

**LEANDERSON ANDRÉ**

**MODELAGEM DE RELAÇÕES SIMBIÓTICAS EM UM  
ECOSSISTEMA COMPUTACIONAL PARA  
OTIMIZAÇÃO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Computação Aplicada da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Computação Aplicada.

Orientador: Rafael Stubs Parpinelli

**JOINVILLE, SC**  
**2015**

A555m	<p>Andre, Leanderson Modelagem de relações simbióticas em um ecossistema computacional para otimização / Leanderson Andre. – 2015. 97 p. : il. ; 21 cm</p> <p>Orientador: Rafael Stubs Parpinelli Bibliografia: p. 91-97 Dissertação(mestrado) – Universidade do Estado de Santa Catarina, Centro de Ciências Tecnológicas, Programa de Pós-Graduação em Computação Aplicada, Joinville, 2015.</p> <p>1. Computação aplicada. 2. Otimização. 3. Ecossistema Computacional. 4. Relações Simbióticas. I. Parpinelli, Rafael Stubs. II. Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Computação Aplicada. III. Título</p>
.	CDD 006.35 – 23. ed.

**“MODELAGEM DE RELAÇÕES SIMBIÓTICAS EM UM ECOSISTEMA  
COMPUTACIONAL PARA OTIMIZAÇÃO”**

por

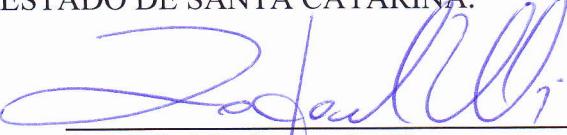
**LEANDERSON ANDRÉ**

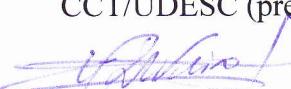
Esta dissertação foi julgada adequada para a obtenção do título de

**MESTRE EM COMPUTAÇÃO APLICADA**

área de concentração em “Ciência da Computação”,  
e aprovada em sua forma final pelo

MESTRADO ACADÊMICO COMPUTAÇÃO APLICADA  
CENTRO DE CIÊNCIAS TECNOLÓGICAS DA  
UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA.

  
Dr. Rafael Stubs Parpinelli  
CCT/UDESC (presidente/orientador)

  
Dr. Wagner Rodrigo Weinert  
IFPR

  
Dr. Chidambaram Chidambaram  
CCT/UDESC

Banca Examinadora:

Joinville, 27 de agosto de 2015.

*Dedico este trabalho primeiramente ao Deus vivo, pelo seu grande amor. Dedico aos meus pais, familiares e amigos pelo incentivo, cooperação e apoio. Dedico a todos aqueles que desejam superar os seus desafios.*

## Agradecimentos

Agradeço a Deus, por sua presença em todos os momentos da minha vida. Aos meus pais, Cirilio Andrino André e Rosângela André, por me apoiarem em todos os momentos e ensinarem o valor do conhecimento. Ao meu irmão Alexsandro André e sobrinha Maria Eduarda Lourenço André pela compreensão.

Ao meu orientador, Professor Dr. Rafael Stubs Parpinelli, por aceitar este desafio e acreditar em minha capacidade pessoal de realização. Agradeço por sua orientação e bons ensinamentos transmitidos através de sua experiência profissional, principalmente nos momentos de dificuldades, pela proposta de trabalho e todas as contribuições e adequações ao trabalho.

À FAPESC, pelo auxílio financeiro durante a realização do trabalho.

À UDESC-PPGCA, por proporcionarem a oportunidade de aperfeiçoamento através da aquisição e geração de conhecimento.

Aos professores e colegas do UDESC-PPGCA, pelos auxílios prestados e amizade durante o período de convivência no campus.

Ao grupo CoCA, pelas experiências adquiridas através das sessões de *brainstorm*.

E a todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

*“Observe a formiga, preguiçoso, reflita nos caminhos dela e seja sábio!”*  
*(Bíblia Sagrada, NVI, Provérbios 6:6)*

## RESUMO

ANDRE, Leanderson. **Modelagem de Relações Simbióticas em um Ecossistema Computacional para Otimização.** 2015. 97 p. Dissertação (Mestrado em Computação Aplicada - Área: Sistemas de Computação). Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Computação Aplicada. Joinville, 2015.

A Natureza apresenta uma grande variedade de fenômenos que inspiram o desenvolvimento de novas tecnologias. Os pesquisadores da área de Computação Natural abstraem o conceito de otimização de vários processos biológicos, tais como a evolução das espécies, comportamento de grupos sociais, busca por comida, dentre outros. Tais sistemas computacionais que apresentam uma semelhança com os sistemas biológicos naturais são chamados de biologicamente plausíveis. O desenvolvimento de algoritmos biologicamente plausíveis se torna interessante pelo fato de que os sistemas biológicos são capazes de lidar com problemas extremamente complexos. As relações simbióticas são um dos vários fenômenos que podem ser observados na natureza. Essas relações consistem de interações que organismos realizam entre si resultando em benefícios ou prejuízos para os envolvidos. Em um contexto de otimização, as relações simbióticas podem ser utilizadas para realizar a troca de informação entre populações de soluções candidatas para um dado problema. Desta forma, este trabalho destaca os conceitos que envolvem as relações simbióticas que podem ser importantes para o desenvolvimento de sistemas computacionais para a resolução de problemas complexos. A principal discussão apresentada nesse trabalho refere-se a utilização de relações simbióticas entre populações de soluções candidatas, coevoluindo em um contexto ecológico. Com essa analogia, cada população interage com uma outra de acordo com uma relação simbiótica específica, com o objetivo de evoluir suas soluções. O modelo apresentado é aplicado a várias funções benchmark contínuas com um número alto de dimensões ( $D = 200$ ) e várias instâncias benchmark do problema da mochila múltipla. Os resultados obtidos se mostraram promissores considerando a aplicação das relações simbióticas. Por fim, as conclusões são apresentadas e algumas direções para pesquisas futuras são sugeridas.

**Palavras-chaves:** Otimização; Ecossistema Computacional; Relações Simbióticas; Problema da Mochila Multidimensional; Funções *Benchmark*.

## ABSTRACT

Nature offers a wide range of phenomena that inspire the development of new technologies. The researchers from the area of Natural Computing abstracts the concept of optimization from various biological processes such as the evolution of species, the behavior of social groups, the search for food, among others. Such computer systems that have a similarity to natural biological systems are called biologically plausible. The development of biologically plausible algorithms gets interesting by the fact that biological systems are able to handle extremely complex problems. In this way, symbiotic relationships are one of several phenomena that can be observed in nature. These relationships consist of interactions that organisms carry out with each other resulting in benefit or disadvantage to those involved. In an optimization context, symbiotic relationships can be used to perform exchange of information between populations of candidate solutions to a given problem. Thus, this work highlights the concepts involving symbiotic relationships that may be important for the development of computer systems to solve complex problems. The main discussion presented in this study refers to the use of symbiotic relationships between populations of candidate solutions co-evolving in an ecological context. According to the analogy, populations interact with each other according to a specific symbiotic relationship in order to evolve their solutions. The proposed model is applied to several continuous benchmark functions with a high number of dimensions ( $D = 200$ ) and in several benchmark instances of the multiple knapsack problem. The results obtained so far were promising concerning the application of symbiotic relationships. Finally, the conclusions are presented and some future directions for research are suggested.

**Key-words:** Optimization; Computational Ecosystem; Symbiotic Relationships; Multiple Knapsack Problem; Benchmark Functions.

# **Lista de ilustrações**

Figura 1 – Conjunto dos algoritmos inspirados na natureza. . . . .	20
Figura 2 – Visão de um ecossistema para otimização. Nível inferior: Espaço de busca dependente do problema que define a hipersuperfície. Nível intermediário: Topologias de comunicação intra-habitats onde cada pequeno círculo representa uma população. Nível superior: Cinco habitats conectados através da topologia de comunicação inter-habitats. . . . .	29
Figura 3 – Um exemplo de ecossistema aquático . . . . .	33
Figura 4 – Taxonomia para Ajuste de Parâmetros. . . . .	47
Figura 5 – Fronte de Pareto para cada relação simbiótica . . . . .	50
Figura 6 – Função Griewank 2D . . . . .	52
Figura 7 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por mutualismo . . . . .	54
Figura 8 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por esclavagismo . . . . .	54
Figura 9 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por altruísmo . . . . .	55
Figura 10 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por competição . . . . .	55
Figura 11 – Pares de indivíduos não dominados a cada ECO-STEP utilizando a relação de competição . . . . .	56
Figura 12 – Uma ilustração do MKP . . . . .	58
Figura 13 – Comportamento das probabilidades adaptativas para taxa de recombinação ( <i>PR</i> ). . . . .	64
Figura 14 – Comportamento das probabilidades adaptativas para taxa de mutação ( <i>MUT</i> ). . . . .	64
Figura 15 – Gráfico de convergência para a instância PET7 . . . . .	65
Figura 16 – Exemplo de uma solução candidata com codificação binária . . . . .	65
Figura 17 – Exemplo de uma solução candidata com codificação com números reais . . . . .	65
Figura 18 – Média de avaliações para atingir o ponto ótimo com o BDE . . . . .	69
Figura 19 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a instância PB1 com o BDE . . . . .	69
Figura 20 – Média de avaliações para atingir o ponto ótimo com o aBDE . . . . .	72
Figura 21 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a instância PB1 com o aBDE . . . . .	72
Figura 22 – Performance de cada abordagem comparada com o ECO <sub>M</sub> . . . . .	76
Figura 23 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Shifted Griewank . . . . .	78
Figura 24 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Ackley .	79
Figura 25 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Zakharov	80
Figura 26 – Performance de cada abordagem comparada com o ECO <sub>M</sub> . . . . .	82

Figura 27 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Shifted Griewank . . . . .	83
Figura 28 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Ackley .	84
Figura 29 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Zakharov	85

## **Lista de tabelas**

Tabela 1 – Ganhos e perdas individuais nas relações ecológicas . . . . .	36
Tabela 2 – Algoritmos Bio-inspirados . . . . .	46
Tabela 3 – Populações $I$ e $J$ utilizadas na ilustração conceitual . . . . .	53
Tabela 4 – Pareamento dos indivíduos das populações $I$ e $J$ . . . . .	53
Tabela 5 – Média do <i>fitness</i> dos indivíduos dos pares não dominados . . . . .	56
Tabela 6 – Instâncias <i>benchmark</i> para o problema da mochila. . . . .	58
Tabela 7 – Funções Matemáticas . . . . .	59
Tabela 8 – Definição das Funções Matemáticas . . . . .	60
Tabela 9 – Resultados obtidos nas instâncias <i>benchmark</i> do problema da mochila múltipla com BDE . . . . .	68
Tabela 10 – Tempo de execução em segundos para as instâncias do MKP com o BDE	70
Tabela 11 – Resultados obtidos nas instâncias <i>benchmark</i> do problema da mochila múltipla com aBDE . . . . .	71
Tabela 12 – Tempo de execução em segundos para as instâncias do MKP com o aBDE . . . . .	73
Tabela 13 – Resultados obtidos com ECO composto com o algoritmo ABC . . . . .	75
Tabela 14 – Resultados para o teste de Wilcoxon. Pareamento de ECO <sub>M</sub> com os demais. . . . .	77
Tabela 15 – Tempo de execução em segundos para as funções de teste com ABC . . . . .	81
Tabela 16 – Resultados obtidos para as funções de testes com DE . . . . .	81
Tabela 17 – Resultados para o teste de Wilcoxon com o DE . . . . .	82
Tabela 18 – Tempo de execução em segundos para as funções de teste com DE . . . . .	86

## **Lista de abreviaturas e siglas**

ABC	Otimização por Colônias de Abelhas Artificiais
aBDE	Evolução Diferencial Binária Adaptativa
ACO	Otimização por Colônia de Formigas
AFSA	Algoritmo de Cardume Artificial
BA	Algoritmo do Morcego
BDE	Evolução Diferencial Binária
BFO	Otimização por Colônia de Bactérias
DC	<i>Deterministic Crowding</i>
DE	Evolução Diferencial
ECO	Algoritmo de Inspiração Ecológica
ECO <sub>A</sub>	Algoritmo de Inspiração Ecológica com a relação de altruísmo
ECO <sub>C</sub>	Algoritmo de Inspiração Ecológica com a relação de competição
ECO <sub>E</sub>	Algoritmo de Inspiração Ecológica com a relação de esclavagismo
ECO <sub>M</sub>	Algoritmo de Inspiração Ecológica com a relação de mutualismo
ECOTODOS	Algoritmo de Inspiração Ecológica com as relações de altruísmo, competição, esclavagismo e mutualismo
ES	Estratégia Evolutiva
FA	Algoritmo de Vaga-lumes
GA	Algoritmo Genético
GSA	Algoritmo de Busca Gravitacional
MDG	Medida de Diversidade Genotípica
MDF	Medida de Diversidade Fenotípica
MKP	Problema da Mochila Múltipla
PSO	Otimização por Enxame de Partículas
RTS	<i>Restricted Tournament Selection</i>

