

# APLICANDO ALGORITMOS GENÉTICOS *REAL-CODED* NO REFINAMENTO DE FUNÇÕES DE PERTINÊNCIA FUZZY: UMA ANÁLISE ESTATÍSTICA

**Omar Andres Carmona Cortes**

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Maranhão

Departamento Acadêmico de Informática

Av. Getúlio Vargas, 04 - Monte Castelo - São Luis - MA

omar@ifma.edu.br

**Resumo** – O objetivo deste artigo é mostrar a aplicação de métodos estatísticos na avaliação de Algoritmos Genéticos *Real-Coded*. A aplicação utilizada na análise é o refinamento das funções de pertinência de um sistema fuzzy. São avaliados cinco operadores de cruzamento (Simples, Linear, Aritmético Uniforme, Aritmético Não Uniforme e Heurístico) e dois operadores de mutação (Aleatória e Não-uniforme). Os resultados são avaliados utilizando-se ANOVA apoiada pelo Teste de Tukey. Como são apenas dois operadores de mutação, um teste-t é feito para verificar quais dos mecanismos de mutação apresenta melhores resultados.

**Palavras-chave** – Algoritmos Genéticos, ANOVA, Teste de Tukey, Teste-t.

**Abstract** – The purpose of this paper is to show how to apply statistical methods for evaluating Real-Coded Genetic Algorithms, used for tuning a fuzzy systems. Five crossover mechanism (One-point, Linear, Arithmetic Uniform, Arithmetic Non-Uniform and Heuristic) and two mutation operators (Random and Non-Uniform) are under the statistical evaluation. The outcomes have been evaluated by means of ANOVA and Tukey Test. Because we are using only two mutation operators, a t-test is done to verify which one presents the best results.

**Keywords** – Genetic Algorithms, ANOVA, Tukey Test, t-Test.

## 1. Introdução

O campo da estatística lida com a coleta, a apresentação, a análise e o uso de dados para tomar decisões e resolver problemas [1]. Nesse contexto, a estatística é uma ferramenta importante para qualquer cientista, pois pode ajudá-lo a planejar experimentos e inferir conclusões baseadas em seus resultados.

Embora a estatística seja importante, muitos trabalhos a deixam em segundo plano inferindo conclusões tomando como base apenas dados como média e desvio padrão. Esses dados, apesar de serem essenciais, não são suficientes para realizar a comparação, por exemplo, entre dois algoritmos. Nesse caso é necessário, no mínimo, a formulação de uma hipótese e sua verificação através de um teste-T [1–3]. Ampliando esse escopo, quando a análise estende-se para 3 ou mais algoritmos deve-se utilizar a análise de variância (ANOVA) [1–3] como ferramenta.

A comparação utilizando apenas a média e o desvio padrão ou variância é possível, mas somente quando a diferença entre as médias é considerável, como por exemplo: um algoritmo *A* alcançou em média uma precisão *X*, enquanto que o algoritmo *B* alcançou uma precisão  $10X$ . Nesse exemplo, esta clara a diferença. No entanto, entre médias relativamente próximas é necessária a utilização de ferramentas estatísticas.

Trabalhos na área de algoritmos evolutivos, como o de [4], por exemplo, utiliza a estatística de maneira correta ao comparar dois tipos de algoritmos evolutivos utilizando um teste-T. Já os trabalhos de [5], [6], [7], [8] fazem a comparação de 3 ou mais algoritmos usando apenas os dados de média e desvio padrão, mesmo tendo algumas médias próximas umas das outras.

Nesse contexto, este artigo visa contribuir em dois pontos. O primeiro em como utilizar a estatística, mais precisamente, a análise de variância (ANOVA) como ferramenta de inferência na comparação entre os algoritmos. E o segundo, em avaliar estatisticamente o desempenho de diversos tipos de cruzamento e mutação no refinamento de um sistema nebuloso através de algoritmos genéticos *real-coded*. Como estudo de caso são testadas cinco formas de cruzamento e duas formas de mutação.

O processo de refinamento, ou ajuste, de funções de pertinência é uma atividade importante dentro do desenvolvimento de sistemas nebulosos. Em sistemas relativamente pequenos com poucos conjuntos nebulosos o ajuste pode ser feito com base na tentativa e erro. Porém, mesmo em sistemas menores há a possibilidade de erros. Trabalhos como os de [9], [10] e [11] fazem uso de algoritmos genéticos no ajuste de funções de pertinência.

