

CENTRO FEDERAL DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA DE MINAS GERAIS
Engenharia de Computação

Jéssica Mendes Antunes Luz

BORA BORA - AGRUPAMENTO EM ILHAS PARA ALGORITMOS GENÉTICOS

Timóteo
2014

Jéssica Mendes Antunes Luz

BORA BORA - AGRUPAMENTO EM ILHAS PARA ALGORITMOS GENÉTICOS

Monografia apresentada ao curso de Engenharia de Computação do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais Campus Timóteo, como requisito parcial de obtenção do título de Bacharel em Engenharia de Computação.

Orientador: Douglas Nunes de Oliveira

Timóteo

2014

Jéssica Mendes Antunes Luz

BORA BORA - AGRUPAMENTO EM ILHAS PARA ALGORITMOS GENÉTICOS

Monografia apresentada ao curso de Engenharia de Computação do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais Campus Timóteo, como requisito parcial de obtenção do título de Bacharel em Engenharia de Computação.

Orientador: Douglas Nunes de Oliveira

Professor Orientador

Professor Avaliador 1

Professor Avaliador 2

Timóteo, 04 de Setembro de 2014.

Minha família e amigos, pelo incentivo e apoio nessa etapa da minha vida.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço ao meu orientador Douglas Nunes que sempre esteve presente quando precisei de ajuda e conselhos.

A amigos e inclusive pessoas que me conheciam pouco, mas que nunca deixaram de acreditar na minha capacidade até quando eu mesma não acreditava.

Aos meus pais que fizeram de tudo para que minha chegada até aqui fosse o mais tranquila possível.

A minha família pelo incentivo e colaboração.

E um grande obrigada aos meus professores e colegas que estiveram comigo nesta jornada, auxiliando nos trabalhos, nas dificuldade e pelas palavras amigas em momentos conturbados, sem eles tudo teria sido mais difícil.

“The real danger is not that computers will begin to think like men, but that men will begin to think like computers.” Sydney J. Harris.

RESUMO

No dia a dia é facilmente possível se deparar com algum problema de otimização e busca, seja ele para escolher a melhor rota ao sair de casa e chegar ao trabalho, a melhor rota para entrega de encomendas diminuindo custo e tempo ou até mesmo a melhor maneira de se investir na bolsa de valores. Ao longo do tempo surgiram diversas técnicas computacionais ou algoritmos para resolver estes problemas de otimização e busca. Dentre eles é possível citar: busca sem informação (busca em largura e em profundidade), busca com informação (busca gulosa e algoritmo A*) e meta-heurísticas (algoritmos genéticos). Este trabalho utilizará a técnica de Algoritmos Genéticos (AG), baseados na evolução e seleção natural animal que se conhece, juntamente com outras técnicas, com o objetivo de resolver um dos problemas enfrentados nos AG's: a velocidade com que o algoritmo converge. Por convergir rapidamente o AG muitas das vezes encontra uma solução local, sendo assim uma solução global é descartada. Isso acontece devido ao fato de existir super indivíduos que dominam a população, persistindo de geração em geração. O modelo proposto visando resolver este problema irá aumentar o campo de busca a fim de impedir que super indivíduos dominem a população, dando oportunidade a outros indivíduos originalmente considerados possuidores de genes ruins. Com isso acontecerá um retardo na convergência do algoritmo, buscando então o ótimo global.

Palavras-chave: Algoritmos genéticos. Convergência prematura. Otimização e busca.

ABSTRACT

On a daily basis it is easily possible to come across a problem of search and optimization, whether to choose the best route to go out and get to work, the best route for orders delivery decreasing cost and time or even the best way to invest in the stock market. Over time various computational techniques or algorithms to solve these optimization problems and search emerged. Among them we can mention: Not specified search (search in width and depth), specified search (greedy search algorithm and A*) and meta-heuristics (genetic algorithms). This work uses the technique of Genetic Algorithms (GA), based on evolution and natural selection that is known, with the goal of solving one of the problems faced in the GA's: the speed at which the algorithm converges. By quickly converge the GA finds a local solution, and a global solution is discarded. This happens due to the fact that there are super individuals who dominate the population, persisting from generation to generation. The proposed model, aimed at solving this problem, will increase the search field, prevent that super individuals dominate the population, and give opportunity to other individuals originally considered to have bad genes, with that a delay in the convergence of the algorithm will happen, then searching for the global optimum.

Keywords: Genetic algorithms. Premature convergence. Search and optimization.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação de um indivíduo	27
Figura 2 - Um ponto de corte.....	29
Figura 3 - Dois pontos de corte	29
Figura 4 - Ponto de corte Uniforme.....	30
Figura 5 - Mutação	30
Figura 6 - Comunicação entre processos no modelo de ilhas para 3 processadores	32
Figura 7 - Representação do funcionamento do algoritmo <i>Kmeans</i> para $k=3$	34
Figura 8 – Uma solução para 8 rainhas	35
Figura 9 - Primeira versão da Antena.....	37
Figura 10- Versão com as originais especificações da missão.....	37
Figura 11 - Indivíduo N Rainhas	41
Figura 12 - Solução ótima para um tabuleiro 10x10	41
Figura 13 - Solução não satisfatória, contendo uma colisão	42
Figura 14 - Modelos	42
Figura 15 - Porcentagem média de acertos para $n = 10$	47
Figura 16 - Porcentagem média de acertos para $n = 12$	48
Figura 17 - Porcentagem média de acertos para $n = 14$	48
Figura 18- Porcentagem média de Acertos para $n = 16$	49

LISTA DE ABREVIATURAS

AG - Algoritmos Genéticos

ST5 – Space Technology 5

NASA - National Aeronautics and Space Administration

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	24
1.1. Motivação	25
1.2. Objetivo	25
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	27
2.1. Fundamentos Teóricos	27
2.1.1. Algoritmos Genéticos	27
2.1.1.1. Inicialização	28
2.1.1.2. Avaliação.....	28
2.1.1.3. Seleção de pais	28
2.1.1.4. Recombinação (cruzamento ou crossover)	28
2.1.1.4.1. Um ponto.....	28
2.1.1.4.2. Dois pontos.....	29
2.1.1.4.3. Uniforme	29
2.1.1.5. Mutação.....	30
2.1.1.6. Substituição	31
2.1.1.6.1. Elitismo	31
2.1.1.6.2. Seleção natural	31
2.1.1.7. Determinação da convergência.	31
2.1.2. Modelo de Ilhas convencional.....	32
2.1.3. Agrupamento (Clustering)	33
2.1.4. Problema das N rainhas.....	34
2.2. Estado da arte.....	35
2.2.1. Histórico	35
2.2.2. Aplicações em algoritmos genéticos.....	36
3. MATERIAIS E MÉTODO.....	39
4. RESULTADOS	41
4.1. Representação do problema das n rainhas	41
4.2. Implementação dos modelos.....	42
4.2.1. AG convencional	43
4.2.2. AG Modelo de Ilhas convencional.....	44
4.2.3. Bora Bora - Agrupamento em ilhas para Algoritmos Genéticos.....	44
4.3. Experimento.....	46
5. CONCLUSÃO E TRABALHOS FUTUROS.....	50
6. REFERÊNCIAS	51

1. INTRODUÇÃO

No dia a dia é facilmente possível deparar com algum problema de otimização e busca, seja para escolher a melhor rota ao sair de casa e chegar ao trabalho, ou para encontrar a melhor forma de se investir na bolsa de valores, ou ainda para encontrar a melhor combinação e sequenciamento de atividades necessárias para se colocar um ônibus espacial de volta em órbita.

Neste cenário e ao longo do tempo surgiram diversas técnicas computacionais ou algoritmos para resolver problemas de otimização e busca. Dentre estes algoritmos é possível citar: busca sem informação (busca em largura e em profundidade), busca com informação (busca gulosa e algoritmo A*) e Meta-Heurística (Simulated Annealing, Algoritmos Genéticos, Busca Tabu e Colônia de formigas) (NORVIG, 2004).

O aperfeiçoamento nos algoritmos Meta-Heurísticos possuem uma grande relevância, por tentarem resolver problemas complexos e melhorar ou otimizar tarefas incumbidas ao homem. Estes algoritmos chamados de Meta-Heurísticos possuem um caráter de uso mais geral, tentam fugir dos ótimos locais e geralmente não são determinísticos.

Este trabalho irá focar em Algoritmo Genético (AG), que principalmente se difere das demais técnicas existentes, por ser baseado na evolução e seleção natural que se conhece (HOLLAND, 1975).

O comportamento do AG se dá por: um conjunto de soluções candidatas (indivíduos) é gerado de forma aleatória, este conjunto é chamado de geração inicial; operações como mutação e recombinação são executadas nesta geração inicial obtendo-se novas soluções candidatas; executa-se uma função de avaliação para cada indivíduo, esta função de avaliação é definida para cada problema em questão. Por fim ocorre a etapa de substituição que irá definir a próxima geração, possuindo a mesma quantidade de indivíduos da geração anterior (DIOGO C, 2002).