# Sumário

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO . . . . .</b>	<b>15</b>
1.1	MOTIVAÇÃO . . . . .	18
1.2	OBJETIVO . . . . .	19
1.3	ORGANIZAÇÃO DO TRABALHO . . . . .	19
<b>2</b>	<b>REVISÃO DA LITERATURA . . . . .</b>	<b>20</b>
2.1	ALGORITMOS BIO-INSPIRADOS . . . . .	20
2.1.1	Algoritmos Genéticos . . . . .	21
2.1.2	Estratégia Evolutiva . . . . .	22
2.1.3	Algoritmo de Cardume Artificial . . . . .	22
2.1.4	Algoritmo do Morcego . . . . .	23
2.1.5	Algoritmo de Vaga-lumes . . . . .	23
2.1.6	Otimização por Colônia de Bactérias . . . . .	24
2.1.7	Otimização por Colônia de Formigas . . . . .	24
2.1.8	Otimização por Enxame de Partículas . . . . .	25
2.1.9	Algoritmo de Busca Gravitacional . . . . .	25
2.1.10	Evolução Diferencial . . . . .	25
2.1.11	Otimização por Colônia de Abelhas Artificiais . . . . .	26
2.1.12	Algoritmo de Inspiração Ecológica . . . . .	27
2.1.13	Considerações . . . . .	32
2.2	RELAÇÕES SIMBIÓTICAS . . . . .	32
2.2.1	Trabalhos Correlatos . . . . .	37
2.2.2	Considerações . . . . .	40
2.3	DIVERSIDADE EM ALGORITMOS BIO-INSPIRADOS . . . . .	40
2.3.1	Considerações . . . . .	45
2.4	CONTROLE ONLINE DE PARÂMETROS . . . . .	46
2.4.1	Considerações . . . . .	48
<b>3</b>	<b>MODELO COMPUTACIONAL DE RELAÇÕES SIMBIÓTICAS . . . . .</b>	<b>49</b>
3.1	ILUSTRAÇÃO CONCEITUAL . . . . .	51
<b>4</b>	<b>PROBLEMAS ABORDADOS . . . . .</b>	<b>57</b>
4.1	PROBLEMA DA MOCHILA MÚLTIPLA . . . . .	57
4.2	FUNÇÕES <i>BENCHMARK</i> . . . . .	59
<b>5</b>	<b>EXPERIMENTOS E RESULTADOS . . . . .</b>	<b>61</b>
5.1	ALGORITMOS UTILIZADOS NA COMPARAÇÃO DE RESULTADOS .	61
5.1.1	Evolução Diferencial Binária . . . . .	62

5.1.1.1	Evolução Diferencial Binária Adaptativa . . . . .	62
5.2	CODIFICAÇÃO DAS SOLUÇÕES CANDIDATAS . . . . .	65
5.3	CONFIGURAÇÃO DE PARÂMETROS E TESTES ESTATÍSTICOS .	66
5.4	RESULTADOS E ANÁLISES . . . . .	66
5.4.1	Problema da Mochila Múltipla . . . . .	67
5.4.2	Funções <i>Benchmark</i> . . . . .	73
<b>6</b>	<b>CONCLUSÃO</b> . . . . .	<b>87</b>
6.1	TRABALHOS PUBLICADOS . . . . .	89
6.2	TRABALHOS FUTUROS . . . . .	89
<b>Referências</b> . . . . .		<b>91</b>

# 1 INTRODUÇÃO

A Natureza tem se mostrado uma fonte inesgotável de inspiração para o desenvolvimento de novas tecnologias. A partir de observações e da compreensão de fenômenos naturais, variadas tecnologias foram desenvolvidas para diferentes aplicações (ROZENBERG; BCK; KOK, 2011). Por exemplo, foram desenvolvidos os sonares inspirados na ecolocalização dos morcegos, os submarinos inspirados nos peixes, os aviões inspirados nos pássaros, entre outros (CASTRO, 2006). Da mesma maneira, a Natureza também tem inspirado o desenvolvimento de algoritmos para otimização. Estes algoritmos são reconhecidos como abordagens eficientes para resolução de diversos problemas difíceis de otimização (BOUSSAID; LEPAGNOT; SIARRY, 2013). Tais algoritmos estão inseridos na grande área de pesquisa conhecida como Computação Natural.

A Computação Natural é dividida em três áreas de pesquisas: A Biologia inspirada na Computação, a Bio-Computação e a Computação inspirada na Natureza (CASTRO, 2006). A Biologia inspirada na Computação utiliza métodos computacionais para estudar e compreender os fenômenos e processos biológicos. A Bio-Computação estuda a utilização de novos materiais naturais para realizar computação. Por último a Computação inspirada na Natureza corresponde ao desenvolvimento de novas técnicas de resolução de problemas com a inspiração na Natureza. Essa área de pesquisa é o foco deste trabalho.

Uma das primeiras meta-heurísticas inspiradas na Natureza, em especial na Biologia, são os Algoritmos Genéticos (*Genetic Algorithm*) (HOLLAND, 1975). O algoritmo genético foi proposto por Holland em 1975 com inspiração na Teoria da Evolução proposta por Darwin, onde indivíduos mais fortes e adaptados têm maior chance de sobreviver e reproduzir. Nesta metáfora, cada indivíduo representa uma solução candidata para o problema e o ambiente representa o espaço de busca do problema. Essencialmente o algoritmo genético simula a evolução dos indivíduos através de processos de seleção, reprodução, *crossover* e mutação. Outros algoritmos que utilizam a Teoria de Evolução como inspiração também foram propostos, formando o grupo de Computação Evolutiva. Alguns algoritmos que pertencem a este grupo são a Programação Genética (*Genetic Programming*) (KOZA, 1992), Estratégia Evolutiva (*Evolution Strategy*) (BÄCK; SCHWEFEL, 1993), Evolução Diferencial (*Differential Evolution*) (STORN; PRICE, 1997), dentre outros (BOUSSAID; LEPAGNOT; SIARRY, 2013).

Outro grupo importante dentro da Computação Natural é a Inteligência de Enxame. Os algoritmos deste grupo se caracterizam pela inspiração principalmente no comportamento coletivo de insetos sociais como formigas, abelhas, cupins e também de animais como peixes e pássaros (PARPINELLI; LOPES, 2011b). Este grupo surgiu a partir da proposta do algoritmo de colônias de formigas (*Ant Colony Optimization*) (DORIGO; CARO, 1999). O algoritmo é inspirado pelo comportamento emergente das formigas em

encontrar o menor caminho entre uma fonte de alimento e seu ninho. Outros algoritmos que pertencem ao grupo de Inteligência de Enxame são a Otimização por Enxame de Partículas(*Particle Swarm Optimization*) (KENNEDY; EBERHART, 1995), Otimização por Colônias de Abelhas Artificiais (*Artificial Bee Colony*)(KARABOGA; AKAY, 2009), dentre outros (PARPINELLI; LOPES, 2011b).

Como pode-se observar, existe diversos algoritmos inspirados na Natureza. Fister (FISTER JR. et al., 2013) apresentou uma breve revisão dos algoritmos e uma maneira de classificar a partir da sua fonte de inspiração. As principais fontes de inspiração são a inteligência de enxame, os sistemas biológicos e a física e química. Logo, o comportamento de busca pela solução ótima é diferente para cada algoritmo e escolher um algoritmo para aplicar em um determinado problema não é uma tarefa trivial. De acordo com o Teorema da Inexistência do Almoço Grátis (*No Free Lunch Theorem*) (WOLPERT; MACREADY, 1997) não é possível determinar que um algoritmo seja melhor que um outro sem definir um conjunto finito de problemas.

Apesar dos algoritmos bio-inspirados serem eficientes e capazes de encontrar boas soluções para muitos problemas reais, eles tendem a perder a eficiência quando aplicados a problemas com grandes dimensionalidades e complexos. Esta característica indesejável que afeta muitos dos algoritmos é conhecida por “maldição da dimensionalidade” (*curse of dimensionality*) (BELLMAN, 2003). Isso ocorre devido ao crescimento exponencial do espaço de busca de acordo com as dimensões do problema e também pelo fato que as características do problema podem se alterar de acordo com a quantidade de dimensões. Desta forma é necessário desenvolver novas estratégias de otimização para explorar de maneira mais eficiente o espaço de busca e para prover boas soluções em um tempo factível.

Uma forma de obter um *framework* de otimização mais robusto e eficiente é a utilização de diferentes algoritmos bio-inspirados de maneira cooperativa (CORREIA, 2010). As estratégias de busca cooperativa envolvem conceitos de paralelismo e hibridismo onde um conjunto de algoritmos potenciais para otimização são utilizados em paralelo, compartilhando informações durante a execução (EL-ABD; KAMEL, 2005). Estas estratégias podem ser relacionadas diretamente com os ecossistemas biológicos, onde diferentes espécies interagem uma com as outras gerando a coevolução. A coevolução é a evolução simultânea de duas ou mais espécies que tem um relacionamento próximo. Durante o processo evolutivo a coevolução possui um papel importante por influenciar a evolução das espécies envolvidas. Um exemplo de coevolução poder ser observado entre os parasitas e hospedeiros. O parasita evolui para penetrar no hospedeiro enquanto o hospedeiro evolui para impedir a ação do parasita. A coevolução biológica inspirou o desenvolvimento de algoritmos coevolutivos, onde duas ou mais populações de indivíduos, cada um se adaptando

com as mudanças dos outros, constantemente interagem e co-evoluem simultaneamente (BOUSSAID; LEPAGNOT; SIARRY, 2013). Há duas formas diferentes de coevolução: a competitiva e cooperativa.

Na coevolução competitiva, diferentes populações competem em resolver o problema global e os indivíduos são recompensados em detrimento daqueles com os quais elas interagem. Em outras palavras, o sucesso de uma população depende da falha de outra. Na coevolução cooperativa, as várias populações isoladas são co-evoluídas cooperativamente para resolver o problema. A cooperação pode ocorrer de diferentes maneiras, desde uma fraca relação até populações interdependentes que se assemelham a relações simbióticas (CORREIA, 2010).

As relações simbióticas são interações que os indivíduos realizam uns com os outros no ecossistema. As relações observadas na Natureza são diversas, como mutualismo, amensalismo, predadismo, sociedade, entre outros. A modelagem das relações simbióticas em algoritmos de otimização podem melhorar a sua performance, permitindo que diferentes populações possam interagir, trocar informações e consequentemente coevoluir (CORREIA, 2010). A modelagem das relações simbióticas dá uma maior plausibilidade biológica para os algoritmos, ou seja, torna o algoritmo mais semelhante aos sistemas biológicos naturais. Uma maior plausibilidade biológica nos algoritmos pode incrementar a performance destes, devido ao fato que os sistemas biológicos naturais são capazes de lidar com problemas complexos (PARPINELLI; LOPES, 2012). Explorar a aplicação de diferentes relações simbióticas é o foco deste trabalho.

As relações simbióticas são possíveis na Natureza devido existir uma grande diversidade de espécies. A preservação da diversidade possui um papel importante para os ecossistemas e apresenta algumas vantagens (HARPER, 2010). Um alto nível de diversidade produz habilidades que permitem populações ou espécies reagir contra as adversidades, como doenças, parasitas e predadores. Um nível adequado de diversidade permite populações ou espécies se adaptar às mudanças do ambiente. Um baixo nível de diversidade tem a tendência de limitar tais habilidades podendo levar até a extinção de espécies.

Um algoritmo pode ser bem sucedido na otimização de um determinado problema se ele for capaz de prover um bom equilíbrio entre diversificação e intensificação (BOUSSAID; LEPAGNOT; SIARRY, 2013). A diversificação refere-se à exploração global, ou seja, explorar o máximo possível do espaço de busca e identificar áreas promissoras com soluções de alta qualidade. A intensificação refere-se à exploração local, mais intensiva em uma área promissora do espaço de busca. Nos algoritmos de otimização a diversidade das soluções permite uma melhor exploração do espaço de busca e ajuda encontrar vários ótimos globais e locais. Já a baixa diversidade das soluções pode levar a estagnação da otimização em um ponto local do espaço de busca. Este problema também é conhecido

por convergência prematura. A informação sobre a diversidade das soluções durante o processo de otimização pode ser utilizada para ajustar os parâmetros do algoritmo (ALETI; MOSER, 2013).

Os parâmetros de configuração possuem um papel fundamental nos algoritmos, por controlarem a sua execução e influenciarem no direcionamento da busca por regiões promissoras no espaço de busca. Consequentemente, os parâmetros afetam a diversidade das soluções. Encontrar a configuração de parâmetros mais promissora não é uma tarefa trivial e gera um problema de otimização dentro do problema sendo otimizado. Há duas maneiras de ajustar os parâmetros (EIBEN; HINTERDING; MICHALEWICZ, 1999). A primeira conhecida como ajuste *offline* (*Parameter Tuning*), que é realizada antes da utilização do algoritmo e os valores se mantém fixos durante toda a execução. A segunda maneira é conhecida como ajuste *online* ou controle *online* (*Parameter Control*), onde os valores se alteram durante a execução.

Portanto, a principal discussão apresentada nesse trabalho relata a utilização de relações simbióticas entre populações de soluções candidatas, coevoluindo em um contexto ecológico. Com essa analogia, cada população irá interagir com uma outra de acordo com uma relação simbiótica específica, com o objetivo de evoluir suas soluções candidatas. A performance do modelo proposto será analisada na aplicação em funções matemáticas de *benchmarks* (otimização contínua) e o problema da mochila múltipla (otimização binária).

## 1.1 MOTIVAÇÃO

A principal motivação do trabalho aqui desenvolvido é entender melhor os conceitos e teorias envolvidas nas relações simbióticas, a fim de promover o desenvolvimento de algoritmos de otimização com uma maior plausibilidade biológica. Dessa forma, o algoritmo é classificado como biologicamente plausível se tiver alguma associação admissível e consistente com o conhecimento atual sobre o processo biológico sendo explorado. Por isso, a utilização dos conceitos e processos envolvidos nas relações simbióticas pode ser uma fonte de inspiração, com diversas possibilidades interessantes para o desenvolvimento de ferramentas computacionais.

Os problemas do mundo real apresentam um alto grau de complexidade e são não determinísticos, dinâmicos, não lineares, multi-objetivos e possuem uma alta dimensionalidade. O desenvolvimento de um modelo robusto capaz de lidar com problemas que apresentam pelo menos uma dessas características é outra motivação desse trabalho.

## 1.2 OBJETIVO

O objetivo geral desse trabalho é destacar as principais propriedades das relações simbióticas que podem ser importantes para a construção de ferramentas computacionais com uma maior plausibilidade biológica para a resolução de problemas complexos.

O primeiro objetivo específico é a revisão teórica da literatura, que envolve a conceitualização das relações simbióticas encontradas na Natureza, a revisão dos algoritmos bio-inspirados, a importância da diversidade no processo da otimização e o controle *online* de parâmetros. O segundo objetivo específico é a definição de um modelo computacional inspirado nas relações simbióticas para ser utilizado nas meta-heurísticas.

O último objetivo a ser alcançado nesse trabalho é a aplicação do modelo proposto de relações simbióticas no algoritmo de inspiração ecológica (PARPINELLI; LOPES, 2011a) e comparar os resultados obtidos com a sua respectiva versão canônica. Duas classes de problemas serão utilizadas para avaliar a performance do modelo proposto: o problema de mochilas múltiplas de otimização binária e as funções *benchmarks* de otimização contínua.

