Concrete Compressive Strength

CTC-34_Lab2: Evolução Gramátical

Matheus Vidal & Pedro Alves

17/11/2019

Definição da Gramática

```
# Limpa Área de trabalho
rm(list = ls())

#set seed
set.seed(165465)

# Não Terminais
V <- c("<exp>","<op>","<var>")

# Terminais
op <- c("+","-","/","*")

# Geração de constantes
max_const <- 3.15
const_quant <- 10000
amostra <- 10000
const <- runif(const_quant,min = 0,max=max_const)

max_const <- 10
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))

max_const <- 100
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))


max_const <- 1000
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))

max_const <- 10000
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
```

```r
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))

max_const <- 100000
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))

max_const <- 1000000
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))

max_const <- 10000000
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))

max_const <- 100000000
const_quant <- 1000
amostra <- 1000
const <- c(const, runif(const_quant,min = max_const/2,max=max_const*1.5))

var <- rep(c("x","y","z","u","v","w","p","q"),25000)
var <- c(var,const)
sigma <- c(op,var)


# Símbolo Inicial
S <- "<exp>"

# Produções
basicas <-
c(rep(c("<var>"),1000),rep(c("<var><op><exp>"),5000),rep(c("<var><op><exp
>"),0))
seno <-
c(rep(c("sin(<var>)"),35),rep(c("sin(<exp>)"),15),rep(c("sin(<var>)<op><e
xp>"),20),rep(c("sin(<exp>)<op><exp>"),10))
aseno <-
c(rep(c("asin(<var>)"),35),rep(c("asin(<exp>)"),15),rep(c("asin(<var>)<op
><exp>"),20),rep(c("asin(<exp>)<op><exp>"),10))
senoh <-
c(rep(c("sinh(<var>)"),35),rep(c("sinh(<exp>)"),15),rep(c("sinh(<var>)<op
><exp>"),20),rep(c("sinh(<exp>)<op><exp>"),10))
asenoh <-
c(rep(c("asinh(<var>)"),35),rep(c("asinh(<exp>)"),15),rep(c("asinh(<var>)
<op><exp>"),20),rep(c("asinh(<exp>)<op><exp>"),10))
cosseno <-
c(rep(c("cos(<var>)"),35),rep(c("cos(<exp>)"),15),rep(c("cos(<var>)<op><e
xp>"),20),rep(c("cos(<exp>)<op><exp>"),10))
```

```
acosseno <-
c(rep(c("acos(<var>)"),35),rep(c("acos(<exp>)"),15),rep(c("acos(<var>)<op
><exp>"),20),rep(c("acos(<exp>)<op><exp>"),10))
cossenoh <-
c(rep(c("cosh(<var>)"),35),rep(c("cosh(<exp>)"),15),rep(c("cosh(<var>)<op
><exp>"),20),rep(c("cosh(<exp>)<op><exp>"),10))
acossenoh <-
c(rep(c("acosh(<var>)"),35),rep(c("acosh(<exp>)"),15),rep(c("acosh(<var>)
<op><exp>"),20),rep(c("acosh(<exp>)<op><exp>"),10))
tangente <-
c(rep(c("tan(<var>)"),35),rep(c("tan(<exp>)"),15),rep(c("tan(<var>)<op><e
xp>"),20),rep(c("tan(<exp>)<op><exp>"),10))
atangente <-
c(rep(c("atan(<var>)"),35),rep(c("atan(<exp>)"),15),rep(c("atan(<var>)<op
><exp>"),20),rep(c("atan(<exp>)<op><exp>"),10))
tangenteh <-
c(rep(c("tanh(<var>)"),35),rep(c("tanh(<exp>)"),15),rep(c("tanh(<var>)<op
><exp>"),20),rep(c("tanh(<exp>)<op><exp>"),10))
atangenteh <-
c(rep(c("atanh(<var>)"),35),rep(c("atanh(<exp>)"),15),rep(c("atanh(<var>)
<op><exp>"),20),rep(c("atanh(<exp>)<op><exp>"),10))
logaritmo <-
rep(c(rep(c("log(<var>)"),35),rep(c("log(<exp>)"),15),rep(c("log(<var>)<o
p><exp>"),20),rep(c("log(<exp>)<op><exp>"),10)),5)
exp_natural <-
rep(c(rep(c("exp(<var>)"),35),rep(c("exp(<exp>)"),15),rep(c("exp(<var>)<o
p><exp>"),20),rep(c("exp(<exp>)<op><exp>"),10)),5)
exponencial <-
rep(c(rep(c("<exp>^(<var>)"),35),rep(c("<exp>^(<exp>)"),15),rep(c("<exp>^
(<var>)<op><exp>"),20),rep(c("<exp>^(<exp>)<op><exp>"),10)),2)
modulo <-
rep(c(rep(c("abs(<var>)"),35),rep(c("abs(<exp>)"),15),rep(c("abs(<var>)<o
p><exp>"),20),rep(c("abs(<exp>)<op><exp>"),10)),2)
quadrada <-
rep(c(rep(c("sqrt(<var>)"),35),rep(c("sqrt(<exp>)"),15),rep(c("sqrt(<var>
)<op><exp>"),20),rep(c("sqrt(<exp>)<op><exp>"),10)),5)



P <-
list(c(basicas,quadrada,seno,aseno,asenoh,cosseno,cossenoh,acosseno,senoh
,cossenoh,logaritmo,tangente,atangenteh,atangente,tangenteh,
            exp_natural,exponencial,modulo),op,var)
```