Um problema que é habitualmente enfrentado nas execuções de AG's é a velocidade com que o algoritmo converge. Muitas vezes a convergência genética prematura, ou seja, encontrar a solução rapidamente, acontece devido ao fato de existir super indivíduos que dominam a população. Pretende-se neste trabalho propor uma solução utilizando AG, Modelo de Ilhas e agrupamento de forma que

esses indivíduos superiores não cheguem a dominar totalmente a evolução da população, possibilitando que o AG encontre um ótimo global e não um ótimo local. Até então, não existe na literatura uma proposta de combinação desses três tipos de algoritmos com o objetivo de solucionar o problema aqui descrito.

Para facilitar a leitura deste documento, uma breve descrição do conteúdo de cada seção. Na seção 2 encontra-se a revisão bibliográfica do projeto, com a fundamentação teórica no subseção 2.1, estado da arte em 2.2 e na subseção 2.3 o problema das N rainhas que será usado para realização de testes no presente trabalho. Na seção 3 estão descritos os materiais e método utilizado para o desenvolvimento do trabalho, os resultados se encontram na seção 4, e por fim na seção 5, conclusão e trabalhos futuros.

1.1. Motivação

Por se tratar de um algoritmo bem explorado pela comunidade científica, a literatura apresenta um modelo, chamado “Modelo de Ilhas”, para ajudar o algoritmo genético a fugir desta convergência prematura aos ótimos locais. Simplificando este modelo, pode ser dito que se trata de dois ou mais AG's rodando em paralelo o mesmo problema, existindo assim uma taxa de intercâmbio de indivíduos entre estas "ilhas" formados por estes AG's (MOREIRA SILVA, 2005). Este modelo, chamado deste ponto em diante de Modelo de Ilhas convencional, será visto um pouco mais detalhado na seção 3.2.

A busca constante pelo aperfeiçoamento dos métodos computacionais existentes gera motivação para propor um novo modelo de ilhas em algoritmos genéticos afim de obter resultados superiores ao Modelo de Ilha convencional e AG convencional.

1.2. Objetivo

Mencionada anteriormente, a técnica existente na literatura para contornar a convergência prematura é o Modelo de Ilhas convencional. Comparando com o mundo real, pense que as ilhas são países, onde frequentemente há migração de indivíduos, esses por sua vez, compartilham genes entre si criando novos indivíduos, gerando uma população com maior diversidade genética. A população inicial é dividida em subpopulações (ilhas), onde cada uma segue a mesma

sequência do AG convencional com a introdução do operador de migração, que é responsável pelo compartilhamento dos melhores indivíduos entre as ilhas.

O objetivo deste trabalho é criar um novo modelo de ilhas usando o algoritmo de Agrupamento (Clustering) para evitar a convergência genética prematura atingindo assim melhores resultados, ou seja, buscar ótimos globais, e realizar a comparação de eficiência entre a solução aqui proposta, o modelo de ilhas convencional e o AG convencional.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Essa seção contém a revisão bibliográfica do projeto, onde na seção 2.1 e 2.2 encontra-se respectivamente os fundamentos teóricos e o estado da arte em algoritmos genéticos.

2.1. Fundamentos Teóricos

Neste tópico serão tratados todos os conceitos relacionados ao trabalho proposto.

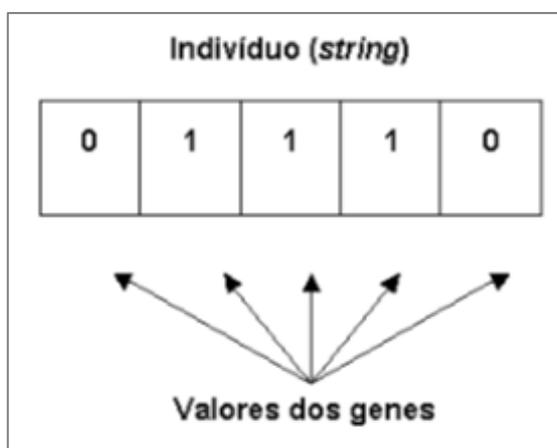
2.1.1. Algoritmos Genéticos

“As espécies evoluem pelo princípio da seleção natural e sobrevivência do mais apto” (Charles Darwin 1859).

No ramo da computação existem diversas técnicas que almejam solucionar problemas de otimização e busca. O Algoritmo genético é uma poderosa ferramenta para esses tipos de problemas, principalmente quando possui-se uma vasta quantidade de dados a serem tratados e elevado grau de complexidade (LINDEN, 2008).

Antes da inicialização do algoritmo genético é necessário estabelecer como as informações serão representadas afim de poderem ser tratadas computacionalmente (LINDEN, 2008). Uma vez que têm-se a representação dos indivíduos também denominados cromossomos, pode-se então seguir as etapas do AG detalhadas nas próximas sessões. Na Figura 1 tem-se a representação de um indivíduo. O valor dos genes dependerá do tipo de problema a ser resolvido.

Figura 1 - Representação de um indivíduo



Fonte: CARMO (2004)

A seguir são descritos os passos de um dos possíveis caminhos que um algoritmo genético pode seguir.

2.1.1.1. Inicialização

Escolhe-se uma população inicial, de tamanho fixo, normalmente essa escolha é feita de forma aleatória, percorrendo assim um maior espaço de busca e dando oportunidade a todos os indivíduos (LINDEN, 2008).

2.1.1.2. Avaliação

O algoritmo genético pode vir a ser bastante genérico. Distintos problemas usam a mesma estrutura do algoritmo, mas a função de avaliação (função *fitness*), é única para cada um, nela deve haver todo conhecimento que têm-se do problema, suas restrições e objetivos. É com a função de avaliação, representada numericamente, que se determina se um determinado indivíduo serve como solução do problema ou não (LINDEN, 2008).

2.1.1.3. Seleção de pais

No mundo real, pais mais aptos geram mais descendentes, entretanto os menos aptos também geram filhos porém com uma frequência menor ou indivíduos mais fracos, com doenças genéticas por exemplo. Pela função de avaliação os indivíduos mais aptos seriam os classificados a fazerem as reproduções, porém não deve-se descartar totalmente os que possuem uma baixa avaliação, afinal esses indivíduos podem possuir características, não presentes em super indivíduos, que venha a criar um descendente que seja a melhor solução para o problema (LINDEN, 2008).

Ao deixar somente super indivíduos se reproduzirem, as próximas gerações ficarão cada vez mais semelhantes, causando assim uma convergência genética prematura, deixando assim de explorar o espaço de busca e possíveis indivíduos que representam uma melhor solução (LINDEN, 2008).

2.1.1.4. Recombinação (cruzamento ou crossover)

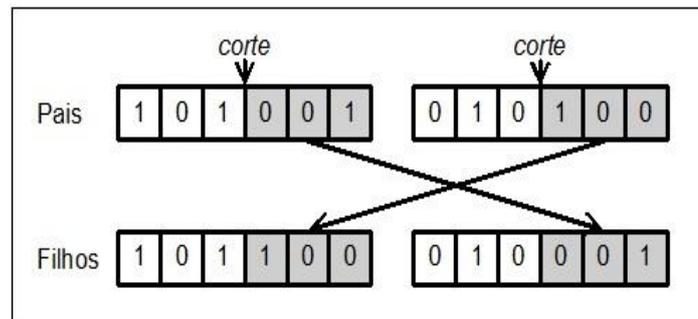
Na literatura encontra-se três formas básicas de recombinação: um ponto, dois pontos e uniforme (BARBOZA 2012).

2.1.1.4.1. Um ponto

Com os pais já selecionados na etapa de seleção, escolhe-se um ponto de corte, uma posição aleatória entre dois genes de um indivíduo (cromossomo).

Após o corte os filhos são então gerados a partir de cada parte de um pai. As partes não necessitam possuir o mesmo tamanho. Na figura 2 um exemplo de crossover de um ponto.

Figura 2 - Um ponto de corte

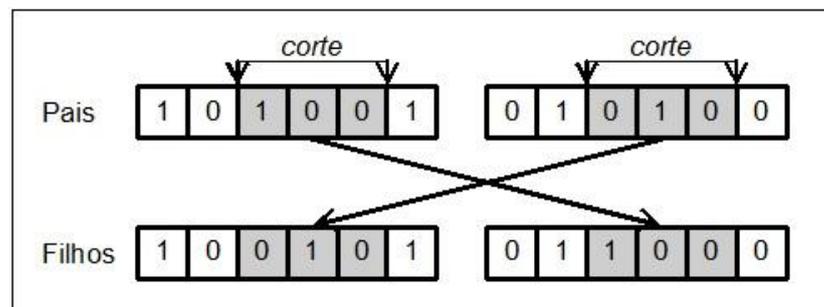


Fonte: OLIVEIRA, 2008.

2.1.1.4.2. Dois pontos

Na recombinação de dois pontos, como o próprio nome indica, dois pontos de corte são escolhidos. A troca de genes ocorre na parte intermediária de cada pai, como exemplificado na figura 3.