## 1.3 ORGANIZAÇÃO DO TRABALHO

As próximas seções estão organizadas da seguinte maneira: A Seção 2 apresenta a revisão da literatura sobre os principais tópicos para uma melhor compreensão teórica sobre o tema abordado. Os tópicos envolvem os algoritmos bio-inspirados abordados neste trabalho, os conceitos envolvendo ecossistemas e relações simbióticas, a fundamentação teórica sobre a importância da diversidade de soluções e o controle *online* de parâmetros; Na Seção 3 descreve em detalhes o desenvolvimento do algoritmo aqui proposto; Na Seção 4 é apresentado os problemas abordados de otimização contínua, as funções matemáticas de *benchmarks* e de otimização binária, o problema de mochila múltiplas; A Seção 5 apresenta as configurações dos experimentos realizados; Também nessa seção relatam-se os resultados obtidos e algumas discussões; E finalmente, a Seção 6 apresenta as conclusões e trabalhos futuros.

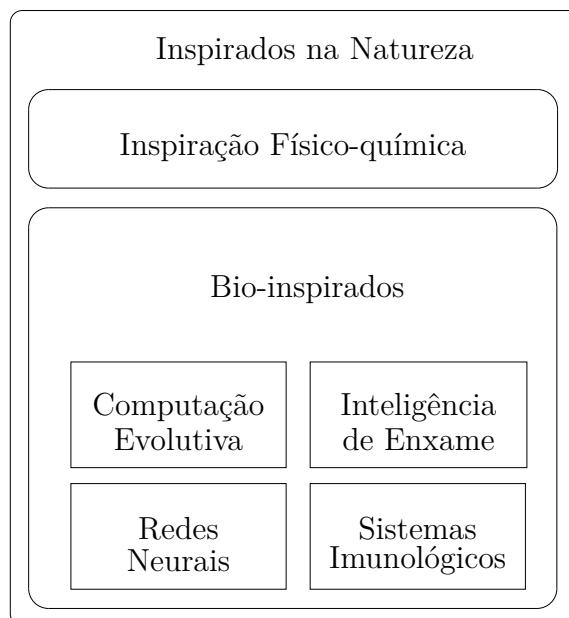
## 2 REVISÃO DA LITERATURA

Nessa seção é apresentada uma sólida fundamentação teórica que é necessária para a compreensão do trabalho desenvolvido. Na sequência é apresentada uma revisão dos algoritmos bio-inspirados, a conceitualização das relações simbióticas observadas na Natureza, a importância da diversidade das soluções no processo de otimização e finalmente o controle *online* de parâmetros.

### 2.1 ALGORITMOS BIO-INSPIRADOS

A partir da sua fonte de inspiração é possível classificar os algoritmos de otimização em diferentes grupos. Na Figura 1 tem-se a distribuição dos grupos de algoritmos que são inspirados na natureza (FISTER JR. et al., 2013).

Figura 1 – Conjunto dos algoritmos inspirados na natureza.



Fonte: Adaptado de Fister (FISTER JR. et al., 2013).

Os algoritmos inspirados por sistemas físico-químicos são aqueles que foram projetados para reproduzir o comportamento e as características de certas leis da química ou da física, incluindo a gravidade, cargas elétricas, sistemas fluviais, entre outros. Neste grupo tem-se algoritmos como *Big Bang-Big Crunch Optimization* (EROL; EKSIN, 2006), otimização inspirado em buraco negro (*Black Hole Optimization*) (HATAMLOU, 2013), arrefecimento simulado (*Simulated Annealing*) (KIRKPATRICK; GELATT; VECCHI, 1983), busca harmônica (*Harmony Search*) (GEEM; KIM; LOGANATHAN, 2001) dentre outros (FISTER JR. et al., 2013).

Os algoritmos baseados em sistemas biológicos, ou bio-inspirados são aqueles que são inspirados por características oriundas da Biologia. Nesta categoria encontram-se, por exemplo, as Redes Neurais Artificiais (HAMZA; KAMEL; SHAMS, 2013), os Sistemas Imunológicos Artificiais (DASGUPTA; YU; NINO, 2011), a Computação Evolutiva (JONG, 2006) e a Inteligência de Enxame (PARPINELLI; LOPES, 2011b), sendo os dois últimos o foco deste trabalho dada a grande variedade de algoritmos de otimização.

A Computação evolutiva é baseada na lei da evolução natural de Darwin, onde indivíduos de uma população lutam pela sobrevivência e apenas os indivíduos mais fortes e adaptados têm a maior possibilidade de sobreviver e dar continuidade à sua espécie. Neste domínio encontram-se os Algoritmos Genéticos (*Genetic Algorithm*) (JONG, 2006), evolução diferencial (*Differential Evolution*) (STORN; PRICE, 1997), estratégia evolutiva (*Evolutionary Strategy*) (BÄCK; SCHWEFEL, 1993), algoritmos coevolutivos (*Coevolutionary Algorithms*) (BOUSSAID; LEPAGNOT; SIARRY, 2013) e coevolutivos com inspiração ecológica (*Eco-inspired Evolutionary Algorithm*) (PARPINELLI; LOPES, 2011a).

Os algoritmos de Inteligência de Enxame são baseados no comportamento social e coletivo de insetos, como formigas, cupins, abelhas e agrupamentos de peixes ou aves. A inteligência destes sistemas encontra-se no comportamento coletivo dos indivíduos que é gerado através de pequenas interações individuais e é chamado de comportamento emergente. Neste grupo encontram-se a otimização por colônia de formigas (*Ant Colony Optimization*) (DORIGO; CARO, 1999), otimização por colônia de abelhas artificiais (*Artificial Bee Colony*) (KARABOGA, 2005), algoritmo de cardume artificial (*Artificial Fish School Algorithm*) (NESHAT et al., 2012), otimização por colônia de bactérias (*Bacterial Foraging Optimization*) (PASSINO, 2002), algoritmo do morcego (*Bat Algorithm*) (YANG, 2010b), algoritmo de vaga-lumes (*Firefly Algorithm*) (YANG, 2010a), otimização por enxame de partículas (*Particle Swarm Optimization*) (KENNEDY; EBERHART; SHI, 2001), dentre outros (KRAUSE et al., 2013; PARPINELLI; LOPES, 2011b).

Na sequência são descritos os principais algoritmos bio-inspirados encontrados na literatura. O Algoritmo de Inspiração Ecológica, o Algoritmo de Evolução Diferencial e o Algoritmo de Otimização por Colônia de Abelhas Artificiais se apresentam mais detalhados que os demais por serem empregados diretamente neste estudo.

### 2.1.1 Algoritmos Genéticos

Os algoritmos genéticos (*Genetics Algorithms - GA*) são um dos algoritmos mais conhecidos e mais utilizados da Computação Evolutiva e foi proposto por John Holland em 1975 (DAVIS et al., 1991). A grande inspiração que originou os GAs é a evolução das espécies baseado na teoria da evolução de Darwin. Na natureza, indivíduos de diferentes

populações competem entre si para sobreviver. Segundo a seleção natural, os indivíduos mais fortes e mais bem adaptados ao ambiente têm maiores chances de sobrevivência e de dar continuidade à sua espécie. Desta maneira os GAs utilizam os conceitos da evolução como um processo inteligente de otimização na busca de boas soluções.

O *crossover* simula a reprodução gerando filhos com a combinação de indivíduos previamente selecionados. Em cada indivíduo filho gerado é aplicado o operador de mutação. A mutação é responsável pela diversificação e o *crossover* pela intensificação da busca. Os parâmetros do GA são: o tamanho da população (*POP*), a probabilidade de *crossover* (*CR*), a probabilidade de mutação (*MUT*) e o tamanho do torneio (*K*) quando utilizado a seleção por torneio.

### 2.1.2 Estratégia Evolutiva

A estratégia evolutiva (*Evolution Strategy - ES*) foi proposta por Rechenberg e desenvolvida por Schwefel (BEYER; SCHWEFEL, 2002) nos anos 60. O primeiro algoritmo de ES possui um simples mecanismo de mutação e seleção e é chamado de ES com dois membros ou (1+1)-ES. Este modelo trabalha com um indivíduo, que gera um filho através de uma mutação a cada geração. Estes dois indivíduos são comparados em relação ao seu *fitness* e é eliminado o pior indivíduo. Este ciclo se repete até um determinado critério de parada. Outros modelos de ES com população de indivíduos foram propostos, como em  $(\mu + \lambda)$ -ES e  $(\mu, \lambda)$ -ES permitindo a utilização do operador de *crossover*. No primeiro modelo,  $\mu$  indivíduos geram  $\lambda$  filhos, criando uma população temporária de  $(\mu + \lambda)$  indivíduos. A partir desta população temporária é realizada a seleção de  $\mu$  indivíduos para a próxima geração. No modelo  $(\mu, \lambda)$ -ES, tem-se  $\mu < \lambda$ , onde os  $\mu$  indivíduos geram  $\lambda$  filhos e a população da próxima geração é formada apenas pelos indivíduos do conjunto  $\lambda$ . Outras versões do ES com população de indivíduos são os  $(\mu/\rho+\lambda)$ -ES e  $(\mu/\rho,\lambda)$ -ES. Nestas versões, o parâmetro  $\rho$  refere-se ao número de indivíduos envolvidos na geração de um novo indivíduo. Além dos parâmetros  $\mu$ ,  $\lambda$  e  $\rho$  citados acima, o ES possui o parâmetro  $\delta$  que é a variância da mutação, chamado também de passo de mutação (*mutation step*). No ES o *crossover* é responsável pela diversificação e a mutação pela intensificação.

### 2.1.3 Algoritmo de Cardume Artificial

O algoritmo de cardume artificial (*Artificial Fish School Algorithm - AFSA*) foi proposto por Li (LI Z. SHAO, 2002) e tem como inspiração o comportamento dos cardumes dos peixes. Na natureza os peixes podem procurar lugares com uma quantidade maior de alimento de maneira individual ou seguindo outros peixes. Uma área que possui uma maior concentração de peixes, provavelmente é mais nutritiva. Seguindo esta regra, o AFSA

utiliza peixes artificiais que procuram uma solução ótima no espaço de solução (o ambiente em que os peixes artificiais vivem), imitando o comportamento de cardumes dos peixes. Os parâmetros do AFSA são: o tamanho da população (*FishNum*), o número de iterações da busca (*Trynumber*), a influência da visão dos peixes (*Visual*) e o grau de congestionamento dos cardumes ( $\delta$ ). A variável *Step* e o parâmetro *Visual* são responsáveis por manter o equilíbrio entre a intensificação e a diversificação da busca.

### 2.1.4 Algoritmo do Morcego

O algoritmo do morcego (*Bat Algorithm* - BA) foi proposto por Yang (YANG, 2010b). O algoritmo é inspirado no processo de eco-localização dos morcegos utilizado durante o seu voo para detectar presas e evitar obstáculos. A eco-localização se baseia na emissão das ondas ultrassônicas e correspondente medição do tempo gasto para estas ondas voltarem ao ponto de origem após serem refletidas pelo alvo ou obstáculo. A amplitude e o pulso dos sons emitidos pelos morcegos variam de acordo com a estratégia de caça. O controle da diversificação e intensificação do algoritmo é realizado com a variação entre a amplitude e a taxa do pulso de cada morcego. Os parâmetros do BA são: o tamanho da população ( $n$ ), o fator de decaimento da amplitude ( $\alpha$ ) e o fator de incremento da emissão de pulso ( $\gamma$ ). A atualização da taxa de pulso ( $r_i$ ) e a amplitude ( $A_i$ ) equilibra o comportamento de intensificação e diversificação de cada morcego.

### 2.1.5 Algoritmo de Vaga-lumes

O algoritmo de vaga-lumes (*Firefly Algorithm* - FA) foi proposto por Yang (YANG, 2010a). A sua inspiração se encontra no padrão de luminosidade dos vaga-lumes da família *Lampyridae* (Ordem *Coleoptera*). A luz produzida pelo vaga-lume pode servir para atrair parceiros para o acasalamento, alertar do perigo de potenciais predadores e atrair presas. A partir da observação dos vaga-lumes o FA foi projetado utilizando três regras básicas: Os vaga-lumes são atraídos pelos outros, independente de seu sexo; A atratividade para o acasalamento é proporcional a intensidade de luz emitida e diminui à medida que a distância do vaga-lume observador aumenta; A intensidade da luz do vaga-lume é afetada ou determinada pela superfície da função objetivo do problema sendo otimizado. A variável de intensidade da luz ( $\beta_i$ ) de cada vaga-lume, mantém o balanço entre a intensificação e diversificação da busca. Os parâmetros do FA são: o tamanho da população ( $n$ ) e o coeficiente de absorção ( $\gamma$ ).

### 2.1.6 Otimização por Colônia de Bactérias

A otimização por colônia de bactérias (*Bacterial Foraging Optimization* - BFO) foi proposta por Passino (PASSINO, 2002), inspirada no comportamento social de busca por alimento das bactérias *Escherichia coli* (E.coli). Durante o processo de busca a bactéria se move em pequenos passos enquanto procura alimento. Seu movimento é realizado através de um conjunto de filamentos conhecido como flagelos, que ajudam a bactéria se mover em períodos alternados de natação (*swim*) e tombos (*tumble*). A alternância entre estes dois períodos chama-se quimiotaxia. Cada bactéria representa uma solução para o problema. O ambiente fornece o substrato para as bactérias interagirem e é representado pelo espaço de busca sendo otimizado. Quanto melhor for a região do espaço de busca, melhor será o resultado da função objetivo, e consequentemente, melhor será o substrato para as bactérias. A intensificação do espaço de busca é realizada pelos passos reprodutivos e quimiotáticos, enquanto a diversificação é realizada pela fase de dispersão e eliminação. Os parâmetros do BFO são: o tamanho da população ( $S$ ), o número de passos quimiotáticos ( $N_c$ ), o número de etapas de caminhadas ( $N_s$ ), o número de etapas de reprodução ( $N_{re}$ ), o número de etapas de eliminação e dispersão ( $N_{ed}$ ), a probabilidade de eliminação ( $p_{ed}$ ) e o tamanho do passo de cada caminhada ou tombo ( $C(i)$ , para cada bactéria  $i$ ).