Definição dos Cromossomos

Cada cromossomo é gerado aleatóriamente.

```
cromo_size <- 200
cromo_quant <- 100
max_gene <- 10000000
```

```
p.mutacao <- c(0,0,0.01,0.03,0.05,0.1,0.2,0.35,0.55,0.80,1,1,1)
p.cruzamento <- 0.4
if(max_gene < cromo_size*cromo_quant){
  max_gene <- cromo_size*cromo_quant
}
first_sorteados_fraction <- 10
order_size_fraction <- 3
prop_filhos <- 2
C <- matrix(sample(max_gene,max_gene),cromo_quant,cromo_size) # Ci = C[i,]
```

Carregamento dos Dados de Treinamento

```
trainingData <- read.csv(file="training.csv", header=TRUE, sep=",")
```

Gerando Derivação

Gera-se aqui as expressões matemáticas a partir de cada cromossomo.

```
S <- "<exp>"
derivacao <- rep(S,cromo_quant) # símbolo inicial
endCromo <- array(0,cromo_quant)
for (i in 1:cromo_quant) {
  S <- "<exp>"
  j <- 0
  count <- 0
  while (S!="<NA>"){
    count <- count + 1
    # evitar loop infinito, para cromossomos mal escolhidos:
    if (count > cromo_size){
      tmp <- stringr::str_match(derivacao[i], ".*?<")
      tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
      if (is.na(tmp)){
        last.char <- substr(tmp,nchar(derivacao[i]),nchar(derivacao[i]))
        if (!last.char%in%var){
          tmp <- substr(derivacao[i],1,nchar(derivacao[i])-1)
        }
      } else {
        last.char <- substr(tmp,nchar(tmp),nchar(tmp))
        if (!last.char%in%var){
          # se terminar em operador
          if (last.char%in%op){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-1,nchar(tmp))=="^("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-2)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="asinh("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="acosh("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="atanh("){
             tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
```

```
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-1,nchar(tmp))=="h("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="sqrt("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="asin("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="acos("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="atan("){
             tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          } else if (last.char=="("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-4)
          }
        }
        last.char <- substr(tmp,nchar(tmp),nchar(tmp))
        # se terminar em operador
        if (last.char%in%op){
          tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
        }
        endCromo[i] <- -1
      }
      # colocar parênteses restantes
      abrindo <- stringr::str_count(tmp,"\\(")
      fechando <- stringr::str_count(tmp,"\\)")
      add <- strrep(")",abrindo-fechando)
      tmp <- paste(tmp,add,sep = "")

      derivacao[i] <- tmp
      S <- "<NA>"
    }
    j <- j%%cromo_size + 1

    # Faz substituições
    if (S=="<exp>"){
      rule <- P[[1]][1+C[i,j]%%length(P[[1]])] # determina a regra a ser
aplicada
      derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao por
substituição
      S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o primeiro
<..>
      S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo simbolo
    } else if (S=="<op>"){
      rule <- P[[2]][1+C[i,j]%%length(P[[2]])] # determina a regra a ser
aplicada
      derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao por
substituição
      S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o primeiro
<..>
      S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo simbolo
    } else if (S=="<var>"){
```

```
      rule <- P[[3]][1+C[i,j]%%length(P[[3]])] # determina a regra a ser
aplicada
      derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao por
substituição
      S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o primeiro
<..>
      S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo simbolo
    }
  }
  endCromo[i] <- endCromo[i] + count
}
derivacao
```

```
##   [1] "v/tan(y)"
##   [2] "sqrt(exp(v+p+cosh(p))-p-v/x-w+cosh(v))"
##   [3] "u+2.23955080801388/asinh(x)"
##   [4] "x"
##   [5] "y-v"
##   [6] "p*p+sqrt(z)"
##   [7] "sqrt(w)+w"
##   [8] "u/sqrt(asinh(z))-u-98.3543772716075*exp(y)^(v)-
atanh(q)/sqrt(q)-y-q-q-exp(abs(q))"
##   [9] "y^(x-y/2.16979381801793-sinh(v)+x/w/y/u*p)/exp(y)"
##  [10] "y/q-u"
##  [11] "u*exp(z)-z+exp(y)"
##  [12] "u+p"
##  [13] "z+z-z*w*exp(2.41571084397146)"
##  [14] "x/u-exp(w)"
##  [15] "z+u*x/asin(x)"
##  [16] "u-log(p)"
##  [17] "v"
##  [18] "z-x+1.9828120994498+u*q/u"
##  [19] "cos(x*sqrt(q))+exp(z)"
##  [20] "log(q*z/v+1294.53106690198-p/u^(v)^(v))"
##  [21] "z*w*sqrt(p)+v-q*x/exp(p)*w"
##  [22] "v"
##  [23] "p*z-
sqrt(exp(y*v+sqrt(sqrt(y*abs(z)))*y+w+cosh(1.41732286289334-p+u-
p)+p*y))^(v/tanh(y)*sqrt(u)-v-z-w+x)"
##  [24] "1.86170721313683+u*v-p*y-y"
##  [25] "v*y+tan(q)"
##  [26] "sin(y)"
##  [27] "z"
##  [28] "log(y)^(0.0349425449967384)*cosh(w)"
##  [29] "w+z"
##  [30] "sqrt(x+cosh(y)+q+p*14926824.8514272/exp(q-sqrt(q)-
v/v+log(1.50212439384777))/exp(z))"
##  [31] "q/w*u+u-w+q-sqrt(y)*acos(q/sinh(u))"
##  [32] "cos(x*w*u+652308.284537867)^(p)"
##  [33] "w-p+sqrt(abs(v))*x-y-exp(v)/p"
```

```
##  [34] "q-sqrt(q)"
##  [35] "v-z*cosh(p)-acos(x)"
##  [36] "sinh(y)+v"
##  [37] "sqrt(q)"
##  [38] "x+log(y)"
##  [39] "u"
##  [40] "u/u-104.482182813808/abs(x-w+v-sqrt(q))"
##  [41] "y-exp(u*q+q-p-v-asin(q))"
##  [42] "w-z/x*y+atan(sqrt(y))/log(w)^(w)/q+q"
##  [43] "sqrt(cosh(u-x/y-exp(z)))"
##  [44] "p"
##  [45] "x-y-sqrt(z)-atan(log(w)+w/8349412.43985668)"
##  [46] "u*exp(u-z-v*abs(p))"
##  [47] "v-p+1.93361547149252"
##  [48] "p+q"
##  [49] "y/v+log(u)"
##  [50] "x+8.57818119460717-sqrt(z)"
##  [51] "x*x-cos(x)"
##  [52] "z+atan(u)"
##  [53] "v/v+q*z+w+y/p+1.46019304501824-11.6554226796143*cosh(sqrt(p/x-
p+cosh(w)))"
##  [54] "sqrt(z)"
##  [55] "z+w+w-w"
##  [56] "u+p+y/x"
##  [57] "z+cos(p+77878.7357732654*sinh(z)-sinh(v))+atanh(u+v-
exp(12594.0873823129))"
##  [58] "sqrt(q)"
##  [59] "acos(z)"
##  [60] "w"
##  [61] "p*log(z)"
##  [62] "p*v+z*q/v/tanh(z+y+u-p/y)"
##  [63] "q/cos(q)+v-sin(x-atan(x))+cos(cosh(exp(y)))"
##  [64] "y-u+u*x*log(p+u*tan(sinh(p)/z*p)-w)"
##  [65] "p+exp(w)"
##  [66] "q-acos(v)"
##  [67] "q"
##  [68] "w+sqrt(x)"
##  [69] "v+w"
##  [70] "w*tan(q)"
##  [71] "x-cosh(z+tan(w))/sqrt(z)"
##  [72] "v-q/sinh(u)*w-sqrt(x)^(v)"
##  [73] "1.3008682862157/v/exp(u-p/x-tan(y))"
##  [74] "w/w+sqrt(2.25925432539079*x-p*log(x))-sqrt(q)-x-tanh(q)^(p-
2.3127512157429/y-atan(u))"
##  [75] "q"
##  [76] "sqrt(p+w-999213.432194665*w+z/x-y/1.32852541686734/y*q-u-
exp(3.13486336466158))"
##  [77] "exp(sqrt(p))/x+y+exp(1.98409532607766/sinh(z)*log(z))-
q*acos(y)"
##  [78] "0.628235456894617/z-q*asinh(u)-cosh(u)/z/y-log(log(u-w*p*u*x*z-
```

```
abs(q)))"
##  [79] "y*y-x"
##  [80] "w"
##  [81] "x+v"
##  [82] "x/y+1.63233152932953*tanh(u)"
##  [83] "q/z*p+v"
##  [84] "log(x+q)"
##  [85] "x"
##  [86] "u+acos(z)^(z)/q*x/w/13804364.2393313*z*v/tanh(cosh(q*q-
q*x)+q*q+cos(u))*sqrt(q-log(z))-w+log(v)-
q/tan(w)+z*y*y*14183.8945331983/x/exp(x)"
##  [87] "x"
##  [88] "exp(11154805.1750287)*x*q-sinh(y)/z-u-w/log(y)"
##  [89] "w+exp(y)*cos(y)"
##  [90] "u-x/v/q*w*log(x)"
##  [91] "1.03488615900278"
##  [92] "sqrt(z)+y-p+z*x-v/sqrt(y)^(z)"
##  [93] "p^(y)-x-q-w"
##  [94] "q*y+cosh(w)+x"
##  [95] "q+v-y"
##  [96] "x/x"
##  [97] "q+v/exp(z)"
##  [98] "x/2.87060482936213-x+v*cosh(x)"
##  [99] "x*atan(q+sqrt(z))/p"
## [100] "v*y*w*abs(w)^(0.0971202179091051-atanh(q))*p/5465.85498843342-
tanh(q)*u+u*x-q-137169725.052081"
```

