relativamente mais alto, e da mesma forma, o acoplamento do In Vitro ao SPEA2 propiciou bons resultados de retorno. O IVF/SPEA2 em várias configurações obteve menor média de IGD e um desvio padrão consideravelmente menor em relação ao SPEA2.

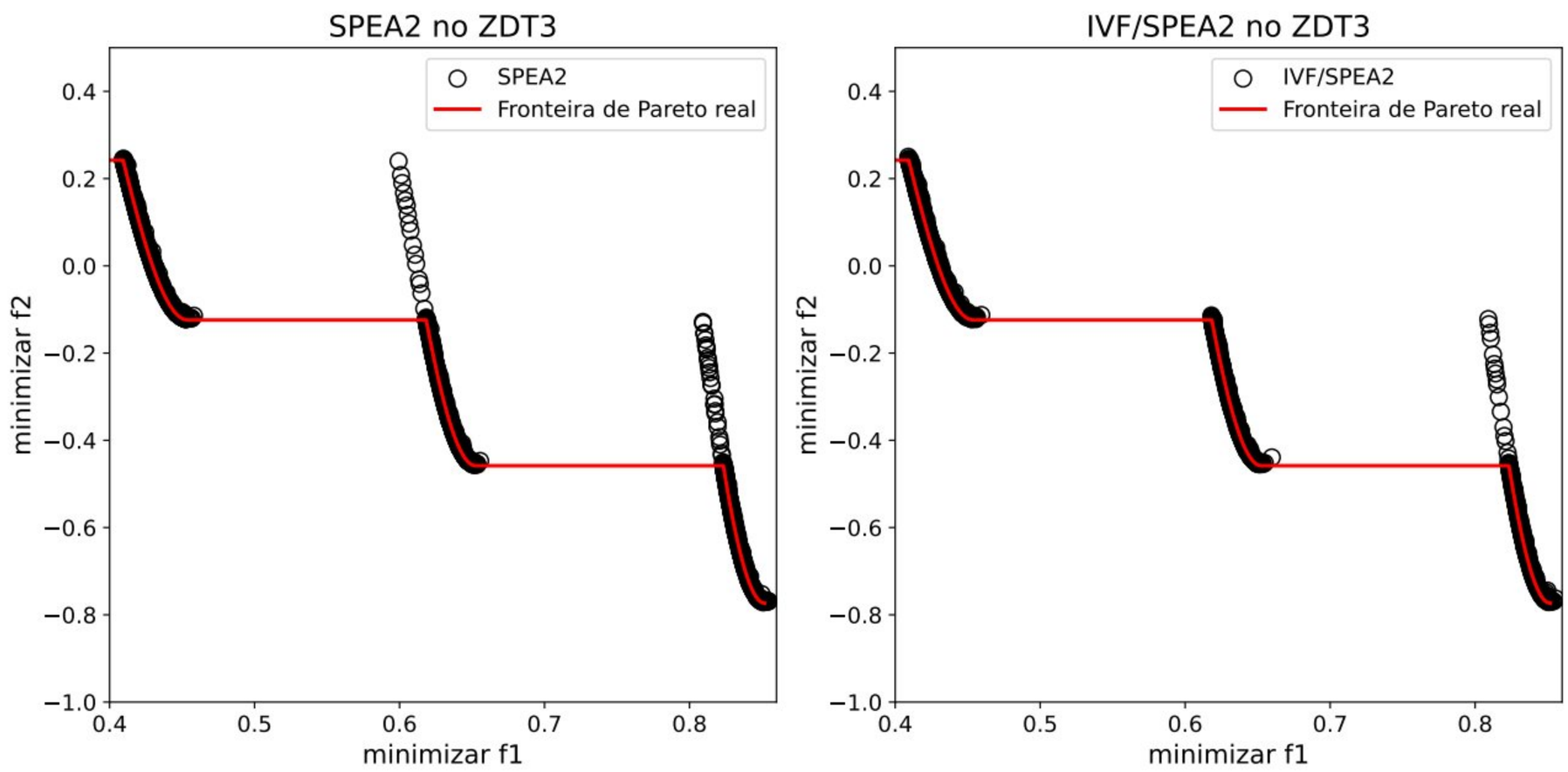

Figura 4.4: *Gráficos comparando as 30 fronteiras retornadas na configuração com menor média do IVF/SPEA2 com o SPEA2 canônico no problema desconecto e multimodal ZDT3.*

Nesta configuração de fronteira de Pareto desconecta e multimodal, foram obtidos valores altos no SPEA2 canônico, mostrando que provavelmente sem o In Vitro o algoritmo canônico acabou ficando preso em fronteiras locais com mais frequência, prejudicando assim o rendimento, podemos ver a Figura 4.4 que mostra as fronteiras geradas, onde o SPEA2 canônico ficou preso em mais mínimos locais, é importante salientar que o mesmo ocorreu menos com o IVF/SPEA2, que pelos dados mostrados, possui grande eficiência em escapar de fronteiras locais. O baixo desvio padrão também prova robustez dos resultados alcançados (Tabela 4.4).

Sobre os parâmetros, é possível ver no mapa de calor em 4.5 o comportamento das médias de IGD retornadas, os resultados indicam que o acoplamento do módulo In Vitro, no IVF/SPEA2, provavelmente gerou bom material genético e auxiliou ao avanço

Digitalizado com CamScanner

Tabela 4.4: *Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT3. Baixo IGD é melhor.*

Configuração				*IGD*				Algoritmo
R	C	M	E	*mean*	*min*	*max*	*std*	
				0,012051	0,00333	**0,160823**	**0,030729**	SPEA2
0,1	11	**4**	0,5	0,005351	0,003226	0,044781	0,007728	IVF/SPEA2
0,1	11	**4**	0,7	0,005362	0,003130	0,052443	0,008927	IVF/SPEA2
0,1	**5**	3	0,7	0,005283	0,003084	0,053299	0,009072	IVF/SPEA2
0,1	**5**	**4**	0,3	0,005248	**0,003065**	0,053300	0,009079	IVF/SPEA2
0,1	**5**	**5**	0,3	0,005367	0,003314	0,053673	0,009151	IVF/SPEA2
0,3	**5**	**5**	0,7	0,005274	0,003237	0,052655	0,008951	IVF/SPEA2
0,5	19	**5**	0,3	0,005467	0,003110	0,053040	0,008990	IVF/SPEA2
0,5	7	3	0,9	**0,003773**	0,003218	0,005101	**0,000352**	IVF/SPEA2
0,7	11	1	0,9	0,005140	0,003442	0,043934	0,007333	IVF/SPEA2
0,7	**5**	2	0,9	0,005416	0,003369	0,053539	0,009094	IVF/SPEA2

da fronteira de Pareto, tendo em vista a alta constância de número máximo de ciclos maiores (4 e 5).

Sobre a taxa de execução do módulo In Vitro (R), os melhores resultados foram com taxas de 0,1, mostrando que poucas intervenções também são suficientes para esse problema, assim como no ZDT1 e ZDT2. As taxas de coleta (C) com melhores resultados obtidos foram novamente 5% da população SPEA2.