### 2.1.7 Otimização por Colônia de Formigas

A otimização por colônia de formigas (*Ant Colony Optimization* - ACO) foi proposta por Dorigo (DORIGO; CARO, 1999). O ACO é inspirado no comportamento de formigas reais na busca de alimentos, onde mesmo com visão debilitada, podem encontrar o caminho mais curto entre a fonte de alimento e sua colônia. A formiga em geral começa sua busca por alimento de forma aleatória e deposita no solo uma substância química chamada feromônio, formando uma trilha. Quando uma formiga encontra uma trilha de feromônio, ela é atraída e tem preferência em seguir as trilhas com maior quantidade desta substância. Por ser uma substância volátil, o feromônio evapora com o passar do tempo. Quanto mais formigas seguem um determinado caminho, mais difícil é o feromônio evaporar e mais atrativo se torna para as próximas formigas que porventura passarem por este caminho. Desta maneira, caminhos longos e poucos utilizados são abandonados levando a definição de caminhos mais curtos entre a fonte de alimento e a colônia. A evaporação de feromônios é responsável pela diversificação da busca enquanto o depósito de feromônios é responsável pela intensificação. Os parâmetros do ACO são: o peso relativo da trilha ( $\alpha$ ), a atratividade da trilha ( $\beta$ ), o tamanho da população ( $m$ ) e a taxa de evaporação dos feromônios ( $\rho$ ).

### 2.1.8 Otimização por Enxame de Partículas

A otimização por enxame de partículas (*Particle Swarm Optimization* - PSO) foi proposta por Kennedy (1995) (KENNEDY; EBERHART, 1995; KENNEDY; EBERHART; SHI, 2001). O PSO tem como inspiração o comportamento coordenado dos movimentos dos pássaros e cardumes de peixes. O algoritmo utiliza uma população de partículas que são geradas de forma aleatória no espaço de busca do problema. Cada partícula é uma solução potencial para o problema, representada por sua velocidade, localização no espaço de busca e uma memória que armazena a sua melhor posição visitada. O movimento de cada partícula depende de sua própria velocidade e da localização das boas soluções encontradas. O equilíbrio entre a intensificação e a diversificação é alcançada no PSO através do peso da inércia. Os parâmetros do PSO são: o tamanho da população ( $N$ ), o peso da inércia ( $\omega$ ) e os coeficientes de aceleração ( $C_1$  e  $C_2$ ).

### 2.1.9 Algoritmo de Busca Gravitacional

O algoritmo de busca gravitacional (*Gravitational Search Algorithm* - GSA) foi proposto por Rashedi (RASHEDI; NEZAMABADI-POUR; SARYAZDI, 2009) e é uma releitura do algoritmo PSO. No GSA, cada objeto representa uma partícula e sua massa representa sua função objetivo. A principal diferença está na comunicação local entre os objetos que é determinada pelas massas. No GSA, cada objeto se torna um atrator. Cada solução potencial do problema é representada como sendo um objeto e sua qualidade é medida pelas suas massas. O equilíbrio entre a intensificação e diversificação no GSA é alcançado através da atualização da variável  $K_{best}$ , que representa a quantidade de objetos com as maiores massas que podem atrair os demais. Os parâmetros do GSA são: a constante gravitacional ( $G_0$ ), o parâmetro de controle da constante gravitacional ( $\alpha$ ) e o tamanho da população ( $POP$ ). O parâmetro  $\alpha$  do GSA controla o poder da diversificação e exploração.

### 2.1.10 Evolução Diferencial

A evolução diferencial (*Differential Evolution* - DE) é uma metaheurística populacional que foi proposta por Storn e Price (STORN; PRICE, 1997). O DE é composto por  $n$  vetores de solução (soluções candidatas). Cada vetor  $\vec{x}_i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{id}]$  de  $d$  dimensões representa uma solução potencial para o problema e cada um deles são avaliados por uma função objetivo  $f(\vec{x}_i)$ ,  $i = 1, \dots, n$ . A idéia básica do DE é utilizar a diferença entre vetores para gerar perturbações na população  $Pop$  para formar uma nova população  $Pop_{temp}$ . Em cada iteração, novos vetores são gerados pela combinação de vetores escolhidos aleatoriamente que são influenciados por uma constante  $F$ . Esta operação, no

contexto da Computação Evolutiva, pode ser referida como uma mutação. O novo vetor é probabilisticamente misturado com um outro predeterminado vetor (ou seja, o vetor alvo) de acordo com o parâmetro  $CR$ . Esta operação pode ser chamada de recombinação. Esta operação produz o vetor chamado *trial* ( $\vec{y}$ ). O vetor *trial* é aceito na próxima iteração se for melhor do que o vetor alvo. Esta operação pode ser vista como uma seleção gulosa. No DE, a diversificação e intensificação da busca são realizados respectivamente pelos operadores de mutação e recombinação. Os parâmetros do DE são: o tamanho da população ( $n$ ), a probabilidade de crossover ( $CR$ ) e o fator de mutação ( $F$ ). O algoritmo do DE canônico é apresentado no Algoritmo 1.

---

**Algoritmo 1** Evolução Diferencial com *rand/1/bin*


---

```

1: Configura os parâmetros :  $n, F, CR$ 
2: Inicializa a população com soluções candidatas aleatórias  $\vec{x}_i$ ;
3: Avalia a população com a função objetivo  $f(\vec{x}_i)$ 
4: enquanto Critério de parada não sastifeito faça {Número máximo de ciclos}
5:    $Pop_{temp} = \emptyset$ 
6:   para  $i = 1$  até  $n$  faça
7:     Selecione aleatoriamente  $r_1, r_2, r_3 \in n$  com  $r_1 \neq r_2 \neq r_3 \neq i$ 
8:     Selecione uma dimensão aleatoriamente  $p \in d$ 
9:     para  $j = 1$  até  $d$  faça
10:    se  $(j == p \vee rand(0, 1) \leq CR)$  então
11:       $y_j = x_{r3,j} + F \cdot (x_{r1,j} - x_{r2,j})$ 
12:    senão
13:       $y_j = x_{ij}$ 
14:    fim se
15:  fim para
16:  Avalia a solução  $\vec{y}$ 
17:  se  $f(\vec{y})$  é melhor do que  $f(\vec{x}_i)$  então
18:     $Pop_{temp} = \vec{y}$ 
19:  senão
20:     $Pop_{temp} = \vec{x}_i$ 
21:  fim se
22: fim para
23:  $Pop = Pop_{temp}$ 
24: Memorize a melhor solução encontrada até o momento;
25: fim enquanto
26: Reportar os resultados obtidos

```

---

### 2.1.11 Otimização por Colônia de Abelhas Artificiais

A otimização por colônia de abelhas artificiais (*Artificial Bee Colony Algorithm* - ABC) é um algoritmo de inteligência de enxame e foi proposto por Karaboga (KARABOGA; AKAY, 2009). O algoritmo consiste em reproduzir a busca de alimentos realizado pelas abelhas. Estas abelhas tem como o objetivo encontrar fontes de alimento (regiões

do espaço de busca) com uma quantidade elevada de néctar. Cada abelha representa uma solução para o problema e consequentemente aponta para uma localidade no espaço de soluções.

O ABC começa com  $n$  soluções (fontes de alimento) de dimensões  $d$  que são modificados pelas abelhas artificiais. Cada solução  $\vec{x}_i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{id}]$  é avaliado por uma função objetivo  $f(\vec{x}_i), i = 1, \dots, n$ . O objetivo das abelhas é descobrir novas fontes de alimento (isto é, regiões no espaço de busca) com alta concentração de néctar (bons valores da função objetivo, que significa boas soluções para o problema). Existe três tipos de abelhas: as abelhas escoteiras (*scout bees*) que vôam livremente pelo espaço de busca sem um guia, as abelhas empregadas (*employed bee*) que exploram a vizinhança de suas localizações selecionando uma solução aleatoriamente para ser perturbada, e as abelhas expectadoras (*onlooker bees*) que utilizam a função objetivo para selecionar probabilisticamente uma solução para explorar a sua vizinhança. Se a quantidade de néctar de uma nova fonte é maior do que a fonte anterior em sua memória, a fonte anterior é substituída pela nova fonte (seleção gulosa). Se a solução não melhorou por um pre-determinado número de tentativas, controlado pelo parâmetro *limit*, esta fonte de alimento é abandonada e a respectiva abelha empregada se torna uma abelha escoteira. O ABC equilibra a diversificação e exploração utilizando as abelhas empregadas e as abelhas expectadoras para realizar a busca local, e as abelhas escoteiras para realizar a busca global, respectivamente. O ABC canônico é apresentado no Algoritmo 2. Os parâmetros do ABC são: o tamanho da população ( $n$ ) e o número de tentativas das abelhas empregadas ( $limit$ ).

### 2.1.12 Algoritmo de Inspiração Ecológica

O algoritmo de inspiração ecológica (*Ecological-inspired Algorithm - ECO*) foi proposto por Parpinelli (PARPINELLI; LOPES, 2011a) e apresenta uma perspectiva ecossistêmica para o desenvolvimento de algoritmos coevolutivos. O ECO é composto por populações de indivíduos, onde cada indivíduo representa uma solução potencial para o problema e cada uma das populações evolui de acordo com uma estratégia de busca. Cada estratégia de busca utiliza os seus próprios parâmetros e mecanismos de intensificação e diversificação para modificar uma população de indivíduos. O ECO pode ser modelado de duas maneiras: homogênea e heterogênea. O modelo homogêneo implica que todas as populações evoluem de acordo com a mesma estratégia de otimização, configurada com os mesmos parâmetros. Qualquer mudança na estratégia ou nos parâmetros de configuração em pelo menos uma população, caracteriza o modelo heterogêneo.

A inspiração ecológica procede da utilização de alguns conceitos ecológicos, tais como: habitats, relações ecológicas e sucessões ecológicas (BEGON; TOWNSEND; HARPER, 2006)(MAY et al., 1981). Um habitat é a atual localização no ambiente em que

---

**Algoritmo 2** Otimização por Colônias de Abelhas Artificiais

---

```

1: Configura os parâmetros :  $n, limit$ 
2: Inicializa a população com soluções candidatas aleatórias  $\vec{x}_i$ ;
3: Avalia a população com a função objetivo  $f(\vec{x}_i)$ 
4:  $count_i = 0$ 
5: enquanto Critério de parada não sastifeito faça {Número máximo de ciclos}
6:   para  $i = 1$  até  $n/2$  faça {Fase das abelhas empregadas}
7:     Seleciona  $k, j$  e  $r$  aleatoriamente com  $k \in \{1, 2, \dots, n\}, j \in \{1, 2, \dots, d\}, r \in [0, 1]$ 
8:      $\vec{v} = \vec{x}_{ij} + r \cdot (\vec{x}_{ij} - \vec{x}_{kj})$ 
9:     Avalia a solução  $\vec{v}$ 
10:    se  $f(\vec{v})$  é melhor do que  $f(\vec{x}_i)$  então
11:      Seleção gulosa
12:    senão
13:       $count_i = count_i + 1$ 
14:    fim se
15:  fim para
16:  para  $i = n/2 + 1$  até  $n$  faça {Fase das abelhas expectadoras}
17:    Calcula a probabilidade de seleção  $P(\vec{x}_k = \frac{f(\vec{x}_k)}{\sum_{k=1}^n f(\vec{x}_k)})$ 
18:    Seleciona a abelha utilizando a probabilidade de seleção
19:    Gera uma nova solução  $\vec{v}$  a partir da abelha selecionada
20:    Avalia a solução  $\vec{v}$ 
21:    se  $f(\vec{v})$  é melhor do que  $f(\vec{x}_i)$  então
22:      Seleção gulosa
23:    senão
24:       $count_i = count_i + 1$ 
25:    fim se
26:  fim para
27:  para  $i = 1$  até  $n$  faça {Fase das abelhas escoteiras}
28:    se  $count_i \geq limit$  então
29:       $\vec{x}_i = random$ 
30:      Avalia a solução  $\vec{x}_i$ 
31:       $count_i = 0$ 
32:    fim se
33:  fim para
34:  Memorize a melhor solução encontrada até o momento;
35: fim enquanto
36: Reportar os resultados obtidos

```

---

um organismo vive e consiste de todos os recursos biológicos e físicos disponíveis. Deste modo, populações que estão dispersas no espaço de busca e que se estabelecem em uma mesma região constituem um habitat ecológico. A superfície do problema de otimização representa o ambiente e, assim como na Natureza, as populações podem se deslocar pelo ambiente e cada pico das superfícies pode se tornar um habitat promissor considerando um problema de maximização. O movimento das populações pode ser observado pelas mudanças nos valores das variáveis que afetam a função  $f(.)$ . Entretanto, uma popula-

ção pode pertencer somente a um habitat em um determinado tempo  $t$ . O ecossistema pode ser composto por vários habitats que podem interagir uns com os outros, como é apresentado na Figura 2.

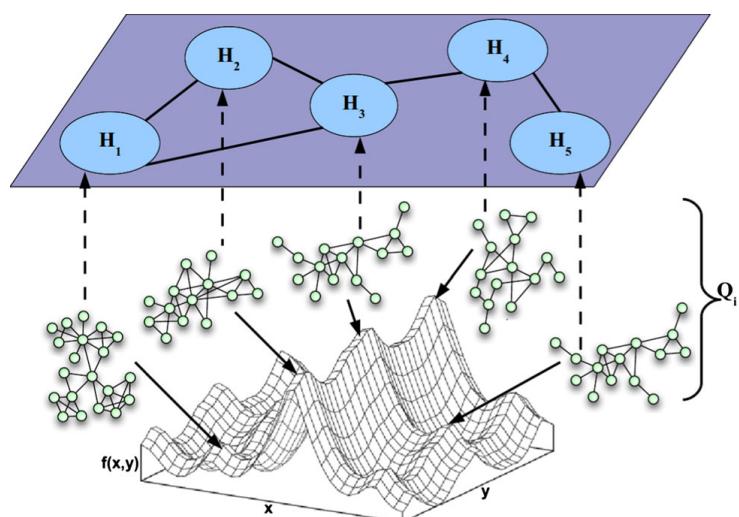
Com a definição dos habitats, dois níveis de relações ecológicas podem acontecer. As relações intra-habitats que ocorrem entre as populações de um mesmo habitat e as relações inter-habitats que ocorrem entre habitats (BEGON; TOWNSEND; HARPER, 2006)(MAY et al., 1981).