Para cumprir seu objetivo este artigo esta organizado da seguinte maneira: a Seção 2 apresenta uma breve descrição sobre algoritmos genéticos, os métodos de cruzamento e de mutação considerados; a Seção 3 mostra a aplicação considerada na análise

e a metodologia de utilização do algoritmo genético; na Seção 4 são apresentados os resultados da análise estatística; a Seção 5 discute alguns outros aspectos da análise; finalmente, a Seção 6 mostra as conclusões deste trabalho.

## 2. Algoritmos Genéticos

Basicamente, um algoritmo genético processa uma população de possíveis candidatos a uma solução ótima. Cada indivíduo é formado por genes, onde cada gene reflete um parâmetro da possível solução. A forma mais comum de representação de indivíduos é através de vetores. Nesse sentido, um indivíduo pode ser representado de duas formas básicas: vetor de binários (*binary-coded*) e vetor de reais (*real-coded*).

A estrutura básica de um algoritmo genético é: I. Gera-se uma população inicial de possíveis soluções; II. A população é avaliada; III. Seleção de indivíduos; IV. Operações genéticas (cruzamento e mutação) sobre os indivíduos selecionados; V. Os novos indivíduos substituem os pais; VI. A nova população é avaliada; VII. Repete-se o processo a partir do passo III até que o critério de parada seja atingido.

Cada iteração do processo é chamada de geração. Geralmente o critério de parada é certa quantidade de gerações, embora outros critérios como a comparação de erros possa ser utilizada.

### 2.1 Operadores Genéticos

Os operadores genéticos são os responsáveis pela geração dos novos indivíduos e são controlados por alguns parâmetros genéticos tais como: probabilidade de cruzamento e probabilidade de mutação.

#### 2.1.1 Cruzamento

O operador de cruzamento é um método de compartilhar informações entre indivíduos. Com ele combinam-se as capacidades de dois pais para formar um ou mais descendentes, com a possibilidade de gerar um indivíduo que futuramente irá gerar indivíduos ainda mais fortes, sendo que os indivíduos são escolhidos através de uma probabilidade de cruzamento  $p_c$ .

Considerando que  $C_1 = (c_1^1, \dots, c_n^1)$  e  $C_2 = (c_1^2, \dots, c_n^2)$  são dois cromossomos a serem cruzados, a seguir são apresentados os cruzamentos utilizados neste trabalho.

**Simples** - Uma posição  $i \in 1, 2, \dots, n - 1$  é escolhida como um ponto de cruzamento. Os descendentes serão gerados da seguinte forma:  $H_1 = (c_1^1, c_2^2, \dots, c_i^1, c_{i+1}^2, \dots, c_n^2)$  e  $H_2 = (c_1^2, c_2^2, \dots, c_i^2, c_{i+1}^1, \dots, c_n^1)$

**Linear** - Geram-se três descendentes  $H_k = (h_1^k, h_2^k, \dots, h_n^k)$ ,  $k = 1, 2$  e  $3$ , onde cada gene é gerado a partir das seguintes equações:  $h_i^1 = \frac{c_i^1}{2} + \frac{c_i^2}{2}$ ,  $h_i^2 = \frac{3c_i^1}{2} - \frac{c_i^2}{2}$  e  $h_i^3 = -\frac{c_i^1}{2} + \frac{3c_i^2}{2}$ .

**Aritmético Uniforme** - Dois descendentes  $H_k = (h_1^k, \dots, h_i^k, \dots, h_n^k)$ ,  $k = 1, 2$ , são gerados a partir das equações:  $h_i^1 = \lambda c_i^1 + (1 - \lambda)c_i^2$  e  $h_i^2 = \lambda c_i^2 + (1 - \lambda)c_i^1$ , onde  $\lambda$  é um valor aleatório no intervalo  $[0, 1]$ .

**Aritmético Não Uniforme** - Semelhante ao cruzamento aritmético uniforme. Entretanto, neste caso  $\lambda = \frac{g}{G_{max}}$ , onde  $g$  é a geração em que o algoritmo se encontra e  $G_{max}$  é a quantidade total de gerações permitidas.