Avaliação dos Cromossomos

Avalia quão bem estão cada cromossomo pelo seus respectivos valores de erro quadrático médio.

```
options(warn = -1)
training.model <- trainingData[,c("strength")]
erroQuadraticoMedio <- rep(Inf,cromo_quant)
for (k in 1:cromo_quant){
  training.data <- c()
  for (i in 1:length(training.model)){
    x <- trainingData[i,2]
    y <- trainingData[i,3]
    z <- trainingData[i,4]
    u <- trainingData[i,5]
    v <- trainingData[i,6]
    w <- trainingData[i,7]
    p <- trainingData[i,8]
    q <- trainingData[i,9]
    valor <- suppressWarnings(eval(parse(text=derivacao[k])))
    training.data <- c(training.data,valor)
  }
  erroQuadraticoMedio[k] <- mean((training.data - (training.model))^2)
```

```
}
options(warn = 0)
erroQuadraticoMedio
```

```
##   [1]          NaN          NaN          Inf   0.05154777   0.36266019
##   [6]   0.29813175   0.83324259          Inf          NaN 623.93697007
##  [11]   1.69902933   0.36500144   5.65134265          Inf          NaN
##  [16]          Inf   0.10277478          NaN   3.97007001          NaN
##  [21]   0.11765367   0.10277478          NaN   1.60354680   0.13635021
##  [26]   0.14383323   0.18190592          NaN   0.37455799          NaN
##  [31]          NaN   0.26940546          Inf   0.43500996   3.01277710
##  [36]   0.09182322   0.06490272          Inf   0.10605711          NaN
##  [41]   0.77641610          NaN          Inf   0.10827206   0.37231403
##  [46]   0.40556086   1.55139642   0.12650189          NaN  67.75983461
##  [51]   1.29956003   0.22137168          NaN   0.21289813   0.37455799
##  [56]          Inf          NaN   0.06490272   0.87816969   0.11911191
##  [61]          NaN          NaN   0.40938331          NaN   3.29452480
##  [66]   2.83271027   0.14935169   0.56393354   0.17395544   0.18240757
##  [71]          Inf          Inf          Inf          NaN   0.14935169
##  [76]          NaN          Inf          NaN   0.74977703   0.11911191
##  [81]   0.11138038          Inf          NaN   1.75402404   0.05154777
##  [86]          NaN   0.05154777          NaN   1.71985668          NaN
##  [91]   0.40833916          NaN   0.73216680   1.41108091   0.22183285
##  [96]          NaN   0.06416851   0.30952445          Inf          NaN
```