Diferente do observado anteriormente nas tabelas 4.2 e 4.3, a quantidade máxima de ciclos (M), do módulo IVF se mantiveram mais próximas de 4 e 5. Isso pode indicar que houve o aparecimento de melhores indivíduos dentro do ciclo interno do In Vitro, levando números maiores de ciclos a retornar melhores resultados. Isso pode significar também que nos problemas ZDT1 e ZDT2, não era comum encontrar super-indivíduos melhores que o "pai corrente", portanto, o processo de Fertilização In Vitro passava para a etapa de transferência e um aumento no número de ciclos internos não tinha tanta relevância, diferente do que ocorreu neste problema.

Digitalizado com CamScanner

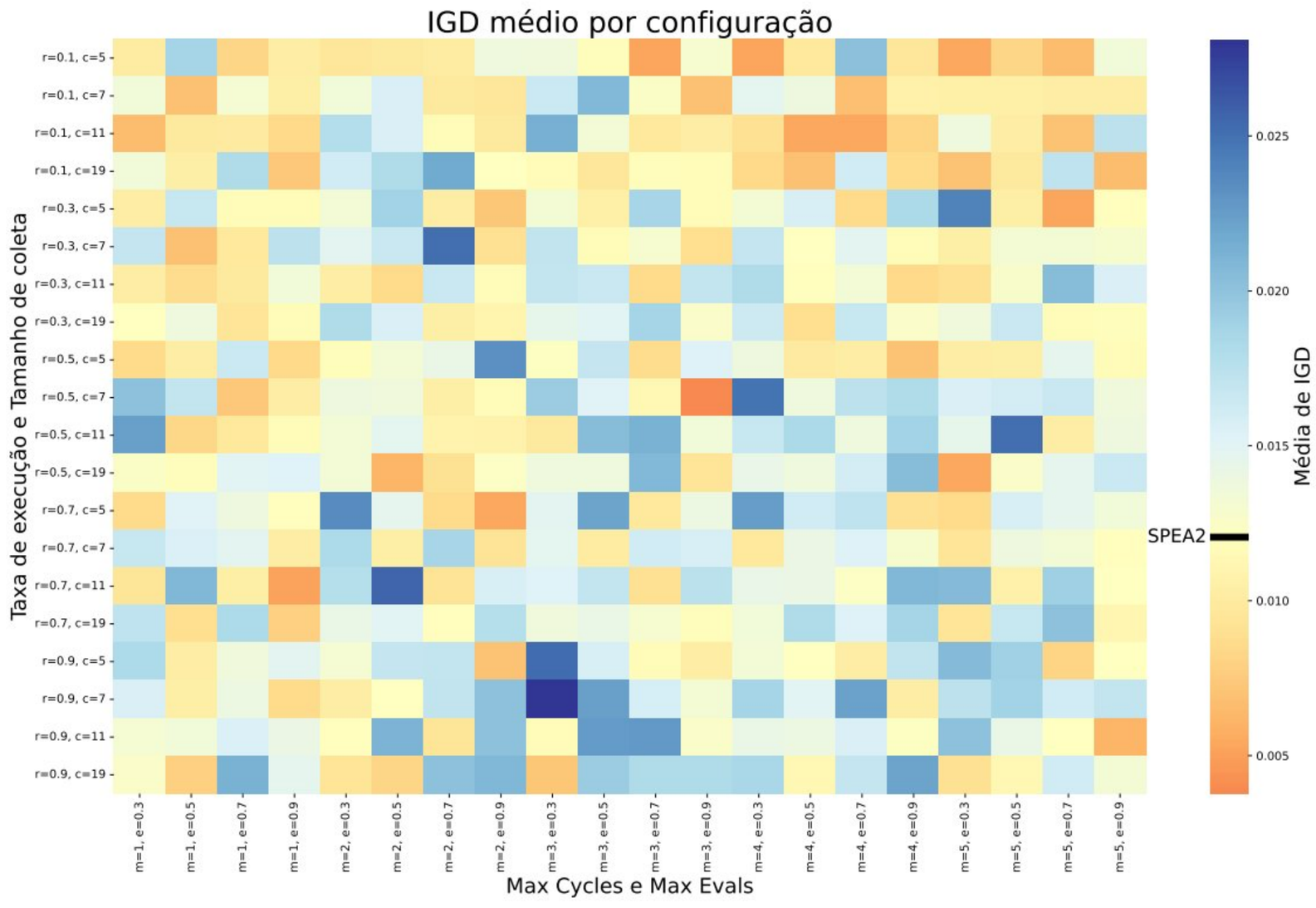

Figura 4.5: *Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT3, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos.*

4.3.4 ZDT4

Com 21^9 frentes locais ótimas de Pareto, o ZDT4 é um problema altamente multi-modal, testando a capacidade de lidar com a multimodalidade. O SPEA2 canônico parece apresentar dificuldade na convergência, ficando preso em frentes locais e não alcançando a fronteira de Pareto ideal. O IVF/SPEA2 no que lhe concerne mostrou mais habilidade em sair das fronteiras locais, escapando e obtendo resultados muito expressivos em relação ao SPEA2 canônico.