**Heurístico** - supondo que  $C_1$  é o genitor com maior aptidão. Então cada gene é gerado a partir de  $h_i = r * (c_i^1 - c_i^2) + c_i^1$ , onde  $r$  é aleatoriamente gerado no intervalo  $[0, 1]$ .

#### 2.1.2 Mutação

O operador de mutação altera um ou mais genes com o objetivo de aumentar a variabilidade da população impedindo que haja uma convergência prematura da solução, ou seja, impede que o algoritmo estacione em um mínimo ou máximo local. Cada gene pode sofrer mutação de acordo com um parâmetro genético denominado probabilidade de mutação  $p_m$ . Neste trabalho utilizam-se duas formas de mutação: não uniforme e mutação aleatória. Na mutação aleatória  $c_i'$  é escolhido no intervalo  $[a_i, b_i]$ , onde  $a_i$  e  $b_i$ , são os limites inferior e superior, respectivamente, do gene sendo mutado. A mutação Não Uniforme muta o gene de acordo com a Equação 1, onde  $\tau$  é gerado aleatoriamente no conjunto  $\{0, 1\}$ .

$$c_i' = \begin{cases} c_i + \Delta(t, b_i - c_i), & \text{se } \tau = 0 \\ c_i - \Delta(t, c_i - a_i), & \text{se } \tau = 1 \end{cases} \quad (1)$$

A função  $\Delta$  segue a equação  $\Delta(t, y) = y(1 - r^{(1 - \frac{t}{G_{max}})^b})$ , onde  $r$  é um número aleatório no intervalo  $[0, 1]$  e  $b$  é um parâmetro escolhido pelo usuário chamado de grau de dependência.

## 3. Estudo de Caso

O algoritmo genético foi utilizado no refinamento de um sistema nebuloso cujas funções de pertinência são mostradas na Figura 1.

O objetivo da otimização é aproximar os resultados fornecidos pelo sistema aos resultados esperados levando em consideração benchmarks reais. O ajuste é feito alterando-se o centro e largura dos conjuntos nebulosos, submetendo as entradas novamente e

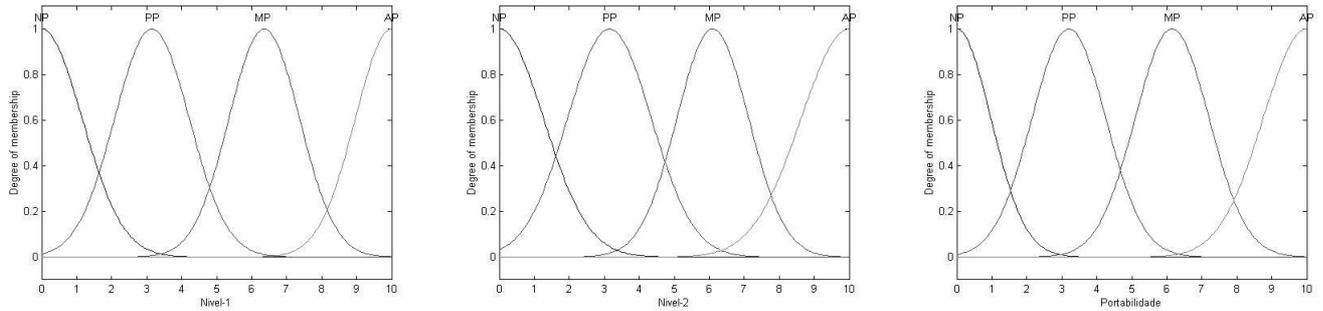


Figura 1: Funções de Pertinência Utilizadas

Tabela 1: Resultados esperados e resultados encontrados

Benchmark	Esperado	Encontrado
NAS	8.5	8.9
Parkbench	7.0	8.3
SkaMPI	10.0	10.0
Mpptest	10.0	10.0
Gênese Low-Level	7.5	8.1

verificando os resultados. Detalhes sobre o refinamento podem ser vistos no trabalho de [12]. A Tabela 1 mostra os resultados esperados e os resultados fornecidos pelo sistema sem o refinamento.