Cromossomo Vencedor da Primeira Geração

```
# Cromossomo vencedor:
vencedor <- which.min(erroQuadraticoMedio)
vencedor
```

```
## [1] 4
```

```
raizErroQuadraticoMedioMin <- sqrt(erroQuadraticoMedio[vencedor])
derivacao_vencedora <-derivacao[vencedor]
derivacao_vencedora
```

```
## [1] "x"
```

Torneio de Cromossomos

Do algoritmo genético, é feito o torneio de cromossomos, de modo a escolher o de melhor erro quadrático médio a cada disputa entre dois deles.

```
sorteados <- c()
invalidosNanInf <- which(erroQuadraticoMedio %in% c(NaN,Inf))
invalidosVazio <- which(derivacao %in% c(""))
invalidos <-
c(invalidosNanInf,invalidosVazio,which(duplicated(derivacao)))
validos <-c(1:length(derivacao))[which(!c(1:length(derivacao)) %in%
invalidos)]
```

```
first_sorteados <- length(validos)%/%first_sorteados_fraction
order_size <-
(order_size_fraction*length(validos))%/%first_sorteados_fraction
ordenados <- validos[order(erroQuadraticoMedio[validos])][1:order_size]
sorteados <-
validos[order(erroQuadraticoMedio[validos])][1:first_sorteados]

for (i in
(first_sorteados+1):(order_size*prop_filhos+first_sorteados+1)){
  sorteio <- rep(NA,cromo_quant)
  pos <- sample(ordenados,2) # sorteio dois crommossomos
  sorteio[pos] <- pos
  sorteados <- c(sorteados,which.min(erroQuadraticoMedio[sorteio]))
}

for (i in (order_size*prop_filhos+first_sorteados+2):cromo_quant){
  sorteio <- rep(NA,cromo_quant)
  pos <- sample(validos,2) # sorteio dois crommossomos
  sorteio[pos] <- pos
  sorteados <- c(sorteados,which.min(erroQuadraticoMedio[sorteio]))
}

C <- C[sorteados,]
endCromo <- endCromo[sorteados]

sorteados
```

```
##   [1]  4 97 37 36 17 36 97 25 37  4 36 67 36  4 97 37 44 44  4 44 17
26 97 60 17
##  [26] 37 25 44 21 97 37 97 60 37 26 81 67 63 59 81 98 27 60 25 44 36
65 70 44 32
##  [51] 81 21 54 69  7 26 24 27  6 79 36 79 50 69 46 79 60 54 81 81 12
27 41  5 51
##  [76] 44 68 25 12 37 21 59 68 50 32 93 91 60 60 36 95 55 91 27 67 27
81 32 39 60
```

Cruzamento de Cromossomos

COnforme o algoritmo genético, os cromossomos que vencedores de cada disputa são cruzados em pares.

```
i <- (first_sorteados+1)
while (i < length(sorteados)){
  # avalia a possibilidade de cruzamento de cada par
  vai.cruzar <- runif(1)
  if (vai.cruzar<=p.cruzamento){ # realiza cruzamento
    pto.cruza <- endCromo[i]
    if(pto.cruza > endCromo[i+1])
    {
      pto.cruza <- endCromo[i+1]
```

```
    }
    pto.cruza <- sample(pto.cruza-1,1)
    index_pai <- i
    index_mae <- i+1
    tmp <- C[index_pai,(pto.cruza+1):cromo_size]
    C[index_pai,(pto.cruza+1):cromo_size] <-
C[index_mae,(pto.cruza+1):cromo_size]
    C[index_mae,(pto.cruza+1):cromo_size] <- tmp
  }
  i <- i+2 # pula o proximo cromossomo (estamos olhando os pares)
}
```

Mutação

Aqui, verifica-se a possibilidade de mutação de qualquer gene de qualquer cromossomo.

```
vai.mutar <- matrix(runif(cromo_quant*cromo_size),cromo_quant,cromo_size)
divisa_prob <- cromo_quant%/%first_sorteados_fraction
for (i in (first_sorteados+1):cromo_quant){
  linhaMutar <- vai.mutar[i,]
  prob<-p.mutacao[i%/%divisa_prob+1]
  if(prob*endCromo[i]<0.3)
  {
    prob <- 0.3/endCromo[i]
  }
  id <- which(linhaMutar < prob)
  for (j in 1:length(id)){
    coluna <- id[j]
    C[i,coluna] <- sample(max_gene,1)
  }
}
```