Digitalizado com CamScanner

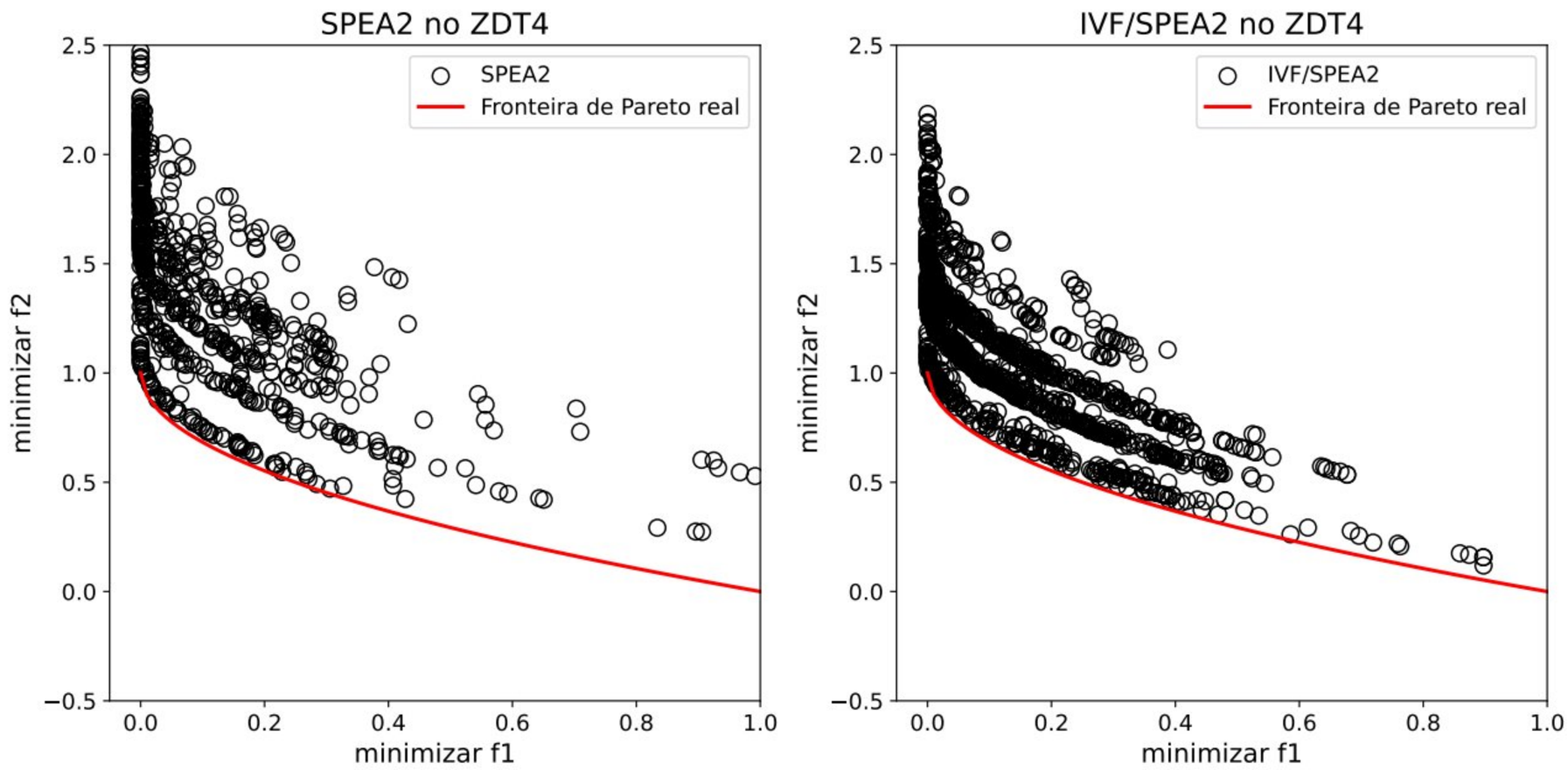

Figura 4.6: *Gráficos comparando as 30 fronteiras retornadas na configuração com menor média do IVF/SPEA2 com o SPEA2 canônico no problema multimodal ZDT4, que possui* 21^9 *mínimos locais.*

Os valores obtidos na tabela 4.5 mostram que as frentes obtidas pelo IVF/SPEA2 estão mais próximas da fronteira de Pareto ideal, a Figura 4.6 demonstra em como o algoritmo IVF/SPEA2 pode se aproximar e popular em relação fronteira de Pareto real de maneira mais constante do que em sua versão SPEA2 canônico, levando assim a observar que para problemas com multimodalidade, a contribuição da estratégia auxiliar do método In Vitro parra o algoritmo "hospedeiro"SPEA2 foi valioso.

Tabela 4.5: *Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT4. Baixo IGD é melhor.*

Configuração				*IGD*				Algoritmo
R	C	M	E	*mean*	*min*	*max*	*std*	
				0,726604	0,190482	**2,10654**	0,438291	SPEA2
0,5	**11**	4	0,3	0,378394	0,027611	1,042431	0,239197	IVF/SPEA2
0,7	**11**	1	0,3	0,394744	0,020103	0,942416	0,203436	IVF/SPEA2
0,7	**11**	1	0,5	0,396857	0,032937	0,847087	0,202614	IVF/SPEA2
0,7	19	3	0,3	0,353751	**0,019903**	0,801555	0,196116	IVF/SPEA2
0,7	7	3	0,7	0,381528	0,107284	0,914800	0,201200	IVF/SPEA2
0,9	**11**	3	0,3	0,373692	0,027233	0,745121	**0,159021**	IVF/SPEA2
0,9	**11**	4	0,3	0,386104	0,098782	0,882489	0,193752	IVF/SPEA2
0,9	**11**	5	0,3	0,372499	0,088867	1,032932	0,206955	IVF/SPEA2
0,9	19	4	0,3	**0,349829**	0,036927	0,893274	0,203759	IVF/SPEA2
0,9	7	3	0,7	0,384383	0,066175	1,151248	0,239349	IVF/SPEA2

Digitalizado com CamScanner

Sobre os parâmetros, é possível ver no mapa de calor em 4.7 o comportamento das médias de IGD retornadas onde as melhores taxas de execução do módulo In Vitro (R) foram 0,9 e 0,7, mostrando que mais intervenções do algoritmo auxiliar são necessárias para esse problema fortemente multimodal.

Em relação ao tamanho da coleta (C), os resultados mais satisfatórios foram alcançados utilizando 11% da população do algoritmo "hospedeiro"SPEA2, sugerindo a necessidade de uma quantidade maior de informações genéticas para que o método de Fertilização In Vitro possa combinar soluções existentes com as novas soluções geradas.

No quesito da quantidade máxima de ciclos (M) e da quantidade máxima de avaliações(E), os valores intermediários (3 e 30% respectivamente) se mostraram suficientes para auxiliar a otimização.