Para realizar o refinamento sem alterar a semântica do sistema fuzzy algumas regras devem ser seguidas: (i) não variar o centro dos conjuntos nebulosos que estão nos extremos; (ii) o centro do conjunto nebuloso de posição  $n$  deve sempre ser menor que o centro do conjunto de posição  $n + 1$ ; (iii) variação da largura das curvas entre 0.7 e 2.0; e, (iv) variação dos centros entre -2.5 e +2.5 da origem. Esta última regra ajuda a garantir a regra (ii).

Seguindo as regras consideradas, faz-se necessário então especificar qual a função de aptidão a ser utilizada. Nesse contexto, calcula-se um fator  $\mu$  por cada exemplo. Esse fator representa um número nebuloso próximo a nota esperada de acordo com a Equação 2, onde  $x$  é o resultado dado pelo sistema nebuloso,  $c$  é o resultado esperado e  $i$  é o benchmark considerado. A largura da curva foi empiricamente estipulada em 0.7.

$$\mu_i = e^{-\frac{(x-c)^2}{2 \times (0.7)^2}} \quad (2)$$

Quando  $\mu_i = 1$  significa que o valor fornecido pelo sistema é igual ao valor esperado. O resultado da pertinência é multiplicado por 100 fornecendo a porcentagem de quão próximo está o resultado fornecido da solução esperada. Para calcular a aptidão, os resultados são somados e divididos pela quantidade de exemplos  $n$  que o sistema está tratando, como pode ser visto na Equação 3. Em outras palavras, calcula-se a precisão do sistema através da média das proximidades. Indivíduos gerados fora da especificação (que violem qualquer uma das restrições) recebem automaticamente Aptidão = 0.

$$Eval = \frac{\sum_{i=1}^n \mu_i \times 100}{n} \quad (3)$$

Para calcular o fator  $\mu$  é necessário que cada indivíduo represente um sistema nebuloso diferente. Nesse contexto, os indivíduos são gerados de acordo com as regras especificadas. Levando em consideração o formato dos conjuntos nebulosos e a metodologia adotada para o refinamento, um indivíduo é composto pela largura dos conjuntos nebulosos dos extremos e pelo centro e largura dos demais conjuntos. Sendo assim, um indivíduo é formado por três partes. Cada parte representa uma função de pertinência conforme mostra a Equação 4, onde os respectivos  $c_i^k$  representam os parâmetros dos conjuntos nebulosos das  $k$  funções de pertinência apresentadas. Como cada função possui 4 conjuntos nebulosos então  $k = 1, 2, 3, 4$ .

$$C_k = (c_1^k, c_2^k, c_3^k, \dots, c_{18}^k) \quad (4)$$

Como os centros dos conjuntos nas extremidades não podem ser alterados os mesmos não fazem parte da representação, ou seja, não existem genes representando esses parâmetros. Dessa forma, cada indivíduo é representado por  $I = C_1 C_2 C_3$ , o que totaliza 18 genes para representar o sistema considerado. Sendo assim, o primeiro indivíduo da população é formado a partir das funções de pertinência do sistema nebuloso original. Os demais indivíduos são gerados aleatoriamente seguindo as regras consideradas.

Com a metodologia de refinamento definida, o algoritmo de ajuste passa a ser: (1) são gerados os indivíduos, onde cada indivíduo representa um sistema; (2) os indivíduos são cruzados e mutados; (3) cada indivíduo é avaliado recebendo como entrada as notas das variáveis e fornecendo o resultado do sistema (grau de portabilidade); (4) o resultado do sistema é comparado com o

resultado esperado, sendo que indivíduos fora das especificações são considerados com  $Aptidão = 0$ ; (5) volta ao passo (2) caso a quantidade de gerações não foi atingida.

#### 4. Resultados e Análise Estatística

O experimento foi realizado em uma máquina Phenom Quadcore de 2.4 Ghz, com 2GB de memória RAM e executando Windows XP. Todos os processos desnecessários foram retirados para a execução dos experimentos. O sistema foi refinado utilizando-se cinco formas de cruzamento e duas formas de mutação. As mutações implementadas foram a não uniforme e a aleatória, representando os experimentos I e II, respectivamente.

Tradicionalmente no cruzamento Linear escolhem-se os dois indivíduos mais promissores para a próxima geração, ou seja, os que apresentam o maior *Aptidão*. Para evitar uma queda no desempenho incluindo mais avaliações no processo de evolução, neste trabalho propõe-se a escolha aleatória dos dois indivíduos que passarão para a próxima geração.