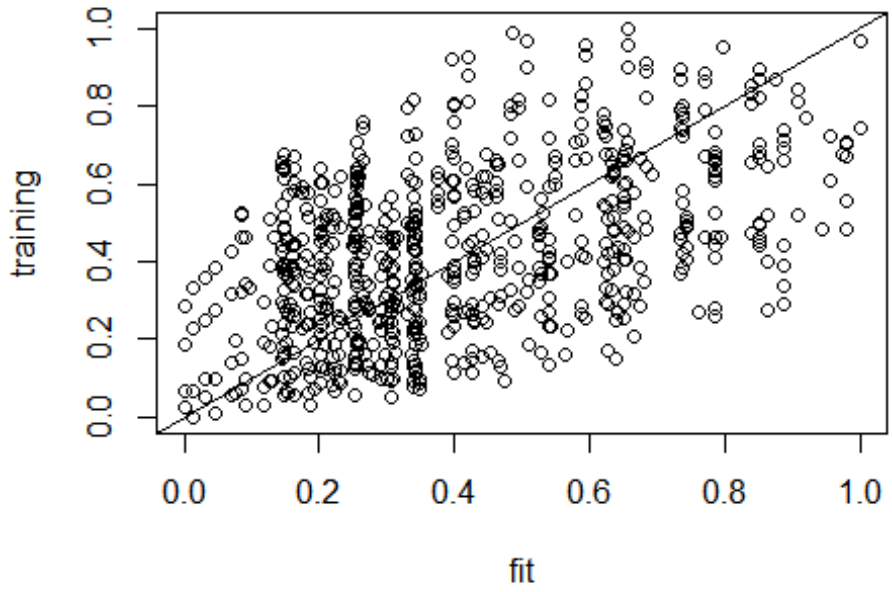
Comparando com o Próprio training.csv (fit)

Aqui vamos comparar o quão bem nosso cromossomo vencedor se adequa ao dataset de treinamento.

```
fit.data <- c()
for (i in 1:dim(trainingData)[1]){
  x <- trainingData[i,2]
  y <- trainingData[i,3]
  z <- trainingData[i,4]
  u <- trainingData[i,5]
  v <- trainingData[i,6]
  w <- trainingData[i,7]
  p <- trainingData[i,8]
  q <- trainingData[i,9]
  fit.data <- c(fit.data,eval(parse(text=derivacao_vencedora)))
}
```

Graficamente, os dados calculados pelo cromossomo vencedor devem estar próximos da reta, como visto a seguir:

```
plot(fit.data,training.model,
     xlab="fit",ylab="training")
abline(a=0,b=1)
```