Figura 3 - Dois pontos de corte

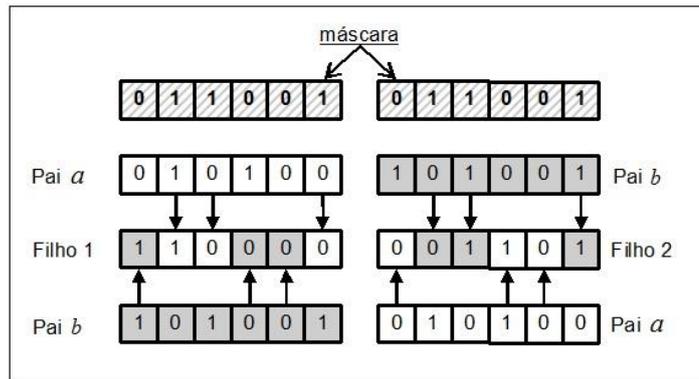


Fonte: OLIVEIRA, 2008.

2.1.1.4.3. Uniforme

É gerada aleatoriamente uma máscara binária do mesmo tamanho dos cromossomos (LINDEN, 2008). Cada gene no filho é criado copiando-se o gene correspondente de um ou de outro pai escolhido de acordo com a máscara. Onde há o número 1 na máscara, o gene do primeiro filho é copiado do primeiro pai, e onde há um 0 na máscara o gene é copiado do segundo pai. Uma nova máscara é gerada para a criação do segundo filho (LINDEN, 2008). O processo é exemplificado na Figura 4.

Figura 4 - Ponto de corte Uniforme



Fonte: OLIVEIRA, 2008.

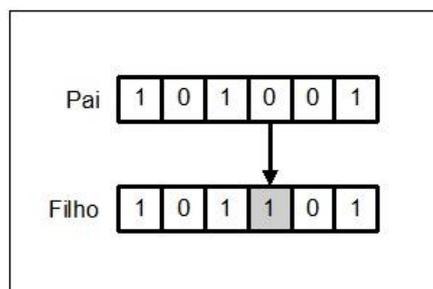
2.1.1.5. Mutação

Somente com o processo de recombinação a população teria baixa diversidade genética, por estar gerando filhos apenas com material genético presente na população inicial (OLIVEIRA, 2008). Os indivíduos são então passados por um operador de taxa de mutação, e um operador de taxa de mutação genética (LINDEN, 2008).

O parâmetro taxa de mutação tem como finalidade o controle da quantidade de mutantes que serão gerados. A taxa pode variar de 0%, em que escolhe-se não mutar nenhum indivíduo, até 100% em que se deseja realizar a mutação de todos os indivíduos (LINDEN, 2008).

Após obter a quantidade de mutantes, esses quando existem, são passados pelo operador taxa de mutação genética. Este operador possui associada a ele uma baixa probabilidade, na casa de 0.5%, sorteia-se um número entre 0 e 1, se este for menor que a probabilidade do operador, o gene em questão irá sofrer a mutação, repete-se o processo para todos os genes do cromossomo (LINDEN, 2008). A figura 5 ilustra essa operação.

Figura 5 - Mutação



Fonte: OLIVEIRA, 2008.

Ao finalizar a mutação os filhos são avaliados pela função de avaliação (*fitness*) descrita na seção 2.1.1.2.

2.1.1.6. Substituição

Uma nova geração de indivíduos irá substituir a geração antiga (BARBOZA, 2012). Essa nova população pode ser preenchida por meio de elitismo, seleção natural ou ambos (LINDEN, 2008).

2.1.1.6.1. Elitismo

Quase não alterando o tempo de execução do AG, o elitismo garante que o desempenho cresça com o decorrer das gerações. Basicamente a ideia é que os x% indivíduos com os melhores *fitness* estejam sempre presentes na próxima geração, afim de garantir que seu genes sejam conservados (LINDEN, 2008).

Forçando uma quantidade mínima dos melhores indivíduos na geração t+1, garante que essa tenha indivíduos iguais ou melhores que a geração t (no pior cenário, nenhum indivíduo melhor é gerado). Se os x% melhores indivíduos selecionados pelo elitismo for igual ao tamanho total da população, a nova geração já está completa e pode-se então verificar a convergência do algoritmo (LINDEN, 2008).

2.1.1.6.2. Seleção natural

Nessa etapa forma-se a população final, quando essa não foi totalmente preenchida pelo elitismo. Essa população é constituída da seguinte maneira: adiciona-se os x% indivíduos selecionados pelo elitismo, o restante é escolhidos através de algum método de seleção e estes são então adicionados à população final. Vale ressaltar que não existe uma obrigação em se usar o mesmo método de seleção utilizado na seleção de pais (LINDEN, 2008).

Em Linden (2008), são citados alguns métodos, tais como: Método do Torneio, método de amostragem estocástica uniforme, seleção local, seleção por *ranking*, e seleção truncada.

2.1.1.7. Determinação da convergência.

Com a nova geração pronta, deseja-se saber se houve a convergência do AG, ou seja, se uma solução ótima foi encontrada, caso contrário o algoritmo reiniciará seu ciclo. Em Barboza (2012) são citados alguns critérios de parada do algoritmo, como:

- **Número máximo de gerações:** o AG encerra quando atinge um número de gerações previamente especificado (BARBOZA, 2012).
- **Tempo decorrido:** o processo é finalizado quando atinge um certo tempo, especificado anteriormente (BARBOZA, 2012).

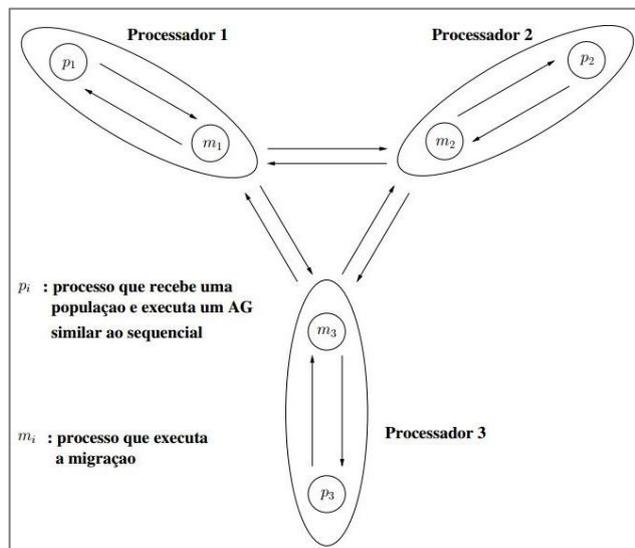
De acordo com Sivanandam e Deepa (2008) um outro critério de parada para o algoritmo genético seria o encontro do melhor indivíduo, ou seja, aquele que possui o valor de *fitness* igual ou abaixo do valor de convergência.

2.1.2. Modelo de Ilhas convencional

No modelo de ilhas convencional, o AG continua mantendo as mesmas etapas anteriormente descritas. A diferença é que agora têm-se diversas subpopulações que evoluem em paralelo, trocando entre si as melhores soluções de cada subpopulação, enquanto trabalham para melhorar suas soluções internas. Essa migração de indivíduos entre as ilhas é feita através de um novo operador, o operador de migração (MOREIRA SILVA, 2005).

A Figura 6 ilustra os processos executados por cada processador e a comunicação entre eles, em que cada par de processos m_i e p_i compartilham um mesmo processador. Inicialmente cada processo m_i fará a execução de um AG similar ao AG sequencial, numa dada população recebida. Já o processo p_i realizará a migração e o controle da finalização do AG paralelo (MOREIRA SILVA, 2005).

Figura 6 - Comunicação entre processos no modelo de ilhas para 3 processadores



Fonte: MOREIRA SILVA, 2005

O processo pi é ativado por seu par mi , quando em um período de w iterações consecutivas, não houver renovação em um percentual mínimo da população, inicia-se o processo de migração de indivíduos, ou também é ativado quando o processo mi está habilitado a encerrar, iniciando assim o processo de terminação do AG (MOREIRA SILVA, 2005).

2.1.3. Agrupamento (Clustering)

Agrupamento ou *clustering* é uma técnica de mineração de dados (data mining) que têm por objetivo particionar dados em grupos ou *clusters*. Um objeto dentro de um grupo é similar à outros dentro do mesmo grupo e não similar à objetos em outros *clusters* (HAN, et. al., 2012).

Seu uso traz benefícios em distintas áreas, tais como (BRAMER, 2007):

- Na área financeira: Agrupando países que possuem economias parecidas.
- Na área econômica: Agrupando empresas que possuem performance financeira semelhante.
- Na área médica: Agrupando paciente com os mesmos sintomas.
- Na área de análise criminal: Agrupando os casos criminais graves pela posição de longitude e latitude do local onde o crime ocorreu.

Para colocar o conceito de data mining em prática, faz-se o uso do algoritmo *Kmeans*, que separa amostras, neste caso os indivíduos, em classes (grupos) usando distância como similaridade entre eles. A quantidade k de classes é informada pelo usuário, daí o k de *Kmeans* (HAN, et. al., 2012).