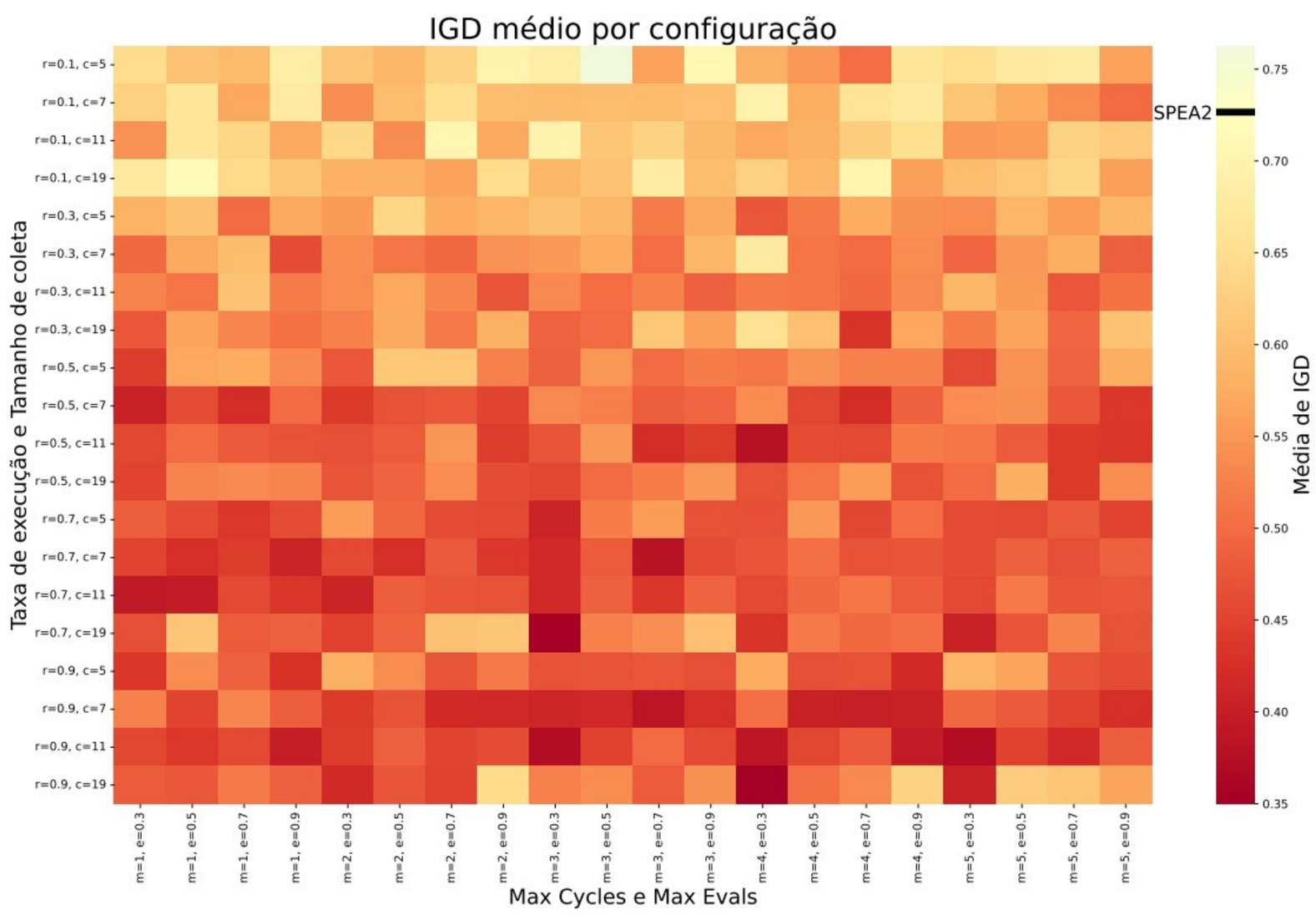

Figura 4.7: *Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT4, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos.*

4.3.5 ZDT5

Neste problema que trata de representação binária, a tabela 4.6 mostra que o IVF/SPEA2 não superou o SPEA2 canônico, que no que lhe concerne já obtém bom resultado neste problema. Apesar de produzir valores próximos aos obtidos pelo algoritmo canônico, não foram obtidos resultados melhores.

Digitalizado com CamScanner

Tabela 4.6: *Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT5. Baixo IGD é melhor.*

Configuração				*IGD*				Algoritmo
R	C	M	E	*mean*	*min*	*max*	*std*	
				0,115322	0,092474	0,152582	0,013795	SPEA2
0,1	11	1	0,7	0,119924	0,087870	0,154588	0,017480	IVF/SPEA2
0,1	19	1	0,5	0,119604	0,101190	0,155646	0,013180	IVF/SPEA2
0,1	19	4	0,3	0,120731	0,090822	**0,159798**	0,018466	IVF/SPEA2
0,1	**5**	1	0,3	0,118889	0,093465	0,138831	0,012761	IVF/SPEA2
0,1	**5**	2	0,5	0,117111	0,088911	0,144559	0,013887	IVF/SPEA2
0,1	**5**	4	0,5	0,119799	0,093955	0,158116	0,017328	IVF/SPEA2
0,1	**7**	1	0,5	0,115802	0,092080	0,139614	**0,011741**	IVF/SPEA2
0,1	**7**	2	0,5	0,118315	0,089315	0,150661	0,015426	IVF/SPEA2
0,1	**7**	5	0,3	0,119023	**0,087679**	0,154000	0,015322	IVF/SPEA2
0,3	**5**	1	0,9	0,119943	0,095739	0,143267	0,014896	IVF/SPEA2

Sobre os parâmetros, é possível ver no mapa de calor em 4.8 o comportamento das médias de IGD retornadas, onde a taxa de execução do módulo In Vitro (R), o melhor resultado foi 0,1, mostrando que pouca interferência ou quase nenhuma do módulo In Vitro geraram melhores resultados.

Sobre o tamanho da coleta (C), os valores mais baixos como 5% e 7% da população do "hospedeiro" SPEA2. Por fim, o melhor valor de M foi 1, com a taxa máxima de avaliações não representando grande relevância.

Esses valores demonstraram que a baixa utilização do In Vitro neste problema se mostrava mais interessante, já que os números tendiam aos mais baixos, não mostrando melhora alguma das médias em relação ao SPEA2 canônico. Os valores mostrados na tabela 4.6 podem indicar que as buscas auxiliares foram pouco efetivas, provavelmente gerando poucos ou nenhum indivíduo relevante.

Digitalizado com CamScanner

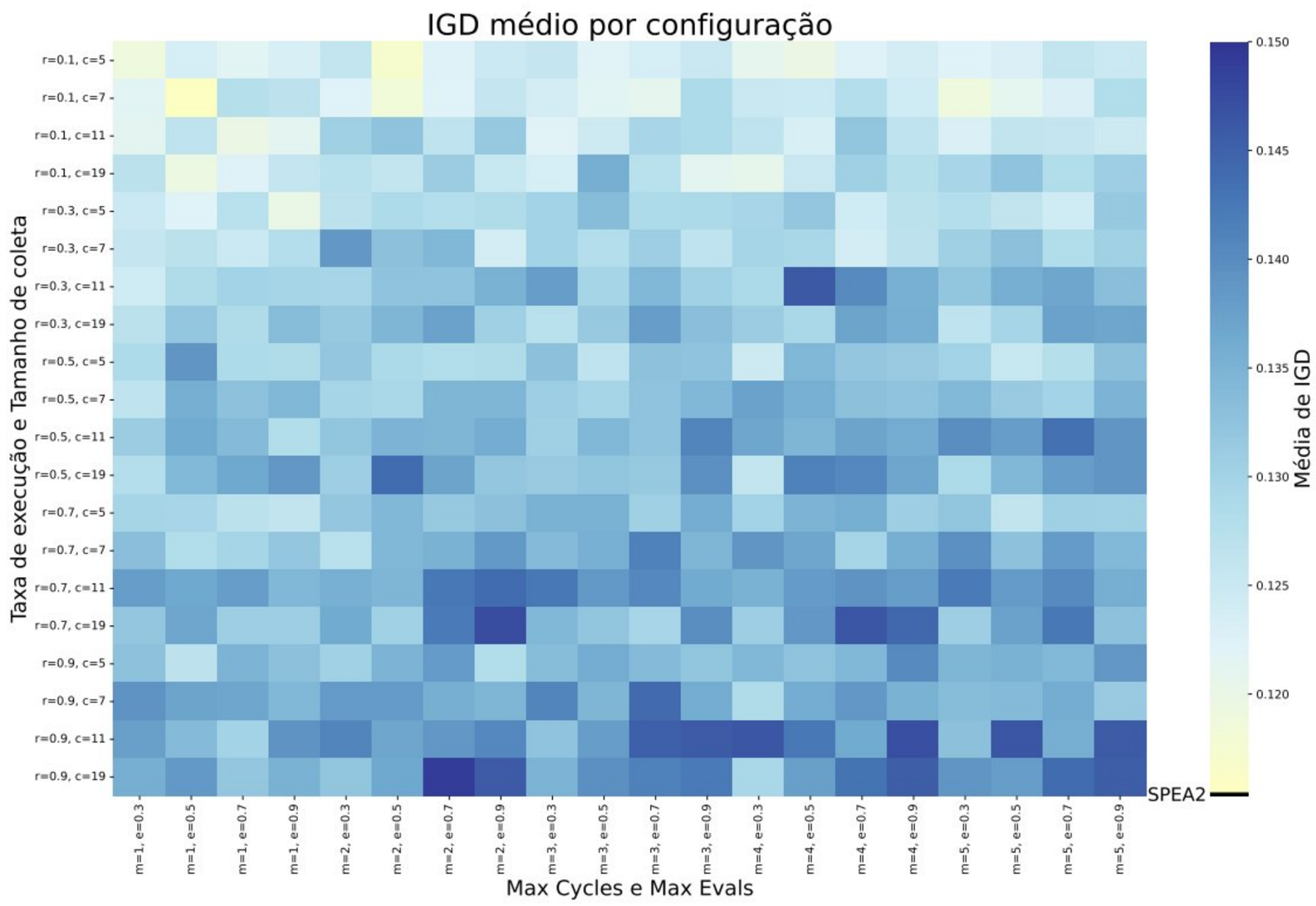

Figura 4.8: *Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT5, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos.*

4.3.6 ZDT6

A distribuição das soluções na frente de Pareto do problema ZDT6 não é equilibrada no espaço de objetivos, e a concentração de soluções é baixa na área próxima à frente de Pareto. A tabela 4.7 mostra que o IVF/SPEA2 superou o SPEA2 canônico.