Após N Gerações

Vamos repetir o processo acima para mais N gerações.

```
ngeracoes <- 0 # Contador de Gerações do 0
N <- 5 # número de gerações
ngeracoes <- ngeracoes + N
for (g in 1:N){
  ## Gerando Derivação
  if(g%%5 == 0){
    cat("Geração: ", g,"\n")
  }
  S <- "<exp>"
  derivacao <- rep(S,cromo_quant) # símbolo inicial
  endCromo <- array(0,cromo_quant)
  for (i in 1:cromo_quant) {
    S <- "<exp>"
    j <- 0
    count <- 0
    while (S!="<NA>"){
```

```
      count <- count + 1
      # evitar loop infinito, para cromossomos mal escolhidos:
      if (count > cromo_size){
        tmp <- stringr::str_match(derivacao[i], ".*?<")
        tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
        if (is.na(tmp)){
          last.char <-
substr(tmp,nchar(derivacao[i]),nchar(derivacao[i]))
          if (!last.char%in%var){
            tmp <- substr(derivacao[i],1,nchar(derivacao[i])-1)
          }
        } else {
          last.char <- substr(tmp,nchar(tmp),nchar(tmp))
          if (!last.char%in%var){
            # se terminar em operador
            if (last.char%in%op){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
            } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-1,nchar(tmp))=="^("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-2)
            } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="asinh("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
            }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="acosh("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
            }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="atanh("){
               tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
            } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-1,nchar(tmp))=="h("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
            } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="sqrt("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
            } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="asin("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
            }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="acos("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
            }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="atan("){
               tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
            } else if (last.char=="("){
              tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-4)
            }
          }
          last.char <- substr(tmp,nchar(tmp),nchar(tmp))
          # se terminar em operador
          if (last.char%in%op){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
          }
          endCromo[i] <- -1
        }
        # colocar parênteses restantes
        abrindo <- stringr::str_count(tmp,"\\(")
        fechando <- stringr::str_count(tmp,"\\)")
        add <- strrep(")",abrindo-fechando)
```

```
        tmp <- paste(tmp,add,sep = "")

        derivacao[i] <- tmp
        S <- "<NA>"
      }
      j <- j%%cromo_size + 1
      if (S=="<exp>"){
        rule <- P[[1]][1+C[i,j]%%length(P[[1]])] # determina a regra a
ser aplicada
        derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao
por substituição
        S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o
primeiro <..>
        S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo símbolo
      } else if (S=="<op>"){
        rule <- P[[2]][1+C[i,j]%%length(P[[2]])] # determina a regra a
ser aplicada
        derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao
por substituição
        S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o
primeiro <..>
        S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo símbolo
      } else if (S=="<var>"){
        rule <- P[[3]][1+C[i,j]%%length(P[[3]])] # determina a regra a
ser aplicada
        derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao
por substituição
        S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o
primeiro <..>
        S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo símbolo
      }
    }
    endCromo[i] <- endCromo[i] + count
  }


  ## Avaliação dos Cromossomos

  training.model <- trainingData[,c("strength")]
  erroQuadraticoMedio <- rep(0,cromo_quant)
  for (k in 1:cromo_quant){
    training.data <- c()
    for (i in 1:length(training.model)){
      x <- trainingData[i,2]
      y <- trainingData[i,3]
      z <- trainingData[i,4]
      u <- trainingData[i,5]
      v <- trainingData[i,6]
      w <- trainingData[i,7]
      p <- trainingData[i,8]
```

```
      q <- trainingData[i,9]
      valor <- suppressWarnings(eval(parse(text=derivacao[k])))
      training.data <- c(training.data,valor)
    }
    erroQuadraticoMedio[k] <- mean((training.data - (training.model))^2)
  }

  ## Torneio de Cromossomos

  sorteados <- c()
  invalidosNanInf <- which(erroQuadraticoMedio %in% c(NaN,Inf))
  invalidosVazio <- which(derivacao %in% c(""))
  invalidos <-
c(invalidosNanInf,invalidosVazio,which(duplicated(derivacao)))
  validos <-c(1:length(derivacao))[which(!c(1:length(derivacao)) %in%
invalidos)]

  first_sorteados <- length(validos)%/%first_sorteados_fraction
  order_size <-
(order_size_fraction*length(validos))%/%first_sorteados_fraction
  ordenados <- validos[order(erroQuadraticoMedio[validos])][1:order_size]
  sorteados <-
validos[order(erroQuadraticoMedio[validos])][1:first_sorteados]

  if(length(sorteados)>0)
  {

if(sqrt(erroQuadraticoMedio[sorteados[1]])<raizErroQuadraticoMedioMin)
    {
      raizErroQuadraticoMedioMin<-sqrt(erroQuadraticoMedio[sorteados[1]])
      cromossomo_vencedor <- C[sorteados[1],]
      derivacao_vencedora <- derivacao[sorteados[1]]
      cat("Achou pto de mínimo: ",raizErroQuadraticoMedioMin," com
derivação: ",derivacao_vencedora,"\n")
    }
  }


  for (i in
(first_sorteados+1):(order_size*prop_filhos+first_sorteados+1)){
    sorteio <- rep(NA,cromo_quant)
    pos <- sample(ordenados,2) # sorteio dois crommossomos
    sorteio[pos] <- pos
    sorteados <- c(sorteados,which.min(erroQuadraticoMedio[sorteio]))
  }

  for (i in (order_size*prop_filhos+first_sorteados+2):cromo_quant){
    sorteio <- rep(NA,cromo_quant)
    pos <- sample(validos,2) # sorteio dois crommossomos
```

```
    sorteio[pos] <- pos
    sorteados <- c(sorteados,which.min(erroQuadraticoMedio[sorteio]))
  }
  C <- C[sorteados,]

  ## Cruzamento de Cromossomos

  i <- (first_sorteados+1)
  while (i < length(sorteados)){
    # avalia a possibilidade de cruzamento de cada par
    vai.cruzar <- runif(1)
    if (vai.cruzar<=p.cruzamento){ # realiza cruzamento
      pto.cruza <- endCromo[i]
      if(pto.cruza > endCromo[i+1])
      {
        pto.cruza <- endCromo[i+1]
      }
      pto.cruza <- sample(pto.cruza-1,1)
      index_pai <- i
      index_mae <- i+1
      tmp <- C[index_pai,(pto.cruza+1):cromo_size]
      C[index_pai,(pto.cruza+1):cromo_size] <-
C[index_mae,(pto.cruza+1):cromo_size]
      C[index_mae,(pto.cruza+1):cromo_size] <- tmp
    }
    i <- i+2 # pula o próximo cromossomo (estamos olhando os pares)
  }

  ## Mutação

  vai.mutar <-
matrix(runif(cromo_quant*cromo_size),cromo_quant,cromo_size)
  divisa_prob <- cromo_quant%/%first_sorteados_fraction
  for (i in (first_sorteados+1):cromo_quant){
    linhaMutar <- vai.mutar[i,]
    prob<-p.mutacao[i%/%divisa_prob+1]
    if(prob*endCromo[i]<0.3)
    {
      prob <- 0.3/endCromo[i]
    }
    id <- which(linhaMutar < prob)
    for (j in 1:length(id)){
      coluna <- id[j]
      C[i,coluna] <- sample(max_gene,1)
    }
  }

}
```

```
## Achou pto de mínimo:  0.2207719  com derivação:  q+v*exp(u)
## Geração:  5
## Achou pto de mínimo:  0.2159772  com derivação:  sin(x)

## Encontra as Últimas Derivações

## Gerando Derivação
S <- "<exp>"
derivacao <- rep(S,cromo_quant) # símbolo inicial
endCromo <- array(0,cromo_quant)
for (i in 1:cromo_quant) {
  S <- "<exp>"
  j <- 0
  count <- 0
  while (S!="<NA>"){
    count <- count + 1
    # evitar loop infinito, para cromossomos mal escolhidos:
    if (count > cromo_size){
      tmp <- stringr::str_match(derivacao[i], ".*?<")
      tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
      if (is.na(tmp)){
        last.char <- substr(tmp,nchar(derivacao[i]),nchar(derivacao[i]))
        if (!last.char%in%var){
          tmp <- substr(derivacao[i],1,nchar(derivacao[i])-1)
        }
      } else {
        last.char <- substr(tmp,nchar(tmp),nchar(tmp))
        if (!last.char%in%var){
          # se terminar em operador
          if (last.char%in%op){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-1,nchar(tmp))=="^("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-2)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="asinh("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="acosh("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-5,nchar(tmp))=="atanh("){
             tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-6)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-1,nchar(tmp))=="h("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="sqrt("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          } else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="asin("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="acos("){
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          }  else if (substr(tmp,nchar(tmp)-4,nchar(tmp))=="atan("){
             tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-5)
          } else if (last.char=="("){
```

```
            tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-4)
          }
        }
        last.char <- substr(tmp,nchar(tmp),nchar(tmp))
        # se terminar em operador
        if (last.char%in%op){
          tmp <- substr(tmp,1,nchar(tmp)-1)
        }
        endCromo[i] <- -1
      }
      # colocar parênteses restantes
      abrindo <- stringr::str_count(tmp,"\\(")
      fechando <- stringr::str_count(tmp,"\\)")
      add <- strrep(")",abrindo-fechando)
      tmp <- paste(tmp,add,sep = "")

      derivacao[i] <- tmp
      S <- "<NA>"
    }
    j <- j%%cromo_size + 1
    if (S=="<exp>"){
      rule <- P[[1]][1+C[i,j]%%length(P[[1]])] # determina a regra a ser
aplicada
      derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao por
substituição
      S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o primeiro
<..>
      S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo símbolo
    } else if (S=="<op>"){
      rule <- P[[2]][1+C[i,j]%%length(P[[2]])] # determina a regra a ser
aplicada
      derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao por
substituição
      S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o primeiro
<..>
      S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo símbolo
    } else if (S=="<var>"){
      rule <- P[[3]][1+C[i,j]%%length(P[[3]])] # determina a regra a ser
aplicada
      derivacao[i] <- sub(S, rule, derivacao[i]) # atualiza derivacao por
substituição
      S <- stringr::str_match(derivacao[i], "<(.*?)>") # acha o primeiro
<..>
      S <- paste("<",S[,2],">",sep = "") # novo símbolo
    }
  }
  endCromo[i] <- endCromo[i] + count
}
```