Com relação à análise estatística, para que a amostra aproxime-se de uma distribuição normal foram executados 31 experimentos de cada cruzamento. Os testes realizados são conhecidos como análise de variância, mais popularmente chamados de ANOVA. Detalhes sobre sua utilização podem ser vistos em [13], [2], [3] e [14].

Para a realização de um teste ANOVA o experimento deve ter três propriedades: cada grupo deve ser obtido aleatoriamente, ou seja, as observações devem ser independentes; os dados devem aproximar-se da distribuição normal; e, as variâncias devem ser homogêneas [2]. Neste trabalho todos os testes são independentes, pois não possuem correlação entre eles; como já foi mencionado, cada grupo foi executado 31 vezes, o que aproxima os dados da distribuição normal; e, ANOVA é um teste robusto, pois a diferença nas variâncias geralmente não afeta a confiabilidade do teste [13].

Apesar do teste ANOVA poder identificar variações significativas entre médias, não é possível determinar onde essa diferença ocorre. Essa diferença pode ser verificada através do teste de Tukey [13] [15] com certo grau de significância. Neste trabalho adota-se o teste de Tukey por ser simples e poderoso na comparação entre pares de médias [13]. Além disso, o grau de significância adotado é de 1%.

##### 4.1 Experimento I

O primeiro experimento verifica o aumento da precisão do sistema utilizando as cinco variações de cruzamento consideradas e a mutação não uniforme. O resultado obtido pelo experimento é apresentado na Tabela 2, seguindo a legenda: 1 - Simples, 2 - Linear, 3 - Aritmético Uniforme- $\lambda$ , 4 - Aritmético Não Uniforme e 5 - Heurístico.

Tabela 2: Precisão usando mutação não uniforme

Cruzamento	Melhor	Média	Desvio
Simples	99,9613	98,8329	1,1474
Linear	99,9309	98,5041	1,5561
Aritmético Uniforme	98,4362	91,8340	3,5410
Aritmético Não Uniforme	99,9733	94,6299	3,8588
Heurístico	99,2979	91,8307	4,4498

Pela Tabela 2 observa-se que os cruzamentos que tem um melhor comportamento são os que possuem o menor desvio padrão. Em outras palavras, o valor da melhor precisão obtida aproxima-se da média encontrada. Isso significa que o bom resultado desses cruzamentos não é mero acaso da sorte e sim que uma solução de alta precisão será comumente encontrada. Nesse contexto, destacam-se os cruzamentos: Simples e Linear. O melhor resultado do cruzamento Aritmético Não Uniforme é bastante próximo do melhor resultado do cruzamento Simples. No entanto, eles não possuem o mesmo comportamento, pois o desvio padrão do cruzamento Aritmético Não Uniforme é bem maior. Isso indica que o bom resultado obtido pode nem sempre ser alcançado.

Embora os cruzamentos Simples e Linear se destaquem, apenas com o desvio padrão não é possível realizar uma inferência mais precisa, ou seja, não é possível responder a seguinte questão: estatisticamente a diferença entre as médias encontradas é significativa? Nesse caso, faz-se necessário a utilização da análise de variância, também conhecida como ANOVA. A Tabela 3 mostra a análise de variância dos dados apresentados na Tabela 2. A última coluna apresenta o F crítico ( $F_C$ ), ou seja, o valor máximo de F para aceitar a hipótese nula. Dessa forma, consideram-se as hipóteses a seguir, onde a aceitação de  $H_0$  indica que os cruzamentos considerados possuem desempenho semelhante.

- $H_0$ : as médias são estatisticamente iguais, ou seja,  $\mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_{12}$ ;
- $H_1$ : Existe pelo menos um par cujas médias não são estatisticamente iguais.

Dadas as hipóteses e os resultados da Tabela 3, observa-se que o valor de F é maior que o F crítico ( $F_C$ ), portanto, a hipótese nula ( $H_0$ ) deve ser rejeitada. Outro indicador para a rejeição é o valor de P, quanto menor o valor de P, maior é a probabilidade de rejeitar a hipótese nula. No caso apresentado, a diferença é altamente significativa. Entretanto, não se sabe onde esta a diferença. A Tabela 4 apresenta o teste de Tukey para identificar o Valor Crítico, o qual indica a diferença máxima permitida entre as médias para que as mesmas sejam consideradas estatisticamente iguais. Essa diferença é calculada pela Equação 5, onde  $q$  é obtido por uma tabela estatística,  $MQG$  é o  $MQ$  entre grupos da ANOVA e  $n$  é a quantidade de amostras (execuções).