Sobre os parâmetros, é possível ver no mapa de calor em 4.9 o comportamento das médias de IGD retornadas, onde a taxa de execução do módulo IVF (R), os melhores resultados foram 0,5, 0,7 e 0,9, mostrando que uma abundância de intervenções são necessárias para obter melhores resultados nesse problema. Sobre o tamanho da coleta, os melhores resultados se deram com 5% de coleta (C) da população e número máximo de ciclos (M) sendo 1.

Os dados apresentados na tabela 4.7 sugerem que, em problemas como o ZDT6, a implementação do módulo In Vitro pode resultar em uma maior quantidade de buscas auxiliares a um custo menor em termos de avaliações. Isso pode ser alcançado com poucas mães e um número moderado de ciclos de recombinação, mesmo com taxas de execução

Digitalizado com CamScanner

Tabela 4.7: *Melhores resultados obtidos e suas configurações para o problema ZDT6. Baixo IGD é melhor.*

Configuração				*IGD*				Algoritmo
R	C	M	E	*mean*	*min*	*max*	*std*	
				0,08676	0,056628	**0,127946**	0,014549	SPEA2
0,1	19	3	0,3	0,082502	0,059444	0,108584	0,013431	IVF/SPEA2
0,1	**5**	2	0,3	0,080422	0,057769	0,125099	0,015506	IVF/SPEA2
0,5	**5**	**1**	0,5	0,080598	**0,053456**	0,117290	0,013695	IVF/SPEA2
0,5	**5**	**1**	0,9	**0,079035**	0,059351	0,112030	0,014025	IVF/SPEA2
0,7	**5**	**1**	0,5	0,081453	0,059296	0,122661	0,014624	IVF/SPEA2
0,7	7	**1**	0,7	0,082532	0,060810	0,109466	0,012719	IVF/SPEA2
0,9	**5**	**1**	0,5	0,080950	0,056119	0,103510	0,013255	IVF/SPEA2
0,9	**5**	**1**	0,9	0,080200	0,068513	0,099148	**0,008763**	IVF/SPEA2
0,9	**5**	5	0,9	0,081221	0,057055	0,109132	0,010710	IVF/SPEA2
0,9	7	**1**	0,7	0,081381	0,060408	0,115304	0,014111	IVF/SPEA2

elevadas. A combinação desses parâmetros pode sugerir que o problema ZDT6 requer um número elevado de recombinações elitistas auxiliares.

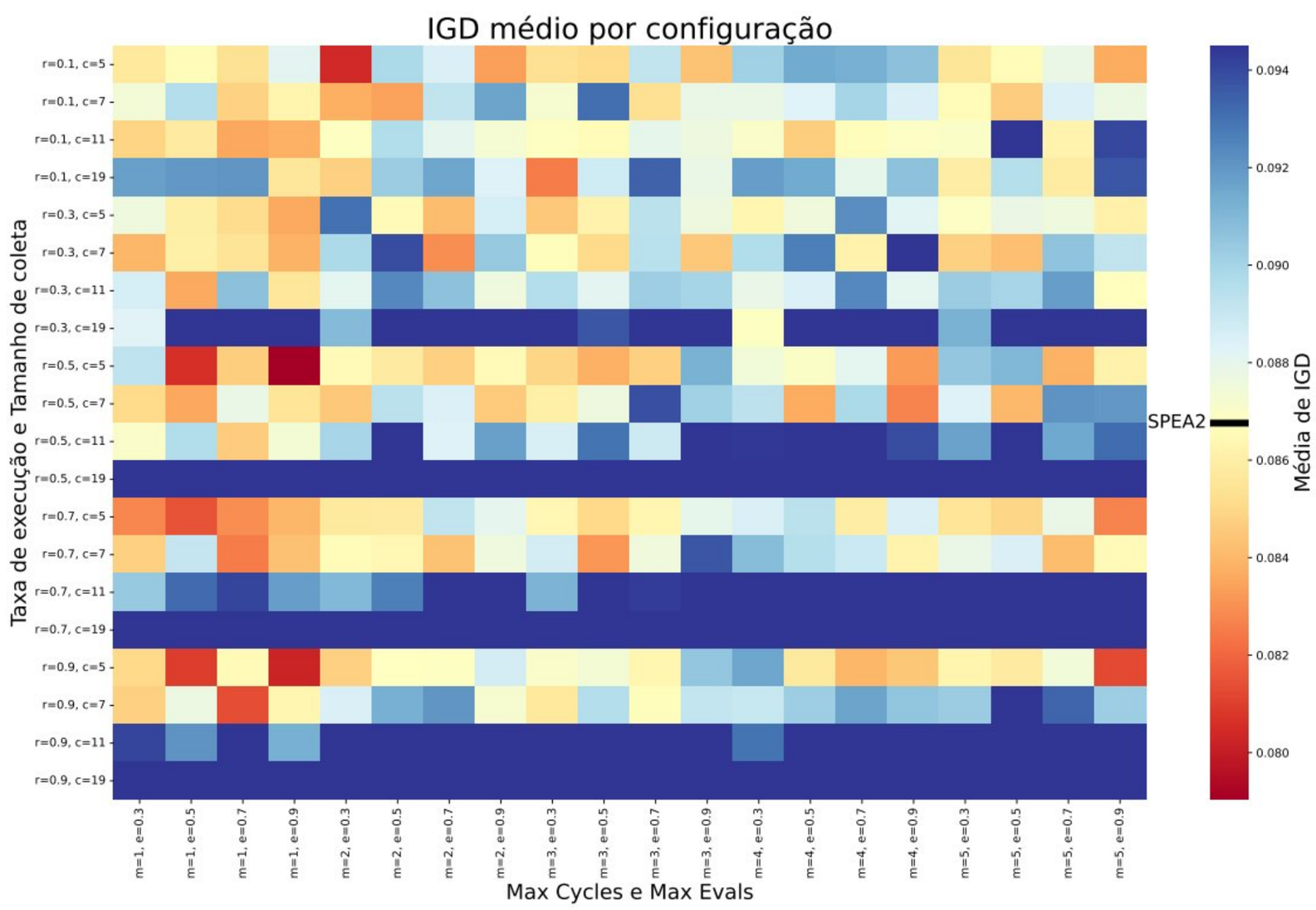

Figura 4.9: *Incidência de médias IGD das configurações do IVF/SPEA2 em comparativo com a média IGD obtida no SPEA2 do problema ZDT6, tons azulados indicam IGDs mais altos e tons mais alaranjados indicam IGDs mais baixos.*

Digitalizado com CamScanner

4.3.7 Diferença estatística: IVF/SPEA2 e SPEA2

A Figura 4.10 apresenta *boxplots* comparando o resultados das 30 execuções do melhor resultado obtido pela combinação de parâmetros do IVF/SPEA2 e do SPEA2 canônico.