Escolha do Cromossomo Vencedor

Escolhemos o melhor cromossomo, i.e., o de menor erro quadrático médio.

```
training.model <- trainingData[,c("strength")]
erroQuadraticoMedio <- rep(0,cromo_quant)
for (k in 1:cromo_quant){
  training.data <- c()
  for (i in 1:length(training.model)){
    x <- trainingData[i,2]
    y <- trainingData[i,3]
    z <- trainingData[i,4]
    u <- trainingData[i,5]
    v <- trainingData[i,6]
    w <- trainingData[i,7]
    p <- trainingData[i,8]
    q <- trainingData[i,9]
    valor <- suppressWarnings(eval(parse(text=derivacao[k])))
    training.data <- c(training.data,valor)
  }
  erroQuadraticoMedio[k] <- mean((training.data - (training.model))^2)
}

# Cromossomo vencedor:
vencedor <- which.min(erroQuadraticoMedio)
erroQuadraticoMedio
```

```
##   [1] 4.664615e-02 4.874021e-02 5.154777e-02 5.184144e-02 5.211251e-02
##   [6] 5.184144e-02 2.631337e-01 6.490272e-02 5.184144e-02 4.664615e-02
##  [11] 6.851778e+01 2.352580e+00 1.154915e-01 1.464036e-01 1.371803e+00
##  [16] 7.520026e-02 5.184144e-02 1.032677e-01 7.520026e-02 5.154777e-02
##  [21] 4.664615e-02          NaN 1.493517e-01 6.914655e-02 7.974003e-02
##  [26] 5.184144e-02 5.184144e-02 6.490272e-02 5.184144e-02 1.504166e-01
##  [31] 7.520026e-02 5.154777e-02 4.874021e-02 4.664615e-02 6.490272e-02
##  [36] 4.874021e-02 1.880879e-01 5.211251e-02          Inf 1.116635e-01
##  [41] 3.647248e-01 5.211251e-02 6.490272e-02 4.664615e-02          NaN
##  [46] 7.520026e-02 1.870698e+00 5.211251e-02 3.012557e-01 4.747224e-02
##  [51] 7.520026e-02 9.954620e+15 1.780074e-01          NaN 1.274813e+01
##  [56] 4.575196e+00 7.974003e-02 1.341232e-01 1.027748e-01 1.455511e-01
##  [61] 3.647248e-01 1.026730e-01 1.343123e-01 1.974899e+00          NaN
##  [66] 5.001060e-01 1.493517e-01 5.154777e-02          NaN          NaN
##  [71]          NaN 5.154777e-02 5.154777e-02 7.520026e-02 1.680780e-01
##  [76] 2.467269e-01 1.470602e-01 1.265019e-01          Inf 1.250311e-01
##  [81]          Inf 3.020551e-01 1.493517e-01 9.881691e-01 1.739554e-01
##  [86] 9.355575e-02          Inf          NaN          NaN          NaN
##  [91]          NaN          Inf 1.060571e-01 4.315055e+01 5.154777e-02
##  [96]          NaN 2.106236e-01 1.536217e-01 1.546272e-01 1.624715e-01
```

```
vencedor
```

```
## [1] 1
```

```
derivacao_vencedora <- derivacao[vencedor]
sqrt(erroQuadraticoMedio[vencedor])

## [1] 0.2159772

derivacao_vencedora

## [1] "sin(x)"
```

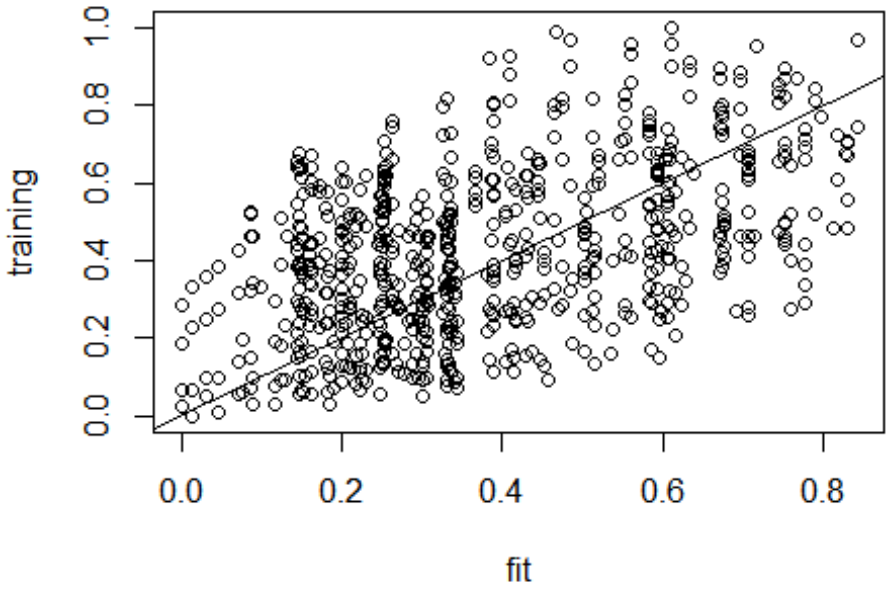
Comparando com o Próprio training.csv (fit)