No ECO, a relação intra-habitats definida é o acasalamento entre os indivíduos. As populações que pertencem a um mesmo habitat podem estabelecer uma ligação reprodutiva entre os indivíduos, favorecendo a coevolução envolvida através da competição para o acasalamento. As populações que estão inseridas em habitats diferentes estão reprodutivamente isoladas. Um exemplo de cinco topologias de comunicação intra-habitats é apresentado no nível intermediário da Figura 2.

A relação inter-habitats é definida pelas grandes migrações. Indivíduos que pertencem a um determinado habitat podem migrar para outros. O objetivo é identificar áreas promissoras para sua sobrevivência e reprodução. A topologia de comunicação inter-habitats é representada no nível superior da Figura 2.

No contexto do algoritmo de inspiração ecológica, as relações intra-habitats são responsáveis pela intensificação da busca enquanto as relações inter-habitats são responsáveis pela diversificação da busca.

Figura 2 – Visão de um ecossistema para otimização. Nível inferior: Espaço de busca dependente do problema que define a hipersuperfície. Nível intermediário: Topologias de comunicação intra-habitats onde cada pequeno círculo representa uma população. Nível superior: Cinco habitats conectados através da topologia de comunicação inter-habitats.



Fonte: (PARPINELLI; LOPES, 2015)

É importante destacar que o conceito de interações entre populações não é novo. Um exemplo bem conhecido é o modelo em ilha de Algoritmos Genéticos (WHITLEY; RANA; HECKENDORN, 1999) e de outros algoritmos que utilizam o mesmo conceito (por exemplo, PSO (NIU; ZHU; HE, 2005) e ACO (DOERNER et al., 2006)(TWOMEY et al., 2010)). Contudo, a abordagem utilizada no ECO difere dos demais por apresentar um novo nível de abstração para a topologia de comunicação. Existem duas topologias de comunicação diferentes, sendo as comunicações intra e inter-habitats. A diferença entre essas duas topologias pode ser visualmente observada na Figura 2. A formação das topologias é realizada probabilisticamente e é influenciada pela distribuição das populações na superfície da função  $f(.)$ . Pode-se também observar que as topologias não são estáticas e não seguem uma formação padrão como em anel, estrela ou completamente conectadas como realizada pelos modelos em ilhas. As topologias no ECO são dinâmicas, ou seja, em cada momento  $t$  as topologias podem assumir diferentes padrões.

Outra característica importante é que o ECO permite o uso de quaisquer algoritmos de otimização para evoluir as populações de maneira cooperativa. Cada população pode se comportar de acordo com os mecanismos de intensificação e diversificação e ser ajustado pelos parâmetros específicos de cada estratégia de otimização. Por exemplo, o comportamento dos indivíduos podem ser dirigidos pelas estratégias de busca de alimentos das abelhas, pelo movimento coordenado de bandos de pássaros, entre outros.

O Algoritmo 3 apresenta o pseudocódigo do *framework* ecológico. Na linha 1,  $N_{POP}$  e  $NH$  referem-se ao número de populações e habitats, respectivamente. No algoritmo, o ciclo de sucessões ecológicas (linhas 3 ao 12) refere-se as iterações do ecossistema computacional. Na linha 4, o período evolutivo, cada população evolui (gerações/iterações) de acordo com seu próprio critério. A métrica escolhida para definir a região de referência é a centróide e representa o ponto no espaço de busca onde existe maior concentração de indivíduos da população  $i$ . A centroide é calculada pela equação 2.1, onde  $Pop$  representa o número de indivíduos da população e  $\vec{x}_k$  representa um indivíduo (solução candidata).

$$\vec{C} = \frac{\sum_{k=1}^{Pop} \vec{x}_k}{Pop} \quad (2.1)$$

Um conceito chave no *framework* ecológico é a definição de habitats (linha 6). O ECO utiliza um algoritmo de *clustering* hierárquico para configurar os habitats, onde cada *cluster* representa um habitat. Deste modo, os habitats são definidos probabilisticamente considerando a informação da distância devolvida pelo algoritmo de *clustering* (PARPINELLI; LOPES, 2012).

Com os habitats definidos, o próximo passo no Algoritmo 3 (linha 7) é a definição da topologia de comunicação para cada habitat, que é realizada de maneira probabilística.

Para um habitat que é formado por mais de uma população, a comunicação intra-habitats é definida de forma que cada população inserida no habitat escolhe uma outra população para realizar a comunicação. Nesse ponto, a informação de distância influencia diretamente na decisão probabilística. Duas populações que estão próximas no espaço de busca possuem uma maior chance de realizar comunicação enquanto o oposto ocorre quando as populações estão mais distantes.

Uma vez definidas as topologias intra-habitats, a relação ecológica de acasalamento entre as populações adjacentes ocorre (linha 8). Nessa relação, um indivíduo de cada população é escolhido através da seleção por torneio e a troca genética entre os indivíduos é realizada com o objetivo de gerar um novo indivíduo. O novo indivíduo substitui um indivíduo escolhido de forma aleatória na sua população, excetuando-se o melhor indivíduo.

A próxima etapa do algoritmo é a definição da topologia de interações entre os habitats (linha 9) de forma aleatória. Essa topologia é utilizada para realizar a migração ecológica. Nessa relação, para cada habitat uma população é escolhida aleatoriamente. O melhor indivíduo dessa população migra para outro habitat e substitui um indivíduo escolhido aleatoriamente, com exceção do melhor indivíduo (linha 10). Essa relação pode ser vista como predadismo.

O ciclo principal continua até alcançar a quantidade máxima de sucessões ecológicas pré-definidas.

Os parâmetros do ECO são: a quantidade de populações (*N-POP*) que irão coevoluir, o tamanho da população inicial *POP-SIZE*, a quantidade de ciclos de sucessões ecológicas (*ECO-STEP*), o tamanho do período de evolução (*EVO-STEP*) que representa a quantidade de avaliações em cada *ECO-STEP* e o tamanho do torneio (*T-SIZE*) que é utilizado para selecionar as soluções para realizar as comunicações intra-habitats.

---

### **Algoritmo 3** Algoritmo de Inspiração Ecológica - ECO

---

- 1: Considere :  $i = 1, \dots, N-POP$ ,  $j = 1, \dots, NH$  e  $t = 0$ ;
  - 2: Inicialize cada população  $Q_i^t$  com soluções candidatas aleatórias  $\vec{x}_i$ ;
  - 3: **enquanto** Critério de parada não sastifeito **faça** {Ciclos de sucessões ecológicas}
  - 4:   Realizar o período evolutivo de cada população  $Q_i^t$ ;
  - 5:   Identificar a região de referência  $\vec{r}_i$  para cada população  $Q_i^t$ ;
  - 6:   Utilizar os valores  $\vec{r}_i$  para definir os  $NH$  habitats;
  - 7:   Para cada habitat  $H_j^t$  definir a topologia de comunicação  $CT_j^t$  entre as populações  $Q_i^t$ ;
  - 8:   Para cada topologia  $CT_j^t$ , realizar as interações entre as populações  $Q_i^t$ ;
  - 9:   Definir a topologia de comunicação  $TH^t$  entre os habitats  $H_j^t$ ;
  - 10:   Realizar as interações entre  $H_j^t$  habitats de acordo com  $TH^t$ ;
  - 11:   Incrementar  $t$ ;
  - 12: **fim enquanto**
-

### 2.1.13 Considerações

Os algoritmos bio-inspirados apresentados nessa seção podem ser utilizados para evoluir diferentes populações de soluções candidatas. Deste conjunto de algoritmos, foram selecionados o algoritmo de inspiração ecológica (ECO), a otimização por colônias de abelhas artificiais (ABC) e a evolução diferencial (DE). O ECO é um algoritmo coevolutivo que permite a utilização cooperativa de vários algoritmos, sendo o foco de análise deste trabalho. Já os algoritmos de ABC e DE são metaheurísticas que pertencem ao estado da arte e são largamente utilizadas na literatura. O ABC e DE são utilizados com o ECO para evoluir as populações de soluções candidatas.

Uma vez que o ECO é composto por várias populações, é necessário utilizar uma estratégia para realizar a troca de informações entre elas. Para este fim, podem ser utilizadas as relações simbióticas. As relações simbióticas serão aplicadas na linha 8 do Algoritmo 3. Os conceitos que envolvem as relações simbióticas são apresentados na próxima seção.

## 2.2 RELAÇÕES SIMBIÓTICAS

A Ecologia é um campo da Biologia que estuda as interações entre entidades biológicas (biótico) com todos os fatores não biológicos do ambiente (abiótico). Os fatores bióticos são os organismos vivos como as diversas populações de plantas, animais, bactérias e a interação de uma com as outras enquanto os fatores abióticos são as influências externas nos organismos exercidas pelo sol, água, temperatura, gelo, solo, vento, entre outros. Os organismos vivos e seu ambiente estão ligados e interagem entre si (BEGON; TOWNSEND; HARPER, 2006). Raramente os organismos são capazes de viver isolados devido a dependência direta com outros indivíduos para sua sobrevivência. Essa dependência ocorre principalmente na obtenção de alimentos pelos organismos, criando uma teia alimentar complexa conhecida como estrutura trófica dos ecossistemas e consequentemente gera um ciclo de matéria e energia. A estrutura trófica surge a partir da dinâmica das interações dos organismos com o ambiente e entre si. Essas interações podem ser divididas em quatro níveis ecológicos diferentes (BEGON; TOWNSEND; HARPER, 2006):

- Nível de indivíduo: estuda como os indivíduos são afetados e como estes afetam o ambiente;
- Nível de população: estuda o crescimento das populações e os fatores que influenciam seu crescimento;
- Nível de comunidade: estuda as interações entre as espécies e as interações destas com os fatores abióticos do ambiente;

- Nível de ecossistema: além das interações entre as espécies e suas interações com o ambiente, estuda o ciclo de matéria e energia que ocorre entre os componentes biótico e abiótico do ambiente.

O ecossistema é formado pelas comunidades de diferentes organismos que vivem e interagem em uma determinada área e pelos fatores que atuam nestas populações (BEGON; TOWNSEND; HARPER, 2006). Um exemplo de ecossistema aquático é apresentado na Figura 3. Na figura pode-se observar diferentes populações de peixes que formam uma comunidade. A região que um organismo ocupa para viver em um ecossistema é chamado de habitat.

Figura 3 – Um exemplo de ecossistema aquático



Fonte: Disponível em: <http://cdn.camaleao.org/2012/09/recife-dos-corais-no-caribe-a-extincao-do-ecossistema-marinho.jpg>

Os indivíduos de diferentes espécies que habitam no mesmo ecossistema interagem uns com os outros de forma direta ou indireta. Essas interações acabam afetando cada um dos indivíduos de maneira positiva, neutra ou negativa formando uma rede de interações. Deste modo, os indivíduos evoluem e alteram suas relações com os indivíduos ao seu redor. Este processo de evolução de espécies é chamado de coevolução.

As relações ecológicas ou simbóticas definem as diversas formas em que os indivíduos interagem. A simbiose foi definida pelo biólogo alemão Heinrich Anton de Bary (1831-1888) como sendo qualquer situação onde organismos diferentes vivem em conjunto. De acordo com Peacock (PEACOCK, 2011) o que torna uma relação simbótica são as interações que os organismos realizam que afetam diretamente ou indiretamente outros organismos. De acordo com o tipo de dependência que um indivíduo tem com o outro, estas relações simbóticas podem ser benéficas ou maléficas. Se é benéfica para um ou ambos indivíduos, sem detrimento de outros, essa relação também pode ser chamada de harmônica

ou positiva. Quando causa dano ou prejuízo para um dos indivíduos e vantagens para outros, esse tipo de relação é chamada de desarmônica ou negativa. Ambas as relações positivas e negativas podem ocorrer em indivíduos de mesma espécie (relações intraespecíficas ou homotípica) ou entre indivíduos de espécies diferentes (relações interespecíficas ou heterotípicas).

Exemplos de relações intraespecíficas positivas são a constituição de colônias e sociedades. A diferença entre colônias e sociedades está no fato de que na colônia os indivíduos são unidos e atuam em conjunto e as vezes repartem funções. Já em sociedades os indivíduos são independentes e organizados cooperativamente. Um exemplo de colônia são os cnidários coloniais, ou caravelas. Este ser é constituído por quatro tipos de organismos, sendo que o primeiro forma a bolsa de ar, o segundo desenvolve os tentáculos, o terceiro forma os "estômagos" e o quarto são as gametas para reprodução (AMABIS; MARTHO, 2004). Exemplos de sociedade são as formigas, abelhas, vespas e cupins. Estes insetos sociais são capazes de desenvolver comportamentos complexos no objetivo de beneficiar a sociedade, como no caso das formigas que são capazes de se unir e formar botes e pontes para superar obstáculos e aumentar as chances de sobrevivência.

Exemplos de relações intraespecíficas negativas são a competição e o canibalismo. A competição ocorre na disputa de habitat, água, fonte de alimentos, parceiros para reprodução, entre outros. Um exemplo de competição pode ser observado nos desertos, que leva as plantas ficarem distribuídas e espaçadas no ambiente devido a falta de água. O canibalismo é o ato de um indivíduo matar e se alimentar de outro indivíduo da mesma espécie. O inseto louva-a-deus apresenta um exemplo de canibalismo. As fêmeas tem o hábito de devorar os machos numa luta que antecede a cópula. Um caso semelhante é observado em espécies de aranhas que são popularmente conhecidas como viúvas negras. As fêmeas geralmente se alimentam dos machos após o ato de cópula (DELCOURT; FISHER, 2012).

Outro comportamento que pode ocorrer entre indivíduos da mesma espécie é o altruísmo. É definido como altruísmo a relação que traz prejuízos para o indivíduo altruísta e beneficia um outro organismo. Este comportamento pode ser observado em morcegos-vampiros que são capazes de regurgitar sangue e doar para outros morcegos que não conseguiram se alimentar para evitar que estes morram de fome. Outro exemplo ocorre em algumas espécies de macacos, onde alguns indivíduos soam um alarme que avisa a presença de predadores para o seu grupo e consequentemente, atrai a atenção dos predadores para si. Este comportamento pode ser fatal para o indivíduo que soou o alarme, porém beneficia o grupo.