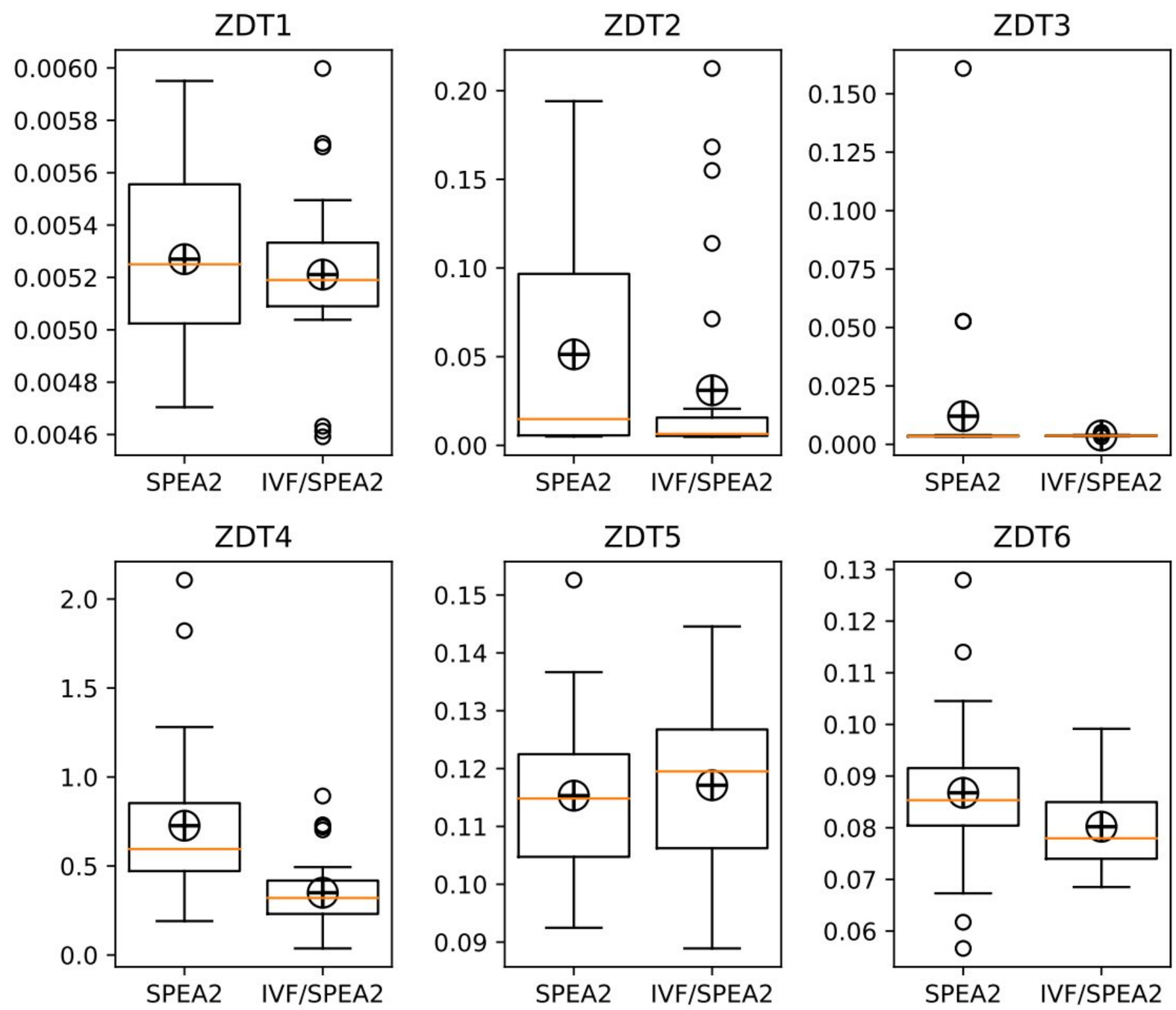

Figura 4.10: *Boxplots comparando os resultados de IGD: SPEA2 e IVF/SPEA2(mínimo, primeiro quartil, mediana, média(círculo com cruz), terceiro quartil, máximo e outliers). Diferença estatística, com p-value < 0,05, nos resultados de ZDT3, ZDT4 e ZDT6.*

Pelo indicado, o método de fertilização In Vitro contribuiu para a melhoria do SPEA2, produzindo resultados superiores e superando significativamente (*p-value* $< 0,05$) o SPEA2 canônico nos problemas ZDT3, ZDT4 e ZDT6, conforme indicado na tabela 4.8.

4.3.8 Conclusões do experimento

A proposta de acoplar o método de Fertilização In Vitro ao Algoritmo SPEA2 foi avaliada no experimento. Para validação da abordagem, foram empregados os problemas ZDT, amplamente conhecidos na literatura.

Digitalizado com CamScanner

Os resultados apontam para a capacidade de o acoplamento de Fertilização In Vitro ao Algoritmo SPEA2 em melhorar o desempenho deste último, especialmente em problemas complexos e multimodais, tal como o ZDT3 e ZDT4.

A Fig. 4.10, com os *boxplots* comparando os resultados das 30 execuções do SPEA2 e do melhor resultado obtido pela combinação de parâmetros do IVF/SPEA2, mostra que o SPEA2 foi batido ($p\text{-}value < 0,05$) pela melhor combinação de parâmetros do IVF acoplado SPEA2 em três das seis possibilidades (ZDT3, ZDT4 e ZDT6), apontando uma boa contribuição do método In Vitro.

Tratando sobre aqueles onde não foi possível identificar contribuição, no problema ZDT1 é possível observar um desempenho do SPEA2 em que os valores IGD são muito próximos a zero, com um desempenho parecido dos melhores parâmetros do IVF/SPEA2, sem grande margem de melhora possível.

Nos outros problemas, mesmo com o consumo de avaliações dentro do método In Vitro, é possível identificar que não houve degradação do resultado, chegando a valores muito similares aos obtidos no canônico ($p\text{-}value > 0,05$). Pode-se considerar que o acoplamento não degradou a busca do algoritmo "hospedeiro" SPEA2.

Tabela 4.8: *Configuração de parâmetros com menor valor médio IGD pelo IVF/SPEA2 versus SPEA2 (p-value do Wilcoxon rank sum test).*

		Configuração			
MOP	*p-value*	R	C	M	E
ZDT1	0.6732	0,1	5	4	0,3
ZDT2	0.1254	0,1	19	1	0,5
ZDT3	0.0185	0,5	7	3	0,9
ZDT4	0.0002	0,9	19	4	0,3
ZDT5	0.6583	0,1	7	1	0,5
ZDT6	0.0494	0,5	5	1	0,9

Digitalizado com CamScanner

CAPÍTULO 5

Conclusões

Este trabalho propôs o acoplamento do método de Fertilização In Vitro no algoritmo evolucionário multi-objetivo SPEA2, compondo assim o novo algoritmo memético multi-objetivo IVF/SPEA2.