“K-means é uma técnica que usa o algoritmo de agrupamento de dados por médias (K-means clustering). O objetivo deste algoritmo é encontrar a melhor divisão de P dados em K grupos C_i , $i = 1, \dots, K$, de maneira que a distância total entre os dados de um grupo e o seu respectivo centro, somada por todos os grupos, seja minimizada.” (PIMENTEL et. al, 2003).

Para gerar esses grupos o algoritmo calcula as distâncias entre as amostras usando uma das métricas de distância citadas abaixo. Serão agrupadas em um mesmo conjunto aquelas amostras com menor distância entre si (HAN, et. al., 2012).

A escolha da distância utilizada fica a critério do usuário (IMASTERS, 2006):

- **Distância Manhattan** (HAN, et. al., 2012)

$$D(x, y) = \sum_{i=1}^n |x_i - y_i|$$

- **Distância Euclidiana** (HAN, et. al., 2012)

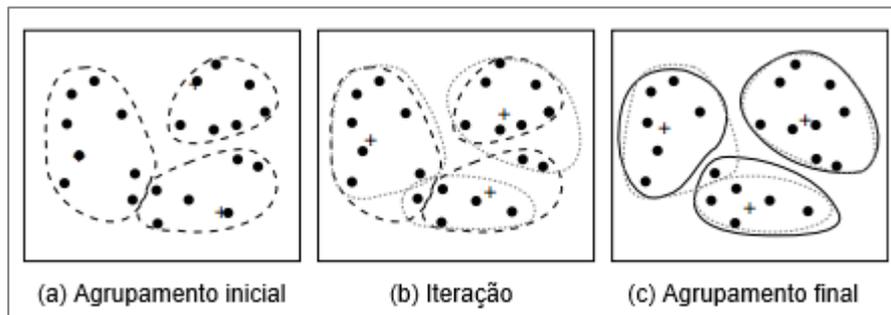
$$D(x, y) = \left(\sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2 \right)^{1/2}$$

- **Distância Minkowsk** (HAN, et. al., 2012)

$$D(x, y) = \left(\sum_{i=1}^n |x_i - y_i|^w \right)^{1/w}$$

A Figura 7 representa um dos possíveis comportamentos do algoritmo

Figura 7 - Representação do funcionamento do algoritmo *Kmeans* para $k=3$



Fonte: HAN, et. al., 2012.

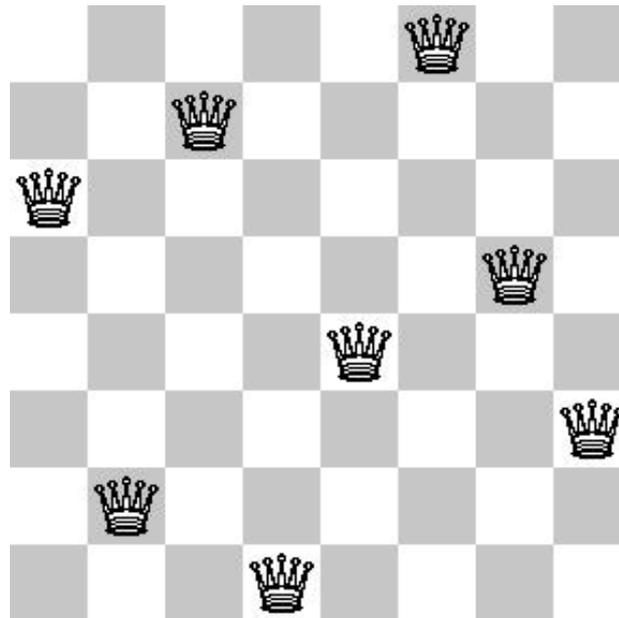
Kmeans quando se deseja dividir os dados em três grupos.

Os centroides dos grupos são calculados encontrando o ponto médio entre as amostras rotuladas de um mesmo grupo. Os grupos param de se modificar quando os centroides permanecem fixos, encerrando assim a execução do algoritmo.

2.1.4. Problema das N rainhas

O problema das N rainhas (ou damas) é um problema matemático, em que seu objetivo é dispor n damas em um tabuleiro de xadrez com $n \times n$ casas (para $n \geq 4$) sem que nenhuma delas seja atacada por outra. Uma rainha ataca qualquer outra que esteja na mesma linha, coluna ou diagonal (RUSSEL, NORVIG, 2010).

Figura 8 – Uma solução para 8 rainhas



Fonte: WELLS, 2013

2.2. Estado da arte

Este tópico é uma introdução à história do algoritmo genético, relatando seu atual quadro na área da computação e trabalhos notáveis na comunidade acadêmica e/ou tecnológica.

2.2.1. Histórico

Entre o final da década de 50 e início da década de 60 são desenvolvidos os algoritmos evolutivos, originalmente como simulação e modelagem computacional, mas logo foram explorados como técnica de otimização (LINDEN, 2008).

O algoritmo evolutivo age sobre um conjunto de indivíduos de uma população. Cada indivíduo é uma possível solução para o problema a ser tratado. E a cada iteração é gerada uma nova população em que seus indivíduos serão melhores soluções que as anteriores (LINDEN, 2008).

Em 1965, Rechenberg (1965) cria as “estratégias evolutivas”. A população era composta somente por dois indivíduos, um pai e um filho, onde o filho era gerado através da mutação do pai. As estratégias de Rechenberg foram utilizadas com sucesso em diversos problemas práticos e mesmo não tendo incluído conceitos atualmente aceitos, como o operador de recombinação e populações maiores, o trabalho de Rechenberg é considerado pioneiro por ter introduzido a computação evolutiva às aplicações práticas.

Mais tarde, Fogel, Owens e Walsh em 1966, (FOGEL, OWENS, WALSH 1966) desenvolvem a programação evolucionária, onde os indivíduos eram representados como máquinas de estado finito, e sua evolução ocorria através de mutação.

Ao final da década de 60, John Henry Holland (1960) inventa o Algoritmo Genético. A proposta era que seu algoritmo poderia oferecer boas soluções para problemas complexos computacionalmente insolúveis na época.

2.2.2. Aplicações em algoritmos genéticos

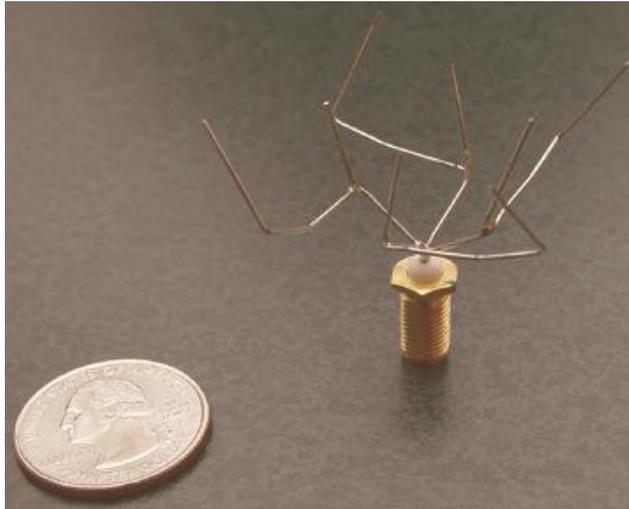
Pelo seu grande poder como técnica de otimização e sua adaptabilidade ao problema, geralmente se usa o AG quando há um grande espaço de busca, onde se deseja encontrar uma solução global, podendo ser aplicado em diversas áreas, como na educação, ciência, engenharia, negócios, saúde, telecomunicação e bioinformática.

Um exemplo do uso do AG na engenharia é o projeto da NASA no desenvolvimento de antenas, que são praticamente necessárias em tudo que usamos hoje, como telefones celular, rádios, carros e naves espaciais. O design correto de uma antena é uma arte e requer anos de experiência e treinamento. Ao combinar alguma experiência humana com algoritmos evolutivos, projetos de antenas podem ser produzidos automaticamente, sendo tão bons ou melhores do que apenas um especialista humano poderia criar. Outra vantagem é que, usando a abordagem computacional, o redesenho de uma antena é muito mais fácil e mais rápido caso haja alguma mudança de requisitos (Space Technology 5, 2005).

O projeto *Evolved Antenna* desenvolvido no laboratório da NASA, *Ames Research Center*, teve como objetivo produzir uma antena para a missão Space Technology 5. A ST5 é uma das missões do Programa Novo Milênio da NASA, para lançar múltiplas mini nave espaciais para testar, demonstrar e voo-qualificar conceitos e tecnologias inovadoras no ambiente inóspito do espaço para aplicação em futuras missões espaciais (Space Technology 5, 2005).

Para o primeiro modelo da antena foi desenvolvido um braço inicial e colocado outras três cópias em cada quadrante, a figura 9 ilustra a primeira versão da antena.