Novamente, aqui vamos comparar o quão bem nosso cromossomo vencedor se adequa ao dataset de treinamento.

```
fit.data <- c()
for (i in 1:dim(trainingData)[1]){
  x <- trainingData[i,2]
  y <- trainingData[i,3]
  z <- trainingData[i,4]
  u <- trainingData[i,5]
  v <- trainingData[i,6]
  w <- trainingData[i,7]
  p <- trainingData[i,8]
  q <- trainingData[i,9]
  fit.data <- c(fit.data,eval(parse(text=derivacao_vencedora)))
}
```

Graficamente, os dados calculados pelo cromossomo vencedor devem estar próximos da reta, como visto a seguir:

```
 plot(fit.data,training.model,
      xlab="fit",ylab="training")
 abline(a=0,b=1)
```



Carregamento dos Dados de Teste

```
testingData <- read.csv(file="testing.csv", header=TRUE, sep=",")
```

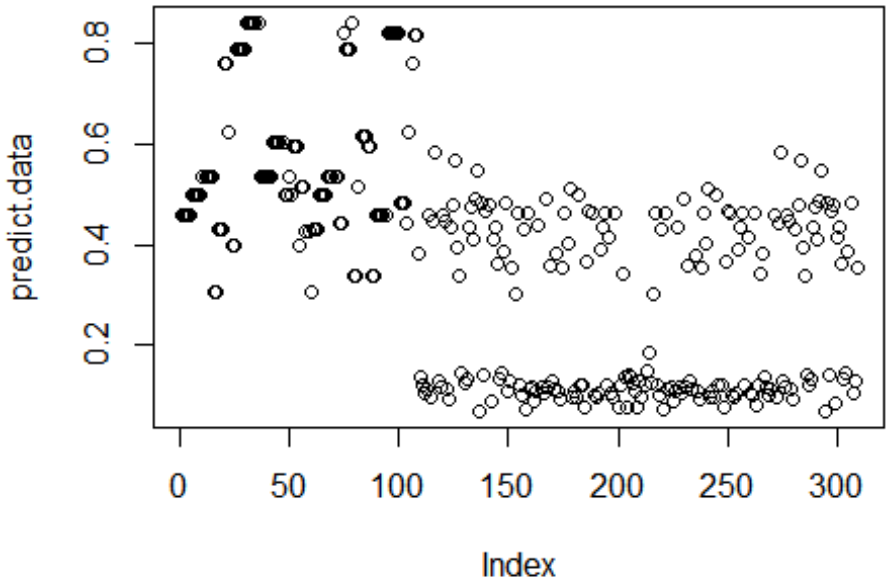
Predição de Dados

Vamos aplicar o cromossomo vencedor para predizer o dado de saída a partir de entradas advindas de testing.csv.

```
predict.data <- c()
for (i in 1:dim(testingData)[1]){
  x <- testingData[i,2]
  y <- testingData[i,3]
  z <- testingData[i,4]
  u <- testingData[i,5]
  v <- testingData[i,6]
  w <- testingData[i,7]
  p <- testingData[i,8]
  q <- testingData[i,9]
  predict.data <- c(predict.data,eval(parse(text=derivacao_vencedora)))
}
```

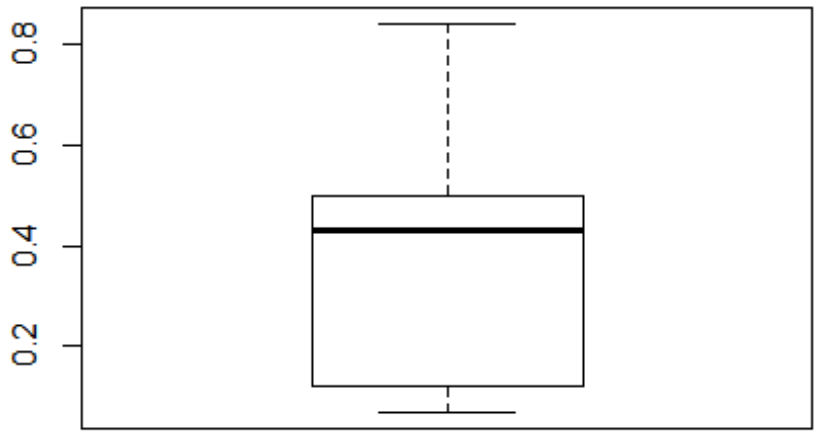
Graficamente, os dados preditos são observados a seguir:

```
#plot
plot(predict.data)
```



Análise boxplot, para visualizar se há outliers.

```
# boxplot
boxplot(predict.data)
```



Construindo predicted.csv

Construção do arquivo csv a ser submetido para averiguação na plataforma Kaggle.

```
ID <- testingData[c("ID")]
result <- data.frame(ID,predict.data)
colnames(result) <- c('ID', 'strength')
write.table(result,file="predicted.csv",col.names = c('ID','strength'),
row.names = FALSE,sep = ",", quote = FALSE)
result.data <- read.csv(file="predicted.csv", header=TRUE, sep=",")
```