As relações interespecíficas positivas são o mutualismo, protocooperação, inquilinismo e comensalismo. No mutualismo, as espécies envolvidas obtém benefícios, sendo

uma relação permanente e indispensável para a sobrevivência dos indivíduos envolvidos. Um exemplo de mutualismo pode ser observado nos líquens. Os líquens são uma associação entre fungos e algas. Os fungos protegem as algas e fornecem-lhes água, sais minerais e gás carbônico, que retiram do ambiente. As algas, por sua vez, fazem a fotossíntese e, assim, produzem parte do alimento consumido pelos fungos (AMABIS; MARTHO, 2004). Outro exemplo são os cupins, que são incapazes de digerir a celulose que ingerem. Isto é feito por microrganismos que vivem no interior de seu tubo digestório (AMABIS; MARTHO, 2004). Na protocooperação, as espécies envolvidas também obtêm benefícios, porém os indivíduos podem viver individualmente. Este é o caso dos caranguejos-eremitas e as anemônas-do-mar. Os caranguejos-eremitas possuem corpo frágil e obtêm abrigo e proteção nas conchas das anemônas-do-mar, pois elas produzem substâncias urticantes. Já as anemônas-do-mar conseguem se alimentar melhor devido o deslocamento que o caranguejo-eremita realiza pelo ambiente (AMABIS; MARTHO, 2004). Outros exemplos de protocooperação são encontrados entre jacarés e aves, onde as aves se alimentam dos parasitas que estão instalados na boca do jacaré. O mesmo ocorre entre búfalos e as aves (PINTO-COELHO, 2007).

No inquilinismo, apenas uma espécie é beneficiada, sem causar quaisquer danos para a outra. O inquilino obtém abrigo (proteção) ou ainda suporte no corpo da espécie hospedeira. Um exemplo dessa relação é o caso das orquídeas, bromélias, samambaias e as plantas sobre onde elas crescem. As espécies inquilinas crescem em árvores de grande porte para obter mais iluminação (AMABIS; MARTHO, 2004). No comensalismo, uma espécie se utiliza de outra espécie para facilitar a obtenção de comida, porém sem causar prejuízos para a espécie. Um exemplo clássico é a relação entre o tubarão e a rêmora. A rêmora possui uma espécie de ventosa com a qual se prende no corpo do tubarão. Logo o tubarão fornece transporte gratuito para a rêmora, que se aproveita dos restos das presas capturadas pelo tubarão. Este tipo de relação também acontece entre as hienas e os leões. As hienas costumam seguir de longe os leões e se alimentam dos restos das presas abandonadas por eles (AMABIS; MARTHO, 2004).

As relações interespécificas negativas são a competição, amensalismo, predatismo, herbivoria, parasitismo, e esclavagismo. Na competição, as espécies competem por quaisquer tipos de recursos, por exemplo água, comida, árvores, território, etc. No amensalismo, indivíduos de uma espécie secretam ou expelem substâncias que inibem ou impedem o desenvolvimento de indivíduos de outras espécies. Um exemplo é o fungo *Penicillium notatum* que produz um antibiótico conhecido como penicilina, que impede a proliferação de bactérias. No predatismo, predadores capturam e matam outros indivíduos de outras espécies, que constituem suas presas. Esta relação é um mecanismo importante no ecossistema que regula a densidade das populações de predadores com o de presas (BEGON;

TOWNSEND; HARPER, 2006). Um exemplo bem conhecido são os veados e os leões. Outro exemplo são as joaninhas que se alimentam de outros insetos como pulgões de plantas. De modo semelhante, na herbivoria os animais herbívoros (bois, zebras, veados, girafas, entre outros) se alimentam das partes vivas de plantas (PINTO-COELHO, 2007).

No parasitismo, um indivíduo de uma espécie se associa a outra e remove a sua comida. O organismo parasita não causa grandes danos ao hospedeiro. O parasita precisa do hospedeiro para viver, logo se este morrer fatalmente o parasita morrerá. Há duas formas de parasitismo, a primeira onde o parasita vive no interior do organismo hospedeiro como os vírus, vermes, bactérias e solitárias, e a segunda onde o parasita vive na superfície externa do hospedeiro, que é caso de pulgões, carapatos, piolhos, sanguessugas entre outros (AMABIS; MARTHO, 2004). Finalmente, no esclavagismo o indivíduo de uma espécie se aproveita das atividades, do trabalho ou de produtos produzidos por indivíduos de outras espécies. Um exemplo dessa relação são as formigas e pulgões. As formigas cuidam dos pulgões, protegendo contra seus predadores para obter o açúcar que eles obtêm da seiva das plantas. Há casos em que as formigas levam os pulgões para dentro de seus formigueiros e os colocam em raízes de plantas vivas (SASSON, 2011).

Na Tabela 1 é apresentado um resumo das relações ecológicas entre dois indivíduos A e B. O primeiro grupo representa as relações intraespecíficas, enquanto o segundo grupo representa as relações interespecíficas. O sinal (+) indica que os indivíduos são beneficiados com a relação. O sinal (-) indica que os indivíduos são prejudicados. O sinal (0) indica que não há prejuízo e nem benefício para os indivíduos.

Tabela 1 – Ganhos e perdas individuais nas relações ecológicas

<b>Relação Ecológica</b>	<b>Efeito sobre os indivíduos</b>	
	<b>A</b>	<b>B</b>
Colônia	+	+
Sociedade	+	+
Competição intraespecífica	-	-
Canibalismo (A é o canibal)	+	-
Altruísmo	-	+
Mutualismo	+	+
Protocoloperação	+	+
Inquilinismo (A inquilino de B)	+	0
Comensalismo (A comensal de B)	+	0
Competição interespecífica	-	-
Amensalismo (A amensal de B)	0	-
Predação (A é o predador)	+	-
Herbivoria (A é herbívoro, B é planta)	+	-
Parasitismo (A é o parasita)	+	-
Esclavagismo (A é o esclavagista)	+	-

Fonte: Adaptado de (AMABIS; MARTHO, 2004)

Como pode-se observar, existe uma vasta quantidade de relações simbióticas que envolvem os organismos de todos os reinos da Natureza (Animal, Vegetal, Fungi, Protista e Monera). As relações simbióticas possuem um papel importante na evolução de novas espécies e foram responsáveis pelo surgimento das mitocôndrias nas células eucariontes (KIERS; WEST, 2015). As mitocôndrias são uma das mais importantes organelas celulares e são responsáveis pela energia da célula e extremamente relevantes na respiração celular. Já as células eucariontes são aquelas que possuem o seu núcleo protegido por uma membrana e são encontradas em quase todas as formas de vidas (animais, vegetais, fungos e alguns protistas), desde os mais simples seres vivos unicelulares até os seres vivos mais complexos. Segundo a teoria da Endossimbiose, também conhecida como Endossimbiose Sequencial as mitocôndrias e as demais organelas celulares surgiram a partir de uma relação simbiótica estável entre uma bactéria e uma archaea (MARGULIS, 1993) que permitiu ao organismo simbótico o acesso à uma nova fonte de energia.

Devido as relações simbióticas possuirem um papel importante na evolução das espécies e na manutenção da vida na Natureza, as relações simbióticas se tornaram uma fonte interessante de inspiração para o desenvolvimento de novas abordagens para resolução de problemas complexos. As relações simbióticas podem ser utilizadas como uma nova forma de evoluir as soluções candidatas. Na próxima seção são apresentadas alguns modelos de relações simbióticas encontradas na literatura.

### 2.2.1 Trabalhos Correlatos

Algumas propostas de uso de relações simbióticas em otimização foram encontradas na literatura. O modelo de Wallin (WALLIN; RYAN; AZAD, 2005) é inspirado na interação entre organismos hospedeiros e parasitas e foi aplicado em otimização binária. Na sua proposta são utilizadas duas populações, uma representando os indivíduos hospedeiros e a outra representando os indivíduos parasitas que substituem partes dos hospedeiros criando indivíduos simbóticos. Os resultados obtidos por Wallin indicam que a simbiose e a cooperação coevolutiva em geral tendem a melhorar o desempenho dos algoritmos bio-inspirados em problemas difíceis. Esta mesma abordagem pode ser encontrada no trabalho de Correia (CORREIA; MANSO, 2015). O modelo de parasitas e hospedeiro aplicada no contexto de otimização foi primeiramente proposto por Hillis (HILLIS, 1990).

Watson (WATSON; POLLACK, 1999) apresenta um algoritmo genético com um mecanismo simbótico entre diferentes indivíduos. Nesta abordagem, os genes possuem três alelos diferentes: correto, incorreto e neutro. Os genes representam as habilidades de cada um dos indivíduos e o mecanismo simbótico simulada a divisão de habilidades entre indivíduos que vivem em conjunto. O mecanismo combina os genes (habilidades) dos envolvidos, formando um indivíduo simbótico. Segundo o autor, esta combinação não

representa um novo indivíduo, mas sim o resultado das habilidades de diferentes indivíduos cooperando juntos. Em um outro trabalho, Watson (WATSON; REIL; POLLACK, 2000) aplica o mesmo conceito em duas populações diferentes.

Morrison (MORRISON; OPPACHER, 1999) apresenta um algoritmo genético para a otimização binária com um modelo de coevolução baseado na modificação do *fitness* dos indivíduos. O *fitness* de um indivíduo determina a sua qualidade e eficiência em resolver o problema e consequentemente sua chance de sobreviver e se reproduzir. O *fitness* é calculado a partir da função de avaliação e a aplicação de penalidades, caso a solução viole uma ou mais restrições do problema. Na proposta de Morrison, o *fitness* de um indivíduo passa a considerar também o *fitness* de um outro indivíduo. Dessa forma, o *fitness* do indivíduo não depende mais apenas de si e passa a depender também do *fitness* do indivíduo que ele está interagindo. De acordo com a influência da relação entre os dois indivíduos no *fitness* é determinado o tipo de relação simbiótica que está ocorrendo. Por exemplo, se o *fitness* dos dois indivíduos melhorou, então a relação ocorrida foi de mutualismo. Nesse modelo é modificado apenas a forma de calcular o *fitness* dos indivíduos, as demais rotinas do algoritmo genético não sofrem alterações.

De maneira semelhante ao trabalho de Morrison, Hirasawa (HIRASAWA et al., 2000) apresenta um algoritmo genético simbiótico baseado na modificação do *fitness* dos indivíduos. O *fitness* simbiótico leva em consideração a distância e a diferença entre os *fitness* original dos indivíduos. Estas duas informações são utilizadas em conjunto de regras *fuzzy* para determinar o parâmetro *simbiótico* que influencia diretamente o valor do *fitness* simbiótico. O conjunto de regras *fuzzy* possui alguns parâmetros que são ajustados com base na população de indivíduos. De acordo com o resultado do *fitness* simbiótico é determinada a relação simbiótica entre os indivíduos envolvidos.

Gu (GU; GU; GU, 2015) utiliza um algoritmo genético quântico com a relação de mutualismo para a otimização combinatorial. A sua estratégia mutualística é utilizada para ajustar o tamanho das populações de indivíduos. Nesta abordagem as populações cooperam uma com as outras para obter alimento, como ocorre na relação entre algas e líquens.

Uma metaheurística inspirada nas relações simbióticas para otimização contínua é apresentado por Cheng (CHENG; PRAYOGO, 2014). Esse algoritmo, chamado de *Symbiotic Organism Search*, e utiliza operadores de perturbação para simular as relações de mutualismo, comensalismo e parasitismo. Para cada tipo de relação é utilizado um operador específico e as soluções candidatas são consideradas como organismos em um ecossistema que interage com os demais. Os indivíduos são selecionados de forma aleatória para a aplicação da relação simbiótica. No caso de mutualismo, os indivíduos envolvidos trocam informações e ambos são beneficiados, no comensalismo apenas um indivíduo é

beneficiado e outro não sofre danos e no parasitismo um indivíduo se beneficia enquanto o outro sofre danos.

Niu (NIU et al., 2009; NIU; ZHU; HE, 2005) apresenta um algoritmo de otimização por enxame de partículas simbiótico para a otimização contínua. O autor utiliza a relação de comensalismo para influenciar a evolução das populações. Nesse modelo a população é dividida em várias sub-populações e as define em dois tipos: mestre e escrava. Cada tipo de sub-população possui uma estratégia diferente de troca de informações. A sub-população mestre modifica seus indivíduos com base em suas próprias informações e com base nas informações das sub-populações escravas. Já as sub-populações escravas modificam os indivíduos com base nas suas próprias informações.

Chen (CHEN; ZHU, 2008) apresenta um algoritmo de coevolução simbiótica para várias espécies. O seu método utiliza a otimização por enxame de partículas para evoluir as soluções candidatas e foi aplicado em problemas de otimização contínua. A relação simbiótica do seu modelo é alcançada através da cooperação mútua entre as espécies (populações de soluções candidatas). A cooperação é realizada entre indivíduos de espécies distintas através da aprendizagem simbiótica (*symbiotic learning*), onde um indivíduo é influenciado pelo melhor indivíduo de uma outra espécie. Uma topologia estática é utilizada para definir as espécies que irão cooperar. Chen aplica em seu modelo a extinção de massa, onde a espécie extinta é substituída por uma população gerada aleatoriamente.

Sancho (SANCHO-ROYO; PELTA; VERDEGAY, 2006) apresenta uma metaheurística que utiliza a cooperação entre agentes distintos. Os agentes podem cooperar de três maneiras: por mutualismo, reciprocidade e em grupos. Sancho utiliza um conjunto de regras *fuzzy* para definir a situação de cada agente. Por exemplo, se o agente possui muitos recursos, este se encontra em situação favorável. A partir destas regras e a forma de cooperar, os agentes trocam recursos (informações). O modelo de Sancho foi aplicado em um problema de otimização combinatorial.