Tabela 3: ANOVA para mutação não uniforme

Fonte de Variação	SQ	gl	MQ	F	P	$F_C$
Entre Grupos	1459,95	4	364,99	35,80	$5,53 \times 10^{-21}$	3,447
Dentro do Grupo	1529,07	150	10,19			
Total	2989,02	154				

$$V_C = \frac{q \times \sqrt{MQG}}{\sqrt{n}} \quad (5)$$

Tabela 4: Teste de Turkey - Não-Uniforme

MQG	q	n	Valor Crítico ( $V_C$ )
10,19	5,05	31	2,8958

Considerando o resultado do teste de Tukey, a Tabela 5 apresenta onde se encontram as diferenças entre os tipos de cruzamento. Os valores destacados na Tabela 5 representam os pares onde ocorrem as diferenças, ou seja, representam os pares responsáveis pela rejeição de  $H_0$ . Nesse contexto, os mecanismos de cruzamento que possuem o mesmo desempenho são separados em dois grupos: (i) Simples e Linear; e, (ii) Aritmético Uniforme, Aritmético não uniforme e Heurístico. A divisão em grupos permite inferir que as diferenças encontradas nos mecanismos de cruzamento não são estatisticamente significativas dentro de um mesmo grupo. Em outras palavras, qualquer um dos cruzamentos utilizados dentro de um grupo irá encontrar precisões semelhantes. Nesse contexto, pode-se inferir que os operadores de cruzamento do grupo (i) apresentaram um melhor desempenho do que os operadores do grupo (ii).

Tabela 5: Comparação entre cruzamentos - mutação não uniforme

	Linear	Arit. Uniforme	Arit. Ñ Uniforme	Heurístico
Simples	0,329	<b>6,999</b>	<b>4,203</b>	<b>7,002</b>
Linear	-	<b>6,670</b>	<b>3,874</b>	<b>6,673</b>
Arit. Uniforme	-	-	2,796	0,003
Arit. Ñ Uniforme	-	-	-	2,799
Heurístico	-	-	-	-

## 4.2 Experimento II

O Experimento II verifica o aumento de precisão encontrada pelos mecanismos de cruzamento quando a mutação aleatória é utilizada. A Tabela 6 apresenta os resultados obtidos pelos cruzamentos considerados neste trabalho. Pela Tabela, nota-se novamente que os cruzamentos que tiveram menor desvio padrão são os que alcançaram os melhores resultados. Em outras palavras, a diferença entre a média e o melhor resultado é pequena. Isso representa um comportamento mais uniforme fazendo com que o AG encontre sempre soluções bem próximas ao ótimo. Nesse contexto, destacam-se os cruzamentos Simples e Linear.

Tabela 6: Precisão alcançada com a mutação aleatória.

Cruzamento	Melhor	Média	Desvio
Simples	99,8802	99,4653	0,3017
Linear	99,8966	99,4653	0,3678
Aritmético Uniforme	99,7071	92,6992	4,6945
Aritmético Não Uniforme	98,6286	94,8347	2,9695
Heurístico	98,8528	92,4764	4,7988

A Tabela 7 mostra o teste ANOVA para os dados apresentados na Tabela 6, onde se consideram as mesmas hipóteses do Experimento I. Com o resultado da Tabela 7 nota-se novamente que existe pelo menos um par de cruzamentos que não possui médias estatisticamente iguais, pois o valor de  $F$  é maior que o valor  $F_C$ . Além disso,  $P$  apresenta um valor muito pequeno, reforçando a rejeição da hipótese nula.

A Tabela 8 mostra o valor crítico determinado através do teste de Tukey para a comparação entre os pares de cruzamentos. A Tabela 9 apresenta onde estão as diferenças que causaram a rejeição da hipótese nula para a mutação aleatória. Pelos resultados apresentados, os operadores de cruzamento podem ser divididos da mesma forma que no Experimento I, ou seja, no grupo (i) estão os cruzamentos Simples e Linear; e, no grupo (ii) estão os cruzamento Aritmético Uniforme, Aritmético Não Uniforme e Heurístico.