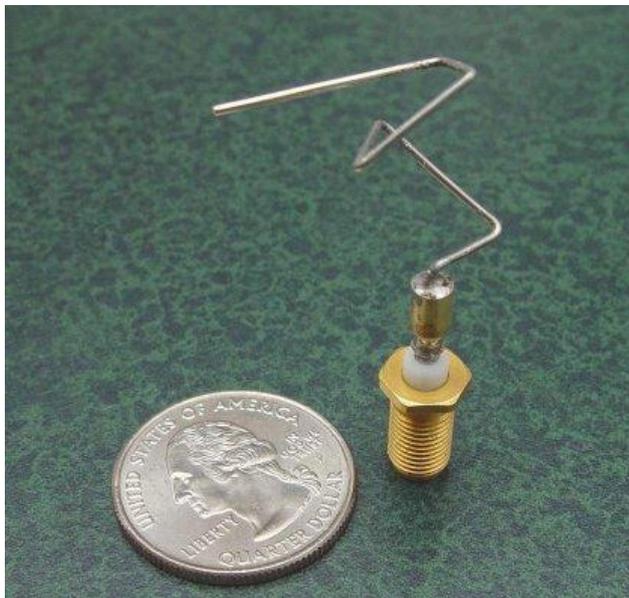
Figura 9 - Primeira versão da Antena



Fonte: IDESIGN LAB, 2006

Para codificar a antena usou-se uma representação estruturada em árvore que permitiu a ramificação e com isso evolui-se para uma antena que cumpria as originais especificações da missão, veja figura 10.

Figura 10- Versão com as originais especificações da missão



Fonte: IDESIGN LAB, 2006

Enquanto a antena foi submetida a testes de qualificação de espaço, o veículo de lançamento para a nave espacial ST5 foi alterado, resultando em uma nova órbita, e exigências diferentes de antena. No total, levou cerca de quatro semanas para modificar o algoritmo genético e evoluir uma nova antena para estes requisitos da missão revisados.

Em 22 março de 2006, às 9h 04min EST da base Aérea de Vandenberg, Califórnia, USA, a NASA lança no espaço a missão Space Technology 5 (ST5) em um foguete Pegasus XL, utilizando a *Evolved Antena* (Space Technology 5, 2006).

Essa missão durou por três meses, período durante o qual as antenas funcionaram com sucesso. Este projeto, tornou-se a primeira antena evoluída por computador para ser implantado para qualquer aplicação e é o primeiro hardware evoluído por computador no espaço (iDesign lab, 2006).

Em Linden (2008) são mostrados outros problemas resolvidos com o auxílio do AG: escalonamento de horários (alocação de recursos), alocação de capacitores (setor elétrico), engenharia reversa de redes de regulação genética (bioinformática) e inversão sísmica (setor petrolífero).

Uma desvantagem do algoritmo genético é que ele pode demandar um alto poder de processamento, e dependendo do problema a ser tratado, um alto tempo de execução.

Nos trabalhos de Miranda (2009) e Jaques (2011) apresentou-se resultados positivos para o problema de Alinhamento Múltiplo de Sequências (multiple sequence alignment – MSA) na área da bioinformática, com AG's que utilizavam um modelo de ilhas. Este modelo, detalhado na seção 3.2, consiste no AG implementado com o princípio da paralelização.

O MSA constitui uma ferramenta para detecção e representação das similaridades entre um conjunto de sequências. Estas similaridades são capazes de revelar o histórico do processo evolutivo, revelar importantes padrões conservados em aminoácidos ou estruturas moleculares comuns, o dar indícios sobre cadeias que tenham funções biológicas em comum (JAQUES, 2011).

Nesses trabalhos, comparações entre as abordagens, demonstraram ganhos significativos da estratégia com o modelo de ilhas ao AG sequencial (básico).

Da Silva, De Oliveira e Veras em “Um Algoritmo Genético Paralelo Aplicado ao Problema de Cobertura de Conjuntos (PCC)” (2013) também fazem uso do modelo de ilhas com resultados positivos, onde na maioria dos problemas, encontrou-se a solução ótima ou a melhor conhecida.

3. MATERIAIS E MÉTODO

Nessa seção encontra-se a série de passos que foram seguidos para atingir o objetivo do presente trabalho. Foram eles:

- Revisão bibliográfica;
- Definição do problema a ser utilizado no experimento;
- Definição da linguagem de implementação;
- Definição de parâmetros comuns aos três algoritmos: taxa de elitismo, taxa de mutação genética, taxa de mutação e tipo de recombinação;
- Implementação do AG convencional;
- Implementação do AG Modelo de Ilhas;
 - Definição do intervalo de migração;
 - Definição do número de ilhas.
- Implementação do modelo proposto: Agrupamento do Modelo de Ilhas em algoritmos genéticos;
- Testes para validação da implementação dos modelos;
- Realização do Experimento:
 - Definição do tamanho da população inicial;
 - Definição dos parâmetros fixos:
 - Número de gerações;
 - Quantidade de testes por cada tamanho de população inicial igual a 25 iterações.
 - Testes com a mesma base de dados para todos os modelos;
 - Análise dos dados:
 - Coleta dos dados;
 - Manipulação dos dados;
 - Confecção dos gráficos.
 - Comparação dos modelos;

Ambos algoritmos AG convencional, AG modelo de ilhas convencional e o modelo proposto (Bora Bora) foram escritos seguindo um mesmo padrão de implementação e parametrização, para evitar qualquer tendenciosidade dos mesmos.

4. RESULTADOS

Esta seção relata os resultados obtidos no projeto. No tópico 4.1 tem-se a representação do problema das N Rainhas usada para realização dos testes de comparação dos modelos. No tópico 4.2 a implementação dos modelos e, por fim, no tópico 4.3 o experimento.

4.1. Representação do problema das n rainhas

Para este problema a representação dos indivíduos se deu conforme a Figura 11. Cada elemento ou gene da posição i do vetor de tamanho n , equivale a posição da rainha na coluna i do tabuleiro $n \times n$. Com essa representação elimina-se as colisões verticais, já que cada posição do vetor representa uma coluna do tabuleiro.

Figura 11 - Indivíduo N Rainhas

9	5	8	4	1	3	6	10	7	2
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

Fonte: O autor

Quando a população inicial é criada, na primeira geração, os indivíduos desta também terão as colisões horizontais eliminadas, uma vez que não é permitido a colocação de elemento repetidos no vetor.

O indivíduo da Figura 11 é uma solução ótima, para facilitar o entendimento a representação gráfica se dá na Figura 12.

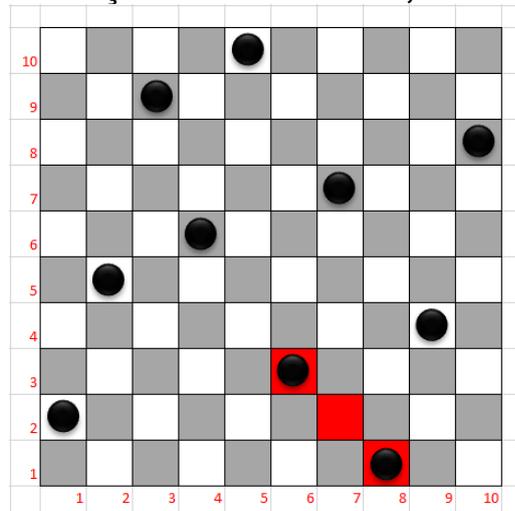
Figura 12 - Solução ótima para um tabuleiro 10x10

10							●			
9	●									
8			●							
7								●		
6						●				
5		●								
4				●						
3					●					
2									●	
1				●						
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

Fonte: O autor

A Figura 13 é a representação gráfica de uma solução com uma colisão.

Figura 13 - Solução não satisfatória, contendo uma colisão



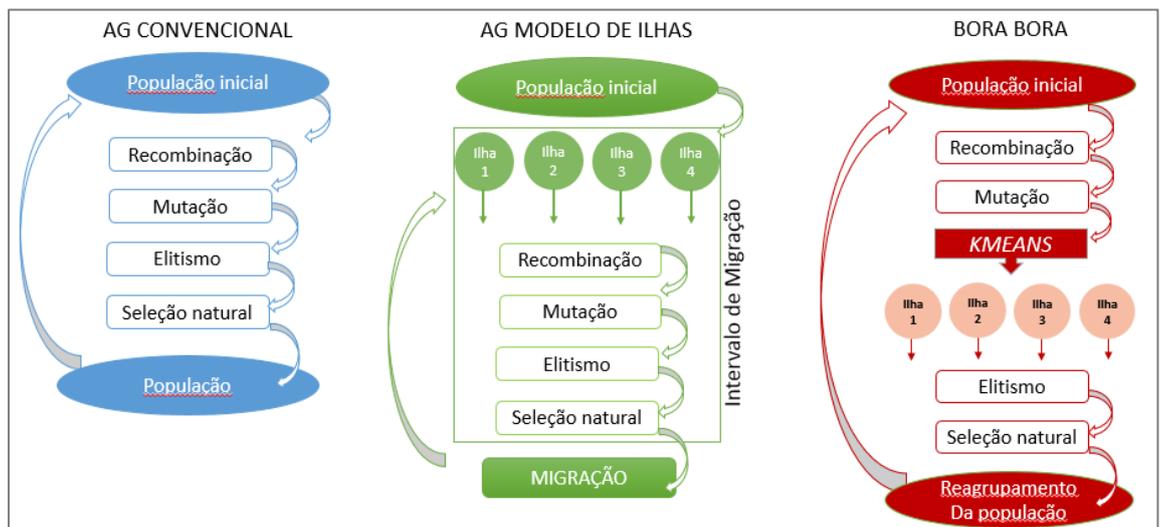
Fonte: O autor

Para forçar ainda mais a capacidade de resolutividade dos algoritmos, os testes foram realizados com o valores para n igual a 10, 12, 14 e 16. Vale ressaltar que o tempo computacional gasto a cada incremento em n , aumenta consideravelmente.