Euguchi (EGUCHI et al., 2006) apresenta um sistema multi-agentes baseado em relações simbióticas para otimização discreta. Na sua proposta foram utilizadas as relações de mutualismo, altruísmo, predadismo, dano, auto-melhoria e auto-deterioramento. A relação simbiótica ocorre na fase de seleção de soluções de dois agentes pre-determinados para a próxima geração. No primeiro momento é definido pares de indivíduos, sendo um indivíduo de cada agente. Os pares de indivíduos são selecionados de acordo com um critério de dominância que é definida pela relação simbiótica aplicada. Por exemplo, na relação de mutualismo são apenas selecionados os pares de indivíduos que beneficiam os ambos agentes. Deste modo, os pares de indivíduos não dominados sobrevivem e formam a próxima geração. Na proposta de Euguchi, as relações simbióticas são utilizadas apenas para a seleção de indivíduos e não ocorre troca de informações entre os indivíduos

selecionados. Extendendo o trabalho de Euguchi, Mabu (MABU; OBAYASHI; KUREMOTO, 2015) utiliza um esquema de reforço para selecionar a relação simbiótica. Em seus experimentos, são utilizados apenas dois agentes.

### 2.2.2 Considerações

O modelo de relações simbióticas proposto neste trabalho tem como objetivo de realizar a troca de informações entre diferentes populações. Portanto, o modelo influencia o desenvolvimento das populações e se encontra no nível ecológico de populações. Das relações simbióticas apresentadas serão exploradas neste trabalho as relações de mutualismo, esclavagismo, altruísmo e competição. Estas relações foram escolhidas por representarem todas as combinações possíveis de benefícios e prejuízos que podem ser aplicadas entre duas populações.

A seleção dos indivíduos no trabalho aqui proposto ocorre de maneira semelhante ao trabalho de Euguchi, através de um critério de dominância. Porém, Euguchi se limita apenas na seleção de indivíduos. O principal diferencial do modelo proposto em relação aos trabalhos correlatos se encontra no fato de que as relações simbióticas são utilizadas para trocar informações entre duas populações distintas.

Como visto na Seção 2.2, as relações simbióticas ocorrem entre indivíduos de uma mesma espécie ou de diferentes espécies. Para isso ocorrer, o ecossistema onde estes organismos estão inseridos precisa ter uma diversidade de espécies. De maneira semelhante, a diversidade é importante no processo de otimização e na modelagem de relações simbióticas. Na próxima seção é discutida a influência que a diversidade de soluções possui no projeto de desenvolvimento dos algoritmos bio-inspirados e principalmente durante o processo de otimização realizados por eles.

## 2.3 DIVERSIDADE EM ALGORITMOS BIO-INSPIRADOS

Um algoritmo pode ser bem sucedido na otimização de um determinado problema se ele for capaz de prover um bom equilíbrio entre diversificação e intensificação (BOUS-SAID; LEPAGNOT; SIARRY, 2013). A diversificação refere-se a exploração global, ou seja, explorar o máximo possível do espaço de busca e identificar áreas promissoras com soluções de alta qualidade. A intensificação refere-se a exploração local, mais intensiva em uma área promissora do espaço de busca. Como pode se observar, a diversificação e intensificação são forças opositoras, ou seja, quanto maior a diversificação menor é a intensificação e quanto maior a intensificação menor será a diversificação, sendo que a tendência para um dos extremos é prejudicial para a otimização (CORRIVEAU et al., 2013). Uma busca com muita diversificação não é eficiente, sendo semelhante a uma busca

aleatória e anula a busca inteligente do algoritmo. Já uma busca com muita intensificação leva principalmente a perda de diversidade das soluções e uma chance maior da otimização estagnar em um ponto local do espaço de busca. Este problema também é conhecido por convergência prematura. Encontrar o ponto de equilíbrio entre diversificação e intensificação não é uma tarefa simples, sendo um dos pontos chaves na concepção dos algoritmos e influencia diretamente na qualidade da solução final.

Uma estratégia comum na busca pelo equilíbrio dessas duas fases na otimização é aplicar mais a diversificação no começo da busca e aumentar a intensificação gradualmente até o final da otimização. Se o algoritmo não for capaz de preservar a diversidade da população ou minimizar a sua perda, provavelmente vai convergir prematuramente. A convergência prematura pode levar a estagnação da otimização em um ponto local do espaço de busca e desta maneira impedindo o alcance da solução ótima. A perda de diversidade é causada pela pressão de seleção e deriva genética, dois fatores que são inerentes aos algoritmos (JR; ARAÚJO, 2010). A pressão de seleção é o resultado do processo de seleção, onde soluções de baixa qualidade são substituídas por soluções de qualidade superior e se espera que elas desaparecem de uma população finita (MAHFOUD, 1995). A deriva genética é um mecanismo estocástico de modificação das soluções que leva a perda da variabilidade sendo causada pelo processo de reprodução e propagação de características para gerações subsequentes. Em outras palavras, a deriva genética força o aumento de ocorrência de alguns valores nas dimensões das soluções em detrimento de outros em uma população finita. Por isso, é muito importante que o algoritmo seja capaz de garantir uma exploração global e uniforme do espaço de busca antes da perda de diversidade, garantindo que soluções de baixa qualidade não sejam eliminadas rapidamente, pois estas soluções podem conter informações importantes para a obtenção da solução ótima que não estão presentes em outras soluções da população (OLIVEIRA; FREITAS; GUIMARÃES, 2012).

A preservação da diversidade tem vantagens que são observadas na Natureza. A perda de diversidade devido a extinção de espécies pode produzir distúrbios ecológicos irreversíveis para um ecossistema. Um alto nível de diversidade produz habilidades que permite populações ou espécies reagir contra as adversidades, como doenças, parasitas e predadores. Um nível adequado de diversidade permite populações ou espécies se adaptar às mudanças do ambiente. Um baixo nível de diversidade tem a tendência de limitar tais habilidades (JR; ARAÚJO, 2010). A utilização de mecanismos para a preservação da diversidade pode contribuir para a otimização de duas maneiras (GUPTA; GHAFIR, 2012). Uma população com diversidade pode ser capaz de lidar com funções multimodais e explorar simultaneamente diferentes picos na superfície da função objetivo, como também melhorar a exploração global e ajudar a encontrar vários ótimos globais e lo-

cais. As principais estratégias encontradas na literatura são o *fitness sharing*, *clearing*, *crowding*, *deterministic crowding*, *probabilistic crowding* e *restricted tournament selection*. Esta lista de métodos não é exaustiva e trabalhos de revisão de mecanismos para a manutenção e controle de diversidade são apresentados por (CREPINSEK; LIU; MERNIK, 2013; BRITS, 2002; NAVARRO; NÁPOLES, 2013; GUPTA; GHAFIR, 2012). Os principais métodos são descritos a seguir.

A principal idéia do *fitness sharing* é distribuir a população de indivíduos ao longo de um conjunto de recursos (GOLDBERG; RICHARDSON, 1987; HOLLAND, 1975). Quando um indivíduo  $i$  está compartilhando recursos com outros indivíduos, seu *fitness* é reduzido proporcionalmente ao número e proximidade dos indivíduos que o cercam. O *fitness sharing* de um indivíduo  $i$  é definido pelas equações 2.2 e 2.3. Onde  $n$  é o número de indivíduos da população,  $\sigma_{share}$  indica o limiar de dissimilaridade e  $d_i^j$  é a medida de distância entre o indivíduo  $i$  e  $j$ .

$$f_{shar_i} = \frac{f_i}{\sum_{j=0}^n sharing_i^j} \quad (2.2)$$

$$sharing_i^j = \begin{cases} 1 - (d_i^j \div \sigma_{share})^2 & \text{if } d_i^j < \sigma_{share} \\ 0 & \text{Otherwise} \end{cases} \quad (2.3)$$

O método *clearing* é muito similar ao *fitness sharing*, porém é baseado no conceito de recursos limitados no ambiente (PETROWSKI, 1996). Ao invés de compartilhar recursos entre todos os indivíduos de uma subpopulação, o método *clearing* atribui o *fitness* apenas para os melhores indivíduos da subpopulação. Assim, *clearing* preserva o *fitness* dos  $K$  melhores indivíduos (soluções dominantes) do nicho e redefine o *fitness* dos outros que pertencem à mesma subpopulação (soluções dominadas). Como no método de *sharing*, indivíduos pertencem ao mesmo nicho se sua distância no espaço de busca for menor que um limiar de dissimilaridade  $\sigma_s$  (raio de *clearing*). O *clearing* pode ser combinado com estratégias elitistas para preservar as melhores soluções dos nichos durante gerações.

De Jong apresentou o conceito de *crowding* para a manutenção da diversidade (JONG, 1975). Neste modelo apenas uma parte da população (*generation gap*) se reproduz e morre em cada geração. Deste modo o filho substitui o indivíduo mais similar retirado de uma subpopulação aleatória de tamanho  $CF$  (*crowding factor*) da população total.

Uma melhoria no *crowding* padrão foi proposta por Mahfoud (MAHFOUD, 1995) introduzindo uma competição entre filhos e pais de nichos idênticos. Depois da aplicação do *crossover* e mutação, cada filho substitui o parente mais próximo se tiver um *fitness* melhor. Assim o *deterministic crowding* (DC) resulta em duas configurações de torneio. A primeira configuração com o pai 1 contra o filho 1 e pai 2 contra o filho 2. Na segunda configuração possível, realizando a competição entre o pai 1 e o filho 2 e entre o pai 2 com

o filho 1. A escolha da configuração do torneio é feita através da menor distância entre os competidores.

O *probabilistic crowding* é uma estratégia baseada no *Deterministic Crowding* que foi proposta por Mengshoel (MENGSHOEL; GOLDBERG, 1999). A diferença do *probabilistic crowding* está na estratégia de substituição de soluções. Enquanto o *deterministic crowding* utiliza o *fitness* como critério de substituição (método guloso), o *probabilistic crowding* utiliza a seguinte regra: Se os indivíduos  $a$  e  $b$  competem entre si, a probabilidade do indivíduo  $a$  vencer e substituir o indivíduo  $b$  é dada pela equação 2.4, onde  $f_a$  e  $f_b$  são respectivamente os *fitness* dos indivíduos  $a$  e  $b$ .

$$p_a = \frac{f_a}{f_a - f_b} \quad (2.4)$$

O *Restricted Tournament Selection* (RTS) adapta a seleção por torneio padrão para otimização multimodal (HARIK, 1995). O RTS inicialmente seleciona dois indivíduos da população para submeter ao *crossover* e mutação. Depois da recombinação, uma amostra aleatória de  $CF$  indivíduos é feita da população como no *crowding* padrão. Cada filho compete com o indivíduo mais próximo na amostra e o vencedor é inserido na população.

O estado de diversidade das soluções obtidas pelo processo de otimização pode ser descrito por dois tipos de medidas de diversidade: a diversidade genotípica e a fenotípica (HERRERA; LOZANO, 1996). A medida de diversidade genotípica (MDG) envolve o material genético das soluções, ou seja, o conjunto de variáveis que afetam a função objetivo e que são o alvo da otimização. Deste modo a MDG caracteriza a distribuição espacial das soluções no espaço de busca. Uma quantidade alta de diversidade genotípica caracteriza uma exploração global do espaço de busca, enquanto uma quantidade baixa caracteriza a exploração local (CORRIVEAU et al., 2012). A medida de diversidade fenotípica (MDF) envolve apenas o *fitness* das soluções e caracteriza o estado de convergência da população. Uma alta diversidade fenotípica caracteriza uma baixa convergência da população, enquanto a baixa diversidade fenotípica caracteriza a convergência da população para uma única solução (CORRIVEAU et al., 2013).

A MDG apresenta uma desvantagem em relação ao MDF por ser fortemente dependente ao modelo de representação das soluções. De acordo com o modelo adotado para representar as soluções (binário, discreto, contínuo, grafo, etc) é necessário escolher uma MDG diferente, enquanto é possível utilizar para todos os modelos a mesma MDF. Porém, a utilização de ambas medidas pode caracterizar melhor a diversidade de uma população de soluções. Por exemplo, a convergência fenotípica sem a convergência genotípica indica que múltiplas soluções funcionam igualmente bem (CORRIVEAU et al., 2013). Ou seja, múltiplos genótipos levam ao mesmo fenótipo.

Uma avaliação do desempenho entre diferentes MDF foi realizado por Corriveau

(CORRIVEAU et al., 2013) e para o trabalho aqui desenvolvido foi adotada a medida recomendada pelo autor. A medida é normalizada e o valor 1 corresponde ao estado de convergência fenotípica enquanto o valor 0 corresponde a diversidade fenotípica máxima. Para uma melhor compreensão do estado da população, neste trabalho a medida foi modificada para que o valor 0 corresponde à convergência fenotípica enquanto o valor 1 corresponde a diversidade fenotípica máxima. Desse modo a análise da diversidade na forma de gráfico se torna mais simples e intuitiva.

A MDF é apresentada na equação 2.5. A variável  $VMD$  é um fator de normalização que corresponde a medida de diversidade de uma população virtual com os valores de *fitness* distribuídos de maneira uniforme com uma distância predeterminada ( $|f_{worst} - f_{best}|/(N - 1)$ ). Onde  $f_{worst}$  representa o pior *fitness* e o  $f_{best}$  o melhor *fitness* e  $N$  o tamanho da população. Quando o tamanho da população ou a faixa de *fitness* absoluto são modificados é necessário recalcular o  $VMD$ . O cálculo do  $VMD$  é feito através da equação 2.6. É importante ressaltar que para calcular a MDF é preciso que os valores de *fitness* estejam ordenados.

$$MDF = \frac{\sum_{i=1}^{N-1} \ln(1 + |f_i - f_{i+1}|)}{VMD} \quad (2.5)$$

$$VMD = \sum_{i=1}^{N-1} \ln(1 + |f_i - f_{i+1}|) \quad (2.6)$$

A MDG adotada para este trabalho é a medida proposta por Corriveau (CORRIVEAU et al., 2013). Esta medida foi desenvolvida com base na MDF, sendo indicada para variáveis contínuas. A medida é apresentada na equação 2.7, onde  $D$  é a quantidade de dimensões da solução,  $N$  o tamanho da população e  $x$  a solução candidata. A variável  $NMDF$  é o fator de normalização que corresponde ao valor máximo de diversidade conhecida até o momento. O valor 1 obtido da medida corresponde a diversidade genotípica máxima enquanto o valor 0 corresponde a convergência da população de soluções.

$$MDG = \frac{\sum_{i=1}^{N-1} \ln \left( 1 + \min_{j \in [i+1, N]} \frac{1}{D} \sqrt{\sum_{k=1}^D (x_{i,k} - x_{j,k})^2} \right)}{NMDF} \quad (2.7)$$

A MDG adotada para a otimização binária é a medida proposta por Morrison (MORRISON; JONG, 2002). Sua medida é definida pelas equações 2.8 e 2.9. Onde  $c_d$  é o centróide da dimensão  $d$  da solução,  $N$  a quantidade de indivíduos da população,  $D$  a quantidade de dimensões da solução e  $x_{id}$  representa o valor da dimensão  $d$  da solução  $i$ . Como fator de normalização, foi adicionado na medida a variável  $NMDF$  que corresponde ao valor máximo de diversidade conhecida até o momento. O valor 1 obtido

da medida corresponde a diversidade genotípica máxima enquanto o valor 0 corresponde a convergência da população de soluções.

$$c_d = \frac{\sum_{i=1}^{i=N} x_{id}}{N} \quad (2.8)$$

$$MDG = \frac{\sum_{d=1}^{d=D} \sum_{i=1}^{i=N} (x_{id} - c_d)^2}{NMDF} \quad (2.9)$$

As medidas de diversidade fenotípica e genotípica, além de descrever o estado das soluções durante o processo de otimização, podem ser utilizadas como informação de *feedback* para o ajuste de parâmetros (JR; ARAÚJO, 2010). Por exemplo, uma população com pouca diversidade, pode aumentar a probabilidade de aplicar operadores de perturbação nas soluções. Isto resultará numa população mais diversa na próxima geração. Por outro lado, uma população com muita diversidade, pode aumentar a pressão de seleção.