Tabela 7: ANOVA para mutação aleatória

Fonte de Variação	SQ	gl	MQ	F	P	$F_C$
Entre Grupos	4418,74	11	401,70	50,91	$1,43 \times 10^{-66}$	2,30
Dentro do Grupo	2840,98	360	7,89			
Total	7259,72	371				

Tabela 8: Teste de Tukey - Aleatória

MQG	q	n	Valor Crítico
10,82	5,05	31	2,9837

Tabela 9: Comparação entre cruzamentos - mutação aleatória

	Linear	Arit. Uniforme	Arit. Ñ Uniforme	Heurístico
Simple	0,0046	<b>6,770</b>	<b>4,635</b>	<b>6,994</b>
Linear	-	<b>6,766</b>	<b>4,630</b>	<b>6,989</b>
Arit. Uniforme	-	-	2.135	0,230
Arit. Ñ Uniforme	-	-	-	2,359
Heurístico	-	-	-	-

## 5. Discussão

Comparando os resultados obtidos na Tabela 6 com os resultados da Tabela 2, observa-se que os mecanismos de cruzamento que se destacam são os mesmos: Simple e Linear. Entretanto, a mutação aleatória apresentou ligeira melhora no comportamento dos cruzamentos em destaque, pois o desvio padrão é menor. Fazendo uma comparação entre a mutação não uniforme e a mutação aleatória, percebe-se que os mecanismos de cruzamento do Grupo (i) possuem médias relativamente próximas. Nesse contexto, é necessário verificar se essa diferença é significativa, tornando possível inferir se os operadores de mutação tem o mesmo comportamento. Nesse contexto, faz-se um teste-t para os cruzamentos Simple e Linear, diferenciando a forma de mutação. Os testes foram realizados com um nível de significância de 0,01 sendo que as hipóteses são:

- $H_0$ : As médias são estatisticamente iguais;
- $H_1$ : As médias não são estatisticamente iguais.

As Tabelas 10 e 11 apresentam os testes para os cruzamentos Simple e Linear, respectivamente, considerando um grau de significância de 99%. Nas tabelas, observa-se o valor de  $P(T \leq t)$ , sendo que quanto mais próximo de um evidencia-se que não há diferença significativa entre as médias. Outro ponto que evidencia a diferença entre os operadores de mutação é o  $t$  crítico (obtido na tabela estatística de student) igual a 2,75. Isso significa que para rejeitar a hipótese nula  $t$  tem que estar fora do intervalo  $-2,75 \leq t \leq 2,75$  em ambas as comparações. Nesse âmbito, pode-se fazer as seguintes considerações:

Tabela 10: Teste T - Cruzamento Simple

	Mutação Não Uniforme	Mutação Aleatória
Média	98.8329	99.4699
Variância	1.3167	0.0910
Observações	31	31
gl	30	30
<b>t</b>	<b>-2.989155355</b>	-
$P(T \leq t)$	0.004050814	-
<b>t crítico</b>	<b>2.75</b>	-

- No cruzamento Simple a Mutação Aleatória apresenta uma precisão maior que a Mutação Não Uniforme, ou seja, possui um melhor desempenho.
- No cruzamento Linear a Mutação Aleatória mostrou também ser mais eficiente do que a mutação Não Uniforme.
- As mutações que apresentaram melhores resultados são aquelas que apresentaram menor desvio padrão. Isso ocorre porque quanto menor o desvio mais estável é o comportamento do algoritmo.

Tabela 11: Teste T - Cruzamento Linear

	Mutação Não Uniforme	Mutação Aleatória
Média	98.5040	99.4652
Variância	2.4216	0.1338
Observações	31	31
Gl	30	30
<b>t</b>	<b>-3.34783735</b>	-
$P(T \leq t)$	0.001410819	-
<b>t crítico</b>	<b>2.750283014</b>	-

## 6. Conclusões

Neste trabalho apresentou-se uma análise estatística de diversos mecanismos de cruzamento em Algoritmos Genéticos *Real-Coded*. Observou-se também qual é o impacto da mutação Aleatória e da mutação Não Uniforme na utilização dos mecanismos de cruzamentos considerados.