Foram realizados experimentos com o benchmark ZDT, composto por cinco problemas de otimização contínua e um problema de otimização discreta, amplamente utilizado na avaliação de algoritmos de múltiplos objetivos na literatura.

Os resultados demonstraram que o IVF/SPEA2 contribuiu para a melhoria dos resultados em comparação com o SPEA2 no problema fortemente multimodal ZDT4, e nos problemas ZDT3 e ZDT6. No problema ZDT1 em que o algoritmo SPEA2 possui bons resultados, tendo retornado valores IGD muito similares. Já em problemas como ZDT2 e ZDT5 em que o resultado do SPEA2 não era muito bom, o acoplamento do In Vitro não prejudicou e nem conseguiu contribuir para uma melhora significativa, mantendo resultados muito similares.

Analisando os resultados obtidos na experimentação do problema ZDT3, o IVF/SPEA2 foi superior ao SPEA2, esse problema tem como principal característica a desconexão de sua fronteira de Pareto, possuindo também uma quantidade considerável de mínimos locais. É possível observar na Figura 4.4, que foi mais frequente a estagnação do SPEA2 em valores mais altos de IGD, indicando que sem o acoplamento do método IVF o algoritmo canônico SPEA2 encontrou dificuldades ao prosseguir na aproximação da fronteira, a característica de desconexão pode ter provocado dificuldades em sua convergência assim como a quantidade considerável de mínimos locais, como visto na Figura 4.4. Neste problema, a maior contribuição aparente do método IVF foi em relação a convergência, já que a estagnação ocorreu em menor frequência no IVF/SPEA2, a exploração por sua vez se mostrou equivalente, já que ambos os algoritmos popularam muito bem as fronteiras conhecidas. O método IVF obteve melhores resultados em baixas taxas de execução, demonstrando que a baixa interferência do método foi suficiente. O IVF pareceu promissor em problemas desconexos e multimodais, pelo desempenho observado nessas características.

O algoritmo memético IVF/SPEA2 na otimização do problema ZDT4 que tem

Digitalizado com CamScanner

por principal característica a multimodalidade, foi capaz de lidar melhor com 21^9 mínimos locais do que o SPEA2 canônico, a Figura 4.6 demonstra como foi mais frequente a aproximação da fronteira real de Pareto no IVF/SPEA2, as barreiras de mínimo local foram quebradas mais constantemente demonstrando que o acoplamento do método In Vitro gerou grande contribuição com a geração de seus super-indivíduos, sendo capaz de proporcionar uma melhor convergência. Os resultados da tabela 4.5 mostram que uma maior ativação do método IVF gerou IGDs menores, refletindo então que estava sendo gerado bom material genético por meio do mesmo. Como vemos na Figura 4.6, a quantidade de indivíduos próximo à fronteira de Pareto real foi maior no IVF/SPEA2, mostrando também uma melhor exploração do espaço de busca para com o algoritmo memético em relação ao canônico, desta forma, é possível identificar uma melhor razão entre intensificação e exploração para a configuração encontrada no problema ZDT4. O IVF portanto demonstra grande capacidade em lidar com problemas multimodais, pois novamente houve boa contribuição em um problema que possui esta característica.

Os resultados indicam a importância de manter um equilíbrio entre a busca local e a busca global em algoritmos híbridos como o IVF/SPEA2, pois as combinações de parâmetros que apresentaram os melhores resultados em alguns problemas foram aquelas que mantiveram esse equilíbrio. Por outro lado, é possível observar que poucas interferências do método In Vitro podem contribuir para melhores resultados, pois em problemas como o ZDT3, foi obtido uma melhora com baixa ativação do método e altas quantidades de ciclos, podendo refletir uma alta taxa de produção de super bebês, mesmo com pouco material genético, o que levava a mais de um ciclo do método, gerando mais de um super bebê para o hospedeiro. Com uma configuração elitista natural do SPEA2 canônico, é possível que configurações com baixa execução do método In Vitro foram prevalecidas em problemas que o SPEA2 não possuía desempenho satisfatório, para desta forma prevalecer a manutenção de intensificação e exploração.

5.1 Ameaças à validade

Sabe-se que os algoritmos evolutivos, juntamente com outras meta-heurísticas, possuem uma natureza estocástica e não determinística. Em outras palavras, diferentes execuções do mesmo algoritmo para uma mesma tarefa podem resultar em resultados distintos. Ademais, geralmente, a inicialização destes algoritmos é feita de forma aleatória, com as populações iniciais sendo geradas de maneira randômica a cada vez que são executados. Diante disso, considerando a variação aleatória, as avaliações foram realizadas 30 vezes para cada configuração que estava sendo analisada, seguindo as diretrizes [1] apontadas por Arcuri e Briand em 2011.

Digitalizado com CamScanner

Ao realizar a análise dos resultados, foram empregados tanto técnicas estatísticas descritivas quanto análises gráficas. Estas incluíram a observação da evolução das médias das métricas, como o Inverted Generational Distance (IGD), bem como a comparação dos resultados por tabelas e gráficos do tipo Boxplot, que apresentam médias, valores mínimos e máximos, desvio padrão, quartis e outliers.

Além disso, para comparar os algoritmos, foram realizados testes para verificar as diferenças estatísticas entre os resultados. Foi aplicado o teste *Wilcoxon Signed Rank Test* fornecido pela plataforma Scipy [23], sendo um teste não paramétrico.

Foram utilizados as configurações de parametrização indicadas na literatura [3] para o SPEA2 canônico. Tais parâmetros são indicados no capítulo 4. Os mesmos parâmetros utilizados nos algoritmos canônicos foram também utilizados na configuração dos algoritmos "hospedeiros" que receberam o acoplamento do método In Vitro multi-objetivo.

Uma das métricas comumente utilizadas e propostas na literatura [7] para avaliar o custo computacional de um algoritmo evolutivo é o número de avaliações de função, ou seja, o número de vezes que a função objetivo é avaliada durante a execução do algoritmo. A métrica utilizada nesse estudo, IGD [8], é amplamente utilizado na avaliação de algoritmos de otimização de múltiplos objetivos, na literatura

As fontes dos códigos relacionados às propostas apresentadas neste estudo serão tornadas acessíveis na internet, permitindo que outros pesquisadores possam empregá-los com fins de reprodução dos experimentos, realização de novas comparações, implementação de melhorias e assim por diante. As fontes dos códigos das propostas apresentadas foram elaboradas em Python, com base na estrutura do Pymoo Framework [3]. É planejado publicá-los na linguagem Python, para que estas sugestões possam ser executadas utilizando diferentes arquiteturas disponíveis para essa linguagem de codificação.

Um perigo à validade deste estudo é que o código-fonte dos algoritmos propostos e a execução dos experimentos foram fundamentados apenas em um *framework*, o Pymoo Framework [3]. Portanto, supõe-se que as fontes dos códigos empregados do algoritmo SPEA2, dos problemas ZDT, da métrica IGD, da fronteira de Pareto do benchmark ZDT, bem como os operadores de seleção, cruzamento e mutação, entre outros aspectos, retratem de forma adequada todos os tópicos mencionados na literatura. Dessa maneira, a execução de experimentos adicionais em outras estruturas, tais como o jMetalPy [16] (em Python), pode ajudar a minimizar esse risco potencial à precisão deste estudo.