4.2. Implementação dos modelos

Este tópico aborda a implementação dos três modelos manipulados neste trabalho. A Figura 14 contém a representação gráfica dos processos realizados por cada modelo.

Figura 14 - Modelos



Fonte: O autor

Para haver justiça nas comparações entre os modelos, a exploração inicial do espaço de busca é a mesma em todas as 25 iterações. Isto é obtido criando a população inicial uma única vez. Uma iteração significa realizar o processo evolutivo 100 vezes, ou seja, 100 gerações. A cada iteração é coletado um valor que representa a porcentagem de acertos, entende-se como um acerto o encontro de uma solução ótima.

4.2.1. AG convencional

O AG convencional foi implementado com base na fundamentação teórica do tópico 2.2.1. Os passos seguidos pelo algoritmo são:

1. Inicialização:

População inicial constituída de cromossomos aleatórios.

2. Recombinação:

Dois indivíduos são selecionados aleatoriamente da população inicial, estes serão os pais de dois novo indivíduos. O tipo de crossover usado foi de um ponto, em que o ponto de corte dos pais é escolhido aleatoriamente. Com o ponto de corte sorteado, inicia-se o processo de geração de filhos. O Filho 1 contém a parte antes do ponto de corte do Pai 1 e a parte após o ponto de corte do Pai 2. Seguindo essa linha de pensamento, o Filho 2 é então criado com a parte anterior ao ponto de corte do Pai 2 e a parte posterior ao ponto de corte do Pai 1.

A população inicial que continha tamanho M , agora passa a ter tamanho $M*2$.

3. Mutação:

As taxas de mutação e mutação genética foram definidas em 0.5, portanto, um indivíduo irá ter um gene modificado se o número randômico x sorteado for menor que 0.5, e o valor do gene será incrementado em 1 unidade se um novo valor randômico y for maior ou igual a 0.5 e diminuído em 1 unidade caso contrário.

4. Ordenação:

A ordenação dos indivíduos é feita crescentemente pela função de avaliação de cada um. A ordenação irá facilitar na etapa de elitismo em que os primeiros indivíduos são os melhores.

5. Elitismo;

Como a lista de indivíduo foi previamente ordenada, o que se faz no elitismo é selecionar os 10% melhores indivíduos para a próxima geração.

6. Seleção Natural;

Após o elitismo é feita a seleção natural, sendo esta extremamente elitista. São selecionados pela fase de seleção natural uma quantidade de indivíduos que quando unidos aos indivíduos selecionados na fase de elitismo, o tamanho da população seja o mesmo que a população inicial.

A população passa pelos passos de 2 a 6 por 100 gerações, sendo coletado o número de gerações em que se encontrou a solução ótima.

4.2.2. AG Modelo de Ilhas convencional

O AG Modelo de Ilhas convencional foi implementado de acordo com o tópico 2.1.2. Este algoritmo funciona semelhante ao AG convencional, a diferença está na etapa de inicialização.

Na etapa de inicialização o AG Modelo de Ilhas divide a população inicial em 4 subpopulações ou ilhas de mesmo tamanho. Os indivíduos são colocados em cada ilha aleatoriamente.

Com as ilhas definidas cada uma agora segue os passos de 2 a 6 do tópico 4.2.1, trabalhando separadamente em busca da solução ótima.

Num certo intervalo de gerações ocorre uma migração do melhor indivíduo de cada ilha para as demais, esse intervalo é denominado intervalo de migração. Para o presente projeto o intervalo de migração definido foi de 10 gerações. O processo é repetido até completar as 100 gerações.

4.2.3. Bora Bora - Agrupamento em ilhas para Algoritmos Genéticos – O modelo proposto

Neste novo modelo a população inicial seguirá o caminho do AG convencional e após a etapa de mutação haverá uma separação em subpopulações por padrões, feita pelo algoritmo de agrupamento. As etapas de elitismo e seleção natural serão feitas em cada subpopulação, onde os melhores indivíduos de cada uma formarão uma nova população com o mesmo tamanho inicial.

Os passos 1,2 e 3 seguidos pelo modelo proposto, são equivalente a estes mesmos passos do AG convencional.

1. Inicialização:

População inicial constituída de cromossomos aleatórios.

2. Recombinação:

A população que possuía tamanho M , passa a ter tamanho $M*2$.

3. Mutação:

Alguns indivíduos geram ou não um mutante, e quando são escolhidos para tal, alguns ou todos seus genes sofrem mutação, incrementando ou decrementado o valor do gene.

4. Agrupamento:

Para realizar o agrupamento dos indivíduos em ilhas, se utilizou o algoritmo *Kmeans*, descrito na seção 2.1.3. Como os indivíduos são separados pelo parâmetro de distância entre eles, as ilhas podem possuir tamanhos variados. Cada ilha passa agora pelas seguintes etapas:

a. Elitismo;

b. Seleção Natural.

5. Reagrupamento das ilhas:

Após trabalharem em diferentes espaços de busca, os indivíduos selecionados em 4.a e 4.b de cada ilha, irão se unir para compor uma população com o tamanho original M . Para realizar essa união supõe-se que cada ilha irá fornecer $M/4$ indivíduos. Por exemplo, uma população inicial de tamanho 100, cada ilha terá que fornecer 25 indivíduos, porém como essas possuem tamanhos variados pode ocorrer de uma ilha não ter cromossomos suficientes. Supõe-se que a Ilha 1 possua 10 indivíduos, estes irão compor a população final que irá passar para próxima geração, entretanto faltam 15 indivíduos, esta quantidade é então dividida entre as ilhas que possuam indivíduos sobrando, esse processo é feito ciclicamente até que a população final possua tamanho M , voltando para o passo 2 e realizando este processo por 100 gerações.

4.3. Experimento

Para cada tamanho de população inicial, AG convencional, AG Modelo de Ilhas e o modelo Bora Bora, realizaram 25 iterações onde em cada uma tentaram buscar a solução ótima num intervalo de 100 gerações.

Se no espaço de 100 gerações o algoritmo não encontrar a solução ótima seu valor será de 0% naquela iteração, e se por exemplo detectá-la em 83 gerações, a porcentagem será de 83%. Ao final das iterações foi retirada a média dessas porcentagens para confecção de gráficos. Na Tabela 1 um exemplo das porcentagens coletados e da média calculada dos três modelos, em um tabuleiro 10x10 com uma população inicial de 1500 indivíduos.

Tabela 1-Porcentagens e médias calculadas para população inicial igual a 1500 e 10 rainhas

Iteração	AG convencional	Modelo de Ilhas	Modelo Proposto
1	68%	58%	76%
2	100%	83%	100%
3	87%	69%	74%
4	83%	80%	93%
5	75%	60%	76%
6	100%	89%	100%
7	94%	66%	82%
8	100%	84%	100%
9	85%	79%	87%
10	88%	79%	92%
11	73%	79%	89%
12	91%	61%	86%
13	81%	69%	78%
14	95%	79%	85%
15	100%	78%	100%
16	100%	80%	100%
17	87%	79%	86%
18	100%	75%	100%
19	87%	79%	93%
20	77%	82%	81%
21	83%	80%	80%
22	80%	80%	99%
23	98%	79%	90%
24	86%	79%	80%
25	100%	81%	100%
Média	88,72%	76,28%	89,08%

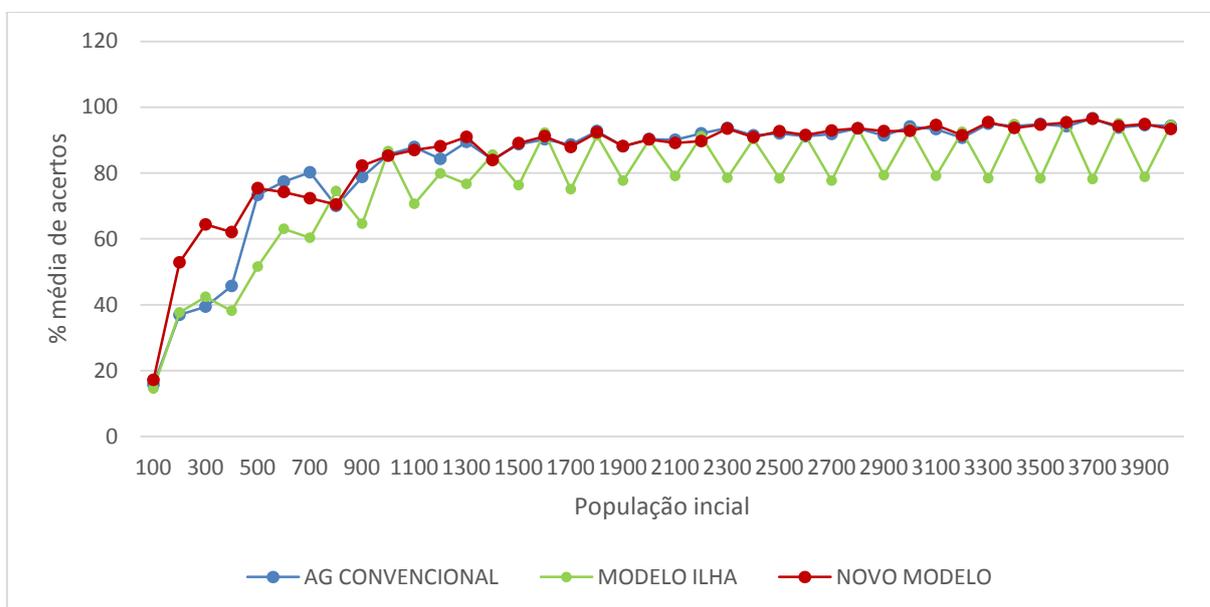
Fonte: O autor.