Dentre os mecanismos de cruzamento analisados, os cruzamentos Simples e Linear obtiveram os melhores resultados, sendo que para ambos a mutação Aleatória apresentou um melhor comportamento devido a sua menor variação de oomportamento.

Com relação as mutações utilizadas, percebe-se que nos mecanismos de cruzamento do Grupo (i) o desvio é menor na mutação aleatória. Não obstante, fez-se uma comparação das mutações consideradas utilizando-se um teste-t, validando que a mutação aleatória obteve um melhor desempenho.

Apesar do método estatístico ter sido aplicado apenas a algoritmos genéticos, ele pode ser aplicado à qualquer tipo de comparação entre algoritmos, sejam eles evolutivos ou não, mostrando que o método utilizado é uma ferramenta poderosa de inferência.

Com a avaliação estatística terminada pretende-se estender este trabalho para uma análise multi-variada levando em consideração: o tamanho da população, a probabilidade de cruzamento e a probabilidade de mutação. O objetivo desta análise é a criação de uma forma de predição de desempenho de algoritmos genéticos considerando essas variáveis.

## Referências

- [1] D. G. Montgomery, G. C. Runger and N. F. Hubele. *Estatística Aplicada à Engenharia*. LTC, Rio de Janeiro, second edition, 2004.
- [2] P. A. Barbeta, M. M. Reis and A. C. Bornia. *Estatística para Cursos de Engenharia e Informática*. Atlas, São Paulo, 2004.
- [3] J. C. Laponni. *Estatística Usando Excel*. Campus, Rio de Janeiro, 2005.
- [4] X. Yao, Y. Liu and G. Lin. “Evolutionary programming made faster.” *IEEE Trans. Evolutionary Computation*, vol. 3, no. 2, pp. 82–102, 1999.
- [5] Z. Tu and Y. Lu. “A robust stochastic genetic algorithm (StGA) for global numerical optimization.” *IEEE Trans. Evolutionary Computation*, vol. 8, no. 5, pp. 456–470, 2004.
- [6] S. Baskar and P. Suganthan. “A novel concurrent particle swarm optimization”. In *IEEE Congress on Evolutionary Computation*, volume 1, pp. 792–796, 2004.
- [7] C.-H. Chen, W.-N. Liu and Y.-P. Chen. “Adaptive discretization for probabilistic model building genetic algorithms”. In *Proceedings of the 8th annual IEEE conference on Genetic and evolutionary computation*, pp. 1103–1110, New York, NY, USA, 2006. ACM Press.
- [8] V. L. Huang, A. K. Qin and P. N. Suganthan. “Self-adaptive Differential Evolution Algorithm for Constrained Real-Parameter Optimization”. In *IEEE Congress on Evolutionary Computation*, Vancouver - Canada, 2006.
- [9] M. Ternovoy. “Intellectual control systems fuzzy knowledgebase-building technique”. In *Modern Problems of Radio Engineering, Telecommunications and Computer Science, 2008 Proceedings of International Conference on*, pp. 97–98, feb. 2008.
- [10] L. Yucheng, Y. L., T. L., Y. S. and W. Debiao. “A Method of Synthetic Optimizing Adjustment Based on Fuzzy Genetic Arithmetic for Control of Electric Heater”. In *International Forum on Computer Science-Technology and Applications*, volume 1, pp. 89–92, dec. 2009.
- [11] K. Rajeswari and P. Lakshmi. “PSO Optimized Fuzzy Logic Controller for Active Suspension System”. In *Advances in Recent Technologies in Communication and Computing (ARTCom), 2010 International Conference on*, pp. 278–283, oct. 2010.

- [12] O. A. C. Cortes. “Um Sistema Nebuloso Evolutivo para Determinar o Grau de Portabilidade de Benchmarks Paralelos”. Tese de doutorado, ICMC-USP, São Carlos - SP, 2004.
- [13] W. C. Scheffler. *Statistics: Concept and Applications*. The Benjamin/Cummings Publishing Company, California, 1988.
- [14] M. Baron. *Probability and Statistics for Computer Scientists*. Chapman & Hall/CRC, 2010.
- [15] R. Bisquerra, J. C. SARRIERA and F. Martínez. *Introdução à Estatística: Enfoque Informático com o Pacote Estatístico SPSS*. Artmed, Porto Alegre, 2004.