5.2 Trabalhos Futuros

Para trabalhos futuros, mais experimentos podem ser realizados utilizando outros *benchmarks*, dentre eles podemos citar: DTLZ, WFG, CEC2009, entre outros.

Digitalizado com CamScanner

Análise de Hiper-heurísticas e adaptação automática dos Parâmetros Internos na Execução do método Fertilização In Vitro.

Por fim, há a possibilidade de estudar sobre a adaptação do método de Fertilização In Vitro às abordagens *Many-Objetive* junto ao seu acoplamento a algoritmos como MOEAD e NSGA-III.

Digitalizado com CamScanner

Referências

[1] ARCURI, A.; BRIAND, L. C. **Practical lessons from predictiveness under optimization**. *Empirical Software Engineering*, 16(2):149–169, 2011.

[2] BACK, T. **Genetic algorithms and evolution strategies: Similarities and differences**. *Natural Computing*, 1(3):231–246, 1996.

[3] BLANK, J.; DEB, K. **pymoo: Multi-objective optimization in python**. *IEEE Access*, 8:89497–89509, 2020.

[4] BLUM, C.; ROLI, A. **Metaheuristics in combinatorial optimization: Overview and conceptual comparison**. *ACM computing surveys (CSUR)*, 35(3):268–308, 2003.

[5] CAMILO-JUNIOR, C. G.; YAMANAKA, K. **In vitro fertilization genetic algorithm**. In: *Evolutionary algorithms*, p. 1–14. InTech, 2011.

[6] COELLO, C. A. C.; LAMONT, G. B.; VAN VELDHUIZEN, D. A.; OTHERS. **Evolutionary algorithms for solving multi-objective problems**, volume 5. Springer, 2007.

[7] COELLO COELLO, C. A.; LAMONT, G. B.; VELDHUIZEN, D. A. V. **Performance assessment of multiobjective optimization algorithms**. *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, 11(6):653–667, 2007.

[8] COELLO COELLO, C. A.; SIERRA, M. R. **A study of the parallelization of a coevolutionary multi-objective evolutionary algorithm**. In: *Advances in Artificial Intelligence*, p. 688–697. Springer, 2004.

[9] DEB, K.; AGRAWAL, R. B.; OTHERS. **Simulated binary crossover for continuous search space**. *Complex systems*, 9(2):115–148, 1995.

[10] DEB, K.; PRATAP, A.; AGARWAL, S.; MEYARIVAN, T. **A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: Nsga-ii**. *IEEE transactions on evolutionary computation*, 6(2):182–197, 2002.

[11] EIBEN, A. E.; VAN VELDHUIZEN, D. A. **Genetic algorithms with multi-parent recombination**. In: *Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation*, volume 1, p. 10–14. IEEE, 1994.

Digitalizado com CamScanner

[12] FREITAS, A.; ARAÚJO, A. A.; PAIXAO, M.; DANTAS, A.; CAMILO-JÚNIOR, C.; SOUZA, J. **Uma abordagem utilizando nsga-ii in vitro para resolução do problema do próximo release multiobjetivo**. In: *Proceedings of VI Workshop de Engenharia de Software Baseada em Busca (WESB '2015). CBSOFT*, p. 31–40, 2015.

[13] GOLDBERG, D. E.; DEB, K. **A comparative analysis of tournament selection and proportional selection**. *Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms*, 91:36–41, 1991.

[14] HOLLAND, J. H. **Adaptation in Natural and Artificial Systems**. University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975.

[15] KIRKPATRICK, S.; GELATT JR, C.; VECCHI, M. **Optimization by simulated annealing**. In: *Science*, volume 220, p. 671–680. American Association for the Advancement of Science, 1983.

[16] NEBRO, A. J.; DURILLO, J. J.; COELLO COELLO, C. A. **Jmetalpy: A python library for multi-objective optimization**. *Journal of Machine Learning Research*, 19:158, 2018.

[17] NGATCHOU, P.; ZAREI, A.; EL-SHARKAWI, A. **Pareto multi objective optimization**. In: *Proceedings of the 13th international conference on, intelligent systems application to power systems*, p. 84–91. IEEE, 2005.

[18] SAMPAIO, S. M.; CAMILO, C. G. **Ivf/nsgaii: In vitro fertilization method coupled to nsgaii**. In: *2017 IEEE Latin American Conference on Computational Intelligence (LA-CCI)*, p. 1–6. IEEE, 2017.

[19] SAMPAIO, S. M.; CAMILO-JUNIOR, C. G. **Ivf/gde3-in vitro fertilization method coupled to gde3**. In: *2019 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)*, p. 2066–2073. IEEE, 2019.

[20] SAMPAIO, S. M.; OTHERS. **Uma abordagem multi-objetivo do método de fertilização in vitro para os algoritmos nsga-ii e gde3**. 2020.

[21] TAMAKI, H.; KITA, H.; KOBAYASHI, S. **Multi-objective optimization by genetic algorithms: A review**. In: *Proceedings of IEEE international conference on evolutionary computation*, p. 517–522. IEEE, 1996.

[22] VEMURI, V. R.; KUMAR, V. N. P. **Genetic algorithms for optimization: A review**. *Journal of Information and Optimization Sciences*, 27(4):589–607, 2006.

Digitalizado com CamScanner

[23] VIRTANEN, P.; GOMMERS, R.; OLIPHANT, T. E.; HABERLAND, M.; REDDY, T.; COURNAPEAU, D.; BUROVSKI, E.; PETERSON, P.; WECKESSER, W.; BRIGHT, J.; VAN DER WALT, S. J.; BRETT, M.; WILSON, J.; MILLMAN, K. J.; MAYOROV, N.; NELSON, A. R. J.; JONES, E.; KERN, R.; LARSON, E.; CAREY, C. J.; POLAT, İ.; FENG, Y.; MOORE, E. W.; VANDERPLAS, J.; LAXALDE, D.; PERKTOLD, J.; CIMRMAN, R.; HENRIKSEN, I.; QUINTERO, E. A.; HARRIS, C. R.; ARCHIBALD, A. M.; RIBEIRO, A. H.; PEDREGOSA, F.; VAN MULBREGT, P.; SCIPY 1.0 CONTRIBUTORS. **SciPy 1.0: Fundamental Algorithms for Scientific Computing in Python**. *Nature Methods*, 17:261–272, 2020.

[24] ZITZLER, E.; DEB, K.; THIELE, L. **Comparison of multiobjective evolutionary algorithms: Empirical results**. *Evolutionary Computation*, 8(2):173–195, 2000.

[25] ZITZLER, E.; LAUMANNS, M.; THIELE, L. **Spea2: Improving the strength pareto evolutionary algorithm**. *TIK-report*, 103, 2001.

[26] ZITZLER, E.; THIELE, L. **An evolutionary algorithm for multiobjective optimization: The strength pareto approach**. *TIK-report*, 43, 1998.

Digitalizado com CamScanner