Para comparações justas entre os AG's manipulados, foram utilizadas as mesmas populações iniciais a cada iteração. Os testes foram feitos em um intervalo de 100 a 4000 indivíduos para o tamanho da população inicial, por ser um intervalo em que fornece uma boa coleta de dados para comparação e concluído em um tempo aceitável levando em conta a máquina utilizada e o tempo para finalização do presente trabalho.

Em todos os gráficos de comparação entre os algoritmos, que se seguem abaixo, é possível perceber que quanto maior o tamanho da população inicial mais acertos são computados. Isso se deve ao fato de que ao aumentar o campo de busca uma maior diversidade genética é introduzida. (Citação)

A Figura 15 mostra os resultados para um tabuleiro de 10x10 casas, onde percebe-se que o Modelo de Ilhas já existente (cor verde), em geral está abaixo dos demais algoritmos, ou seja, a porcentagem média de acertos do algoritmo é inferior aos outros. A disputa ficou então entre o AG convencional e o modelo proposto, em que nota-se uma grande diferença de resultados apenas no intervalo de 100 a 900 indivíduos, após isso atingem praticamente a mesma quantidade de acertos.

Figura 15 - Porcentagem média de acertos para n = 10

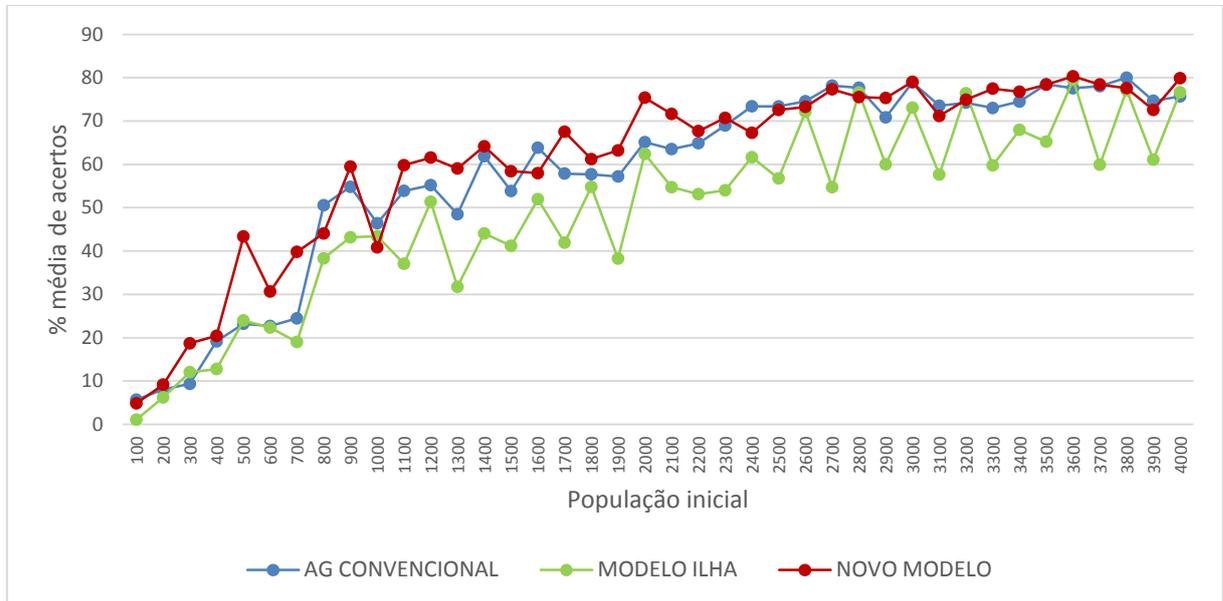


Fonte: O autor

Com 12 rainhas a dificuldade aumenta, e de acordo com a Figura 16, nota-se que o Modelo de Ilhas convencional continua obtendo resultados inferiores aos

demais algoritmos, e agora a técnica híbrida proposta, começa a alcançar melhores resultados que o AG convencional.

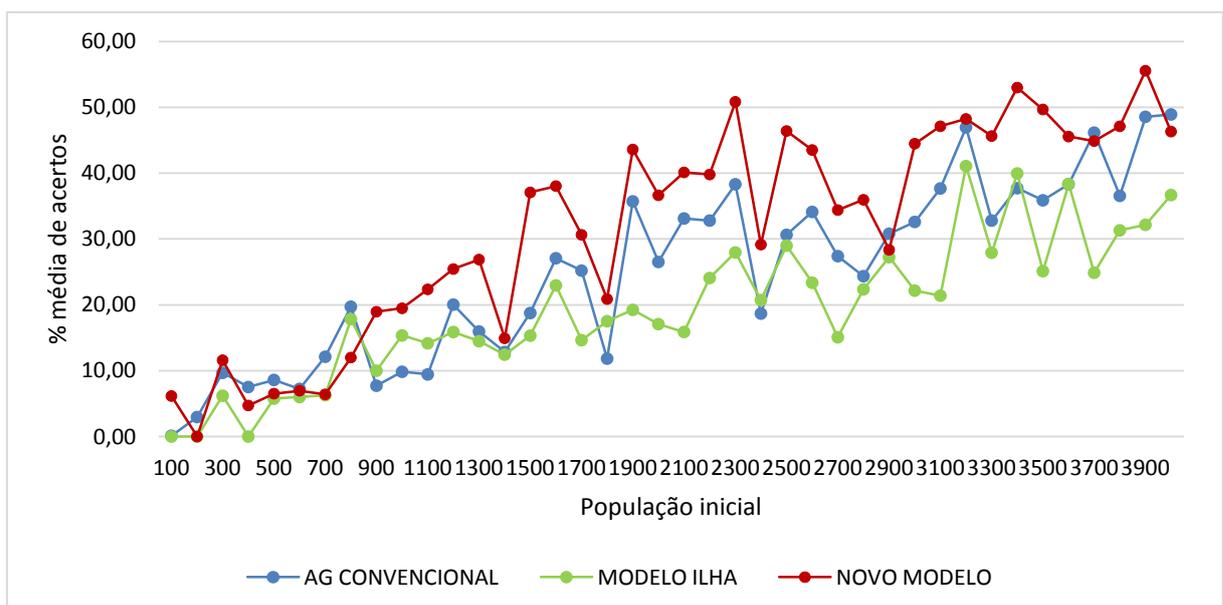
Figura 16 - Porcentagem média de acertos para n = 12



Fonte: O autor

Em um tabuleiro de 14x14 casas, a porcentagem de acertos do Modelo de Ilhas continua sendo inferior e para as populações de 100, 200 e 400 indivíduos não foi ao menos capaz de encontrar uma solução ótima em nenhuma das 25 iterações em 100 gerações cada. Neste cenário o modelo Bora Bora foi visivelmente melhor que o AG convencional e o Modelo de Ilhas.

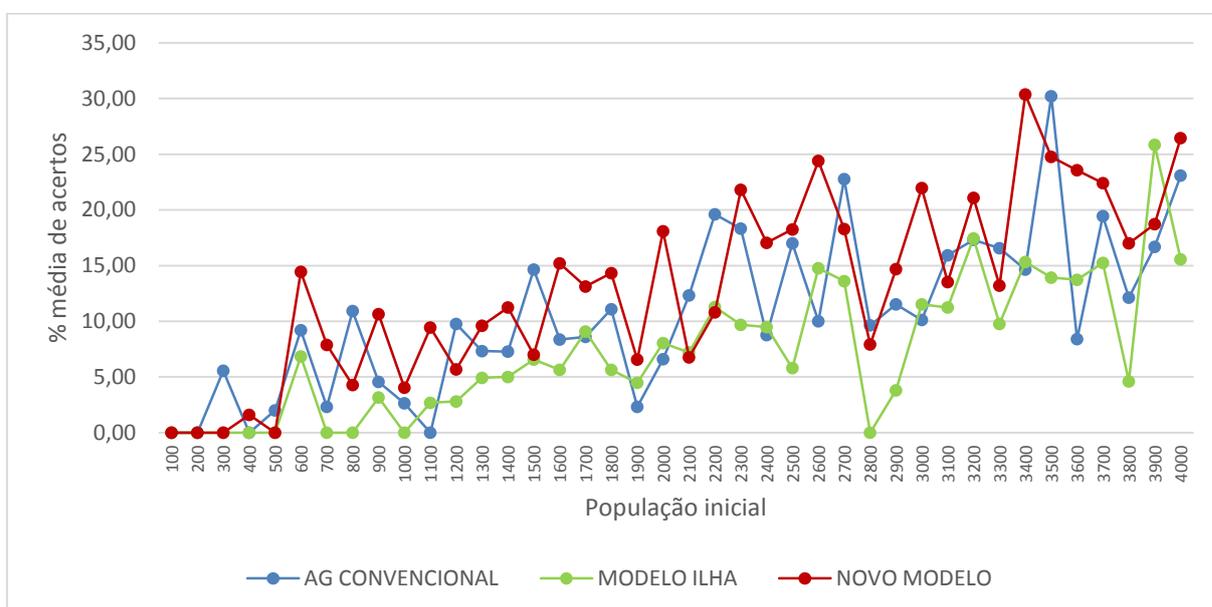
Figura 17 - Porcentagem média de acertos para n = 14



Fonte: O autor

Por fim, para $n = 16$, o Modelo de Ilhas manteve a inferioridade perante os outros AG's. O modelo Agrupamento do Modelo de Ilhas para Algoritmos Genéticos: uma técnica híbrida, de modo geral foi melhor que o AG convencional. Em alguns momentos a porcentagem de acertos foi bem próximo porém a técnica híbrida ainda sim foi melhor. Um fato interessante notado é que essa técnica mantém um nível de crescimento sem nunca ter uma média de 0% na taxa de acerto quando o campo de busca é considerado amplo (a partir de 1000 indivíduos), contrário do Modelo de Ilhas e o AG convencional que obtiveram 0% mesmo para populações iniciais de 1000, 1100 e 2800 indivíduos.

Figura 18- Porcentagem média de Acertos para $n = 16$



Fonte: O autor

5. CONCLUSÃO E TRABALHOS FUTUROS

O homem possui um constante desejo de criar ou melhorar métodos já existentes. Neste trabalho o Modelo de Ilhas difundido e conhecido academicamente deu a motivação para o seu aperfeiçoamento por meio da combinação da técnica de agrupamento (clustering) para a formação das ilhas.

Pretendia-se com o presente projeto a criação de ilhas por padrões e não por aleatoriedade como o Modelo de Ilhas e com isso retardar a convergência prematura do algoritmo genético para assim fugir de ótimos locais e encontrar ótimos globais em problemas de otimização e busca.

Após análise dos gráficos conclui-se que o modelo Bora Bora - Agrupamento em ilhas para Algoritmos Genéticos, atingiu os objetivos propostos, sendo capaz de retardar a convergência genética prematura e sendo mais eficiente que o AG convencional e o AG Modelo de Ilhas convencional, no problemas das N rainhas, tendo uma maior porcentagem média de acertos.

Como o objetivo do novo modelo é retardar a convergência prematura, o tempo gasto para compilação do algoritmo é superior aos outros modelos, o que já era esperado. Como proposta de continuidade, o novo modelo será modificado para trabalhar com paralelismo real, usando os quatro núcleos da máquina disponível para testes, ou utilizando várias máquinas em grid. Com um maior poder de processamento os testes serão finalizados mais rapidamente, inclusive com grandes quantidades de rainhas (n) e populações iniciais. Ainda aproveitando esse maior poder computacional, propõe-se também evoluir cada iteração não somente por 100 gerações, mas sim por 1000, 2000 ou mais.

Ainda para trabalhos futuros pretende-se também realizar os testes entre os algoritmos mencionados neste trabalho, utilizando outros tipos de algoritmo de agrupamento além do *kmeans*, afim de descobrir se o uso de tal algoritmo tem um impacto significativo nos resultados finais.

6. REFERÊNCIAS

BARBOZA, R. A. *Algoritmos Genéticos*. 63 p. Trabalho de Graduação (monografia)-Centro Estadual de Educação Tecnológica Paula Souza, Faculdade de Tecnologia de Taquaritinga, 2012.

BRAMER, M. *Principles of Data Mining*, Springer Science, 2007.

CARMO, D. L. Aplicação de algoritmos genéticos no desenvolvimento de rotas turísticas. 2004, 67 p. Trabalho de conclusão de curso (Bacharel em Sistemas de Informação) – União Educacional de Minas Gerais, Faculdade de Ciências Aplicadas de Minas, Uberlândia, 2004.

DA SILVA, Francisco Jhonatas M; DE OLIVEIRA, Antonio C.; VERAS, Rodrigo de M. S. *Um Algoritmo Genético Paralelo Aplicado ao Problema de Cobertura de Conjuntos*.-Departamento de Computação – DC Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina – PI, Brasil, 2013.

DARWIN, C. R. 1869. *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*-London: John Murray. 5th edition. Tenth thousand, p. 53.

DIOGO C, Lucas. *Algoritmos Genéticos: uma Introdução*-UFRGS. Mar, 2002.

FOGEL, L. J.; OWENS, A. J.; WALSH, M. J. *Artificial Intelligence through Simulated Evolution*-John Wiley: New York, USA, 1966.

HAN, J; KAMBER, M; PEI, J. *Data mining: concepts and techniques*. 3rd ed. Morgan Kaufmann, 2012.

HARRIS, Sidney J. BrainyQuote.com. Xplore Inc, 2013. Disponível em: <http://www.brainyquote.com/quotes/quotes/s/sydneyjha104631.html> Acesso em: 27 de Novembro de 2013.

HOLLAND, J. *Adaptation in natural and artificial systems*. Ann Arbor: Univ. of Michigan Press, 1975.

IDESIGN LAB. *Evolving Antennas - Evolved Antenna for NASA's Space Technology 5 Mission*. 2006. Disponível em: http://idesign.ucsc.edu/projects/evo_antenna.html. Acesso em: 28 de Novembro de 2013.

IMASTERS. Data mining na prática: Algoritmo K-Means (2006). Disponível em: <<http://imasters.com.br/artigo/4709/sql-server/data-mining-na-pratica-algoritmo-k-means/>>. Acesso em: 12 de Fevereiro de 2014.

JAQUES, Luíza da Silva. *Algoritmo genético multi-ilha para alinhamento múltiplo de sequências com comunicação assíncrona*-UNB, Brasília, 2011.

LINDEN, R. *Algoritmos Genéticos*, 2. ed., Brasport, Rio de Janeiro, 2008.

MIRANDA, Lídia Araujo. *Estratégia paralela para alinhamento múltiplo de sequências com algoritmo genético multi-ilha*. 2009. 97 f. Dissertação (Mestrado em Informática) -Universidade de Brasília, Brasília, 2009.

MOREIRA SILVA, Angelo José. *Implementação de um Algoritmo Genético utilizando o Modelo de Ilhas*-Rio de Janeiro, 2005.

NORVIG, P.; Russell, S. J. *Inteligência Artificial*, 2. ed., CAMPUS - RJ, 2004.

OLIVEIRA, Douglas Nunes de. *Identificando Regras de Transição de Autômato Celular Probabilista via Algoritmo Genético em Sistemas Epidemiológicos*. Programa de pós-graduação em Engenharia Elétrica-Universidade Presbiteriana Mackenzie. São Paulo, Jun, 2008.

PIMENTAL, E. P, FRANÇA, V. F., and OMAR, N. (2003). A identificação de grupos de aprendizes no ensino presencial utilizando técnicas de clusterização. In Anais do Simpósio Brasileiro de Informática na Educação, Rio de Janeiro, RJ. SBC.

RECHENBERG, I. *Cybernetic Solution Path of an Experimental Problem*. Roy Aircr. Establ. Libr. Transl., 1122, Farnborough, Hants, UK, 1965.

RUSSELL, Stuart J; NORVIG P. *Artificial Intelligence - A Modern Approach*. Prentice Hall, New Jersey, 2010.

SILVA, Angelo José Moreira. *Implementação de um algoritmo genético utilizando o modelo de ilhas*. Ago, 2005.

SIVANANDAM, S. N.; DEEPA, S. N. *Introduction to genetic algorithms*. Berlin; New York: Springer, 2008.

Space Technology 5, ST5. NASA 2005. Disponível em: <http://www.nasa.gov/mission_pages/st-5/main/index.html>. Acesso em: 28 de Novembro de 2013.

WELLS, D. Puzzling Mathematics – Nineteen Fourteen, Academic Perspectives from Cambridge University Press. 2013. Disponível em: <<http://www.cambridgeblog.org/2013/01/puzzling-mathematics/>>. Acesso em: 20 de Agosto de 2014.