### 2.3.1 Considerações

A análise da diversidade é um tarefa importante no processo de desenvolvimento de algoritmos de otimização. Através da diversidade é possível verificar o nível de intensificação e diversificação durante o processo de otimização e apontar medidas para melhorar a performance do algoritmo.

Com este objetivo, serão utilizadas a MDF apresentada na equação 2.5 e as MDGs contínua e binária que são apresentadas respectivamente pelas equações 2.7 e 2.9. Estas medidas serão utilizadas para gerar gráficos para analisar os processos de intensificação e diversificação das estratégias experimentadas neste trabalho. A análise dos gráficos de diversidade fenotípica e genotípica permitirá avaliar se é necessária a utilização de estratégias de preservação de diversidade apresentadas nesta seção. Porém a efetiva aplicação destas estratégias está fora do escopo deste trabalho sendo apontado como um dos trabalhos futuros.

As medidas de diversidades também serão utilizadas como uma fonte de *feedback* para o controle *online* de parâmetros. A configuração correta dos parâmetros é importante para o processo de otimização devido ao fato que os parâmetros controlam a execução dos algoritmos. As medidas de diversidade podem indicar o momento oportuno para ajustar adequadamente os parâmetros responsáveis pela intensificação e diversificação da otimização. Na seção seguinte é apresentado mais detalhes sobre o ajuste de parâmetros.

## 2.4 CONTROLE ONLINE DE PARÂMETROS

Uma característica comum entre os algoritmos de otimização são seus variados parâmetros de configuração. Na Tabela 2 é apresentado um resumo dos algoritmos descritos na Seção 2.1. Pode-se observar que a quantidade de parâmetros varia de poucos como no algoritmo de vaga-lume e na otimização por colônia de abelhas artificiais com dois parâmetros cada, até muitos como na otimização por colônia de bactérias com 7 parâmetros.

Tabela 2 – Algoritmos Bio-inspirados

Algoritmo	Inspiração	Parâmetros
GA	Teoria da Evolução	POP,CR,MUT,K
DE	Teoria da Evolução	POP,CR,F
ES	Teoria da Evolução	$\mu, \lambda, \delta, \rho$
ECO	Ecologia	N-POP,POP-SIZE,ECO-STEP,EVO-STEP, $\rho$
AFSA	Cardumes de peixes	Fishnum, Trynumber, Visual, $\delta$
BA	Eco-localização dos morcegos	$n, \alpha, \gamma$
FA	Padrão de luminosidade de vagas-lumes	$n, \gamma$
ABC	Busca por alimentos das abelhas	swarmsize,limit
BFO	Busca por alimentos das bactérias <i>Escherichia coli</i>	$S, N_c, N_s, N_{re}, N_{ed}, p_{ed}, C(i)$
ACO	Busca por alimentos das formigas	$\alpha, \beta, \rho, m$
PSO	Movimentos dos pássaros e cardumes de peixes	$N, \omega, C_1, C_2$
GSA	Leis de gravidade e de movimento	$G_0, \alpha, POP$

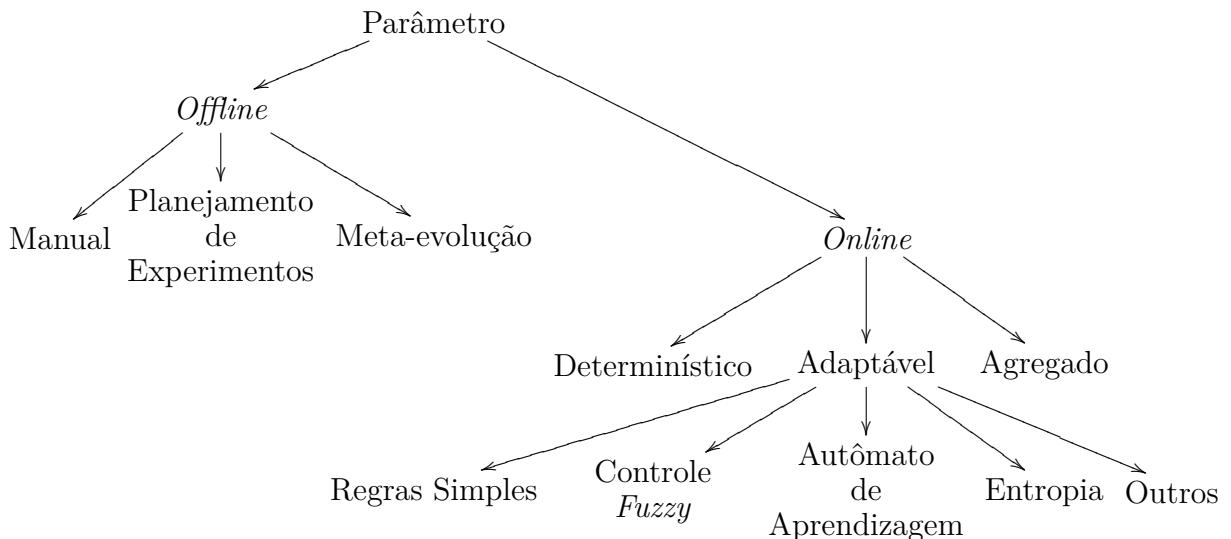
Fonte: Produção do autor.

Estes parâmetros possuem um papel fundamental nos algoritmos, por controlarem a sua execução e influenciarem no direcionamento da busca por regiões promissoras no espaço de busca do problema. Consequentemente, os parâmetros afetam também a diversidade das soluções. De acordo com Eiben (EIBEN; HINTERDING; MICHALEWICZ, 1999), a configuração de parâmetros afeta diretamente na qualidade da solução final, sendo necessário conhecer a configuração mais promissora. Desta maneira surge o espaço de busca de valores para os parâmetros do algoritmo, além do espaço de busca do problema de otimização. Ou seja, surge um problema de otimização dentro do problema sendo otimizado. Eiben destaca que há duas maneiras diferentes de ajustar os parâmetros. A primeira conhecida como ajuste *offline* (*Parameter Tuning*), que é realizada antes da utilização do algoritmo e os valores se mantém fixos durante toda a execução. Nesta abordagem, uma série de testes com diferentes configurações são realizadas afim de encontrar bons valores e recomenda-los para execuções futuras. Porém, estas recomendações não podem ser generalizadas para todas as classes de problemas. A segunda maneira é conhecida como ajuste *online* ou controle *online* (*Parameter Control*), onde os valores se alteram ao longo do tempo. Como o ajuste ocorre durante o processo de otimização, uma análise prévia dos valores de parâmetros não é mais necessária. Desta forma o usuário ou projetista do algoritmo se abstêm da responsabilidade de configurar os parâmetros. Uma característica importante do controle *online* é que o valor ótimo do parâmetro pode alterar

de acordo com o estágio da otimização (HINTERDING; MICHALEWICZ; EIBEN, 1997). Possuir controle *online* durante o processo de otimização pode melhorar significamente o resultado final e isto tem motivado a pesquisa por métodos para auto-ajustar os parâmetros inerentes às diferentes metaheurísticas (KAMRATH; GOLDMAN; TAURITZ, 2013; KRAMER, 2010; TUSON; ROSS, 1998; ALETI; MOSER, 2013; LEUNG; ZHANG; YUEN, 2012; SIMONS; PARMEE, 2010; MARQUES; GOMIDE, 2011).

Uma revisão e discussão de técnicas de controle *online* em algoritmos da Computação Evolutiva e Inteligência de Enxame é apresentado por André (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014c). Neste trabalho são revisadas as taxonomias de controle de parâmetros da literatura e é apresentada uma taxonomia que destaca o tipo de técnica utilizada no ajuste. A taxonomia é apresentada na Figura 4, sendo uma extensão dos trabalhos de Eiben (EIBEN; HINTERDING; MICHALEWICZ, 1999) e Zhang (ZHANG et al., 2012). Como pode-se observar na Figura 4, o controle *online* é dividido em três categorias: determinístico, adaptativo e agregado.

Figura 4 – Taxonomia para Ajuste de Parâmetros.



Fonte: (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014c)

O controle determinístico corresponde aquelas técnicas que ajustam os valores dos parâmetros com a utilização de regras determinísticas. A principal característica dessa categoria de ajuste é a modificação dos valores sem a utilização de informações de *feedback* provenientes do processo de otimização. Neste tipo de técnica é comum a utilização do número de gerações (iterações) ou quantidade de avaliações da função objetivo para fazer o escalonamento de valores do parâmetro. Desta forma o valor do parâmetro varia com o tempo, por exemplo, iniciando com um valor alto e diminuindo gradualmente durante o processo de otimização. Esta técnica de controle dificilmente captura o comportamento dos algoritmos bio-inspirados durante a otimização (ZHANG et al., 2012).

O controle adaptativo representa as técnicas que ajustam os valores dos parâmetros de acordo com as informações de *feedback* derivadas da otimização da função objetivo. Estas informações determinam a direção ou magnitude da mudança no valor do parâmetro sendo ajustado. O *feedback* pode ser o *fitness*, a diversidade da população, dentre outras. Um trabalho sobre mecanismos de *feedback* é apresentado por Aleti (ALETI; MOSER, 2013). As técnicas utilizadas neste tipo de controle são variadas, desde regras simples até técnicas mais elaboradas como agrupamento (*clustering*) e autômatos de aprendizagem. Mais detalhes sobre estas técnicas pode ser visto no trabalho de André (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014c).

O controle agregado representa as técnicas que codificam os valores de parâmetros diretamente no vetor de solução, como dimensões extras, e são otimizados durante o processo de otimização. Desta forma, as rotinas que otimizam as soluções candidatas podem ser aplicadas diretamente nos valores de parâmetros, sem a necessidade de adaptações no algoritmo (ZHANG et al., 2012). Nesta técnica os valores de parâmetros podem ser obtidos e utilizados individualmente por solução, como também combinados e influenciados por todas as soluções da população. Logo, espera-se que os bons valores de parâmetros estejam codificados nas melhores soluções e consequentemente possuam maiores chances de propagar seus valores para gerações/iterações seguintes.

De acordo com a revisão de André (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014c), as técnicas de controle adaptativo são as técnicas mais utilizadas nos algoritmos bio-inspirados.

#### 2.4.1 Considerações

A análise da quantidade de parâmetros e a configuração adequada dos valores são tarefas importantes no processo de desenvolvimento de algoritmos. Um algoritmo que apresenta muitos parâmetros pode ser difícil de ser ajustado e utilizado pelo usuário final. Portanto, é necessário projetar o algoritmo com uma baixa quantidade de parâmetros.

Os parâmetros influenciam o comportamento dos algoritmos durante o processo de otimização e, consequentemente, na qualidade da solução final. Com a utilização de controle de parâmetros *online*, é possível melhorar o desempenho do algoritmo e abster a responsabilidade do usuário final de ajustar os parâmetros. A partir desta motivação, uma técnica de regras simples é utilizada para ajustar os parâmetros de mutação e perturbação da Evolução Diferencial Binária. Com a mesma motivação, o modelo computacional de relações simbióticas foi desenvolvido sem parâmetros de configuração. O modelo é utilizado para trocar informações entre duas populações distintas e a quantidade de indivíduos que deverão realizar a troca é determinada pela diversidade fenotípica das populações envolvidas. Na seção seguinte são apresentados mais detalhes sobre o modelo de relações simbióticas.

### 3 MODELO COMPUTACIONAL DE RELAÇÕES SIMBIÓTICAS

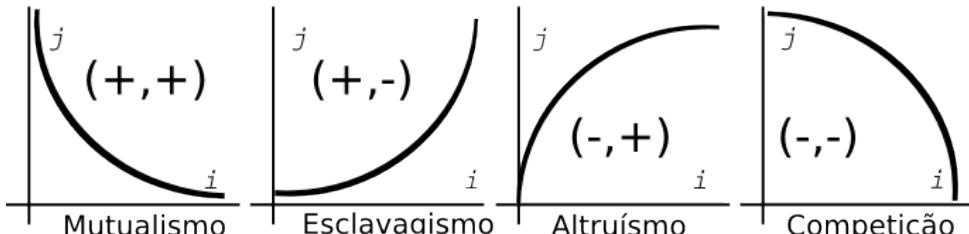
Os organismos estão constantemente interagindo uns com os outros na Natureza. Estas interações são chamadas de relações simbióticas e são classificadas de acordo com os efeitos causados nos organismos. Uma relação simbiótica pode afetar os organismos envolvidos de três maneiras: ela pode beneficiá-los, prejudicá-los ou simplesmente ser neutra. Os organismos podem se beneficiar através da obtenção de água, alimentos, parceiros para o acasalamento, alertas de predadores, entre outros. Entretanto, os prejuízos podem ser desde a perca de recursos tais como água, alimentos e habitat, o contágio de doenças, ferimentos e até mesmo a morte do organismo.

Com o objetivo de incrementar a plausibilidade biológica do ECO, uma nova estratégia de troca de informações é adicionada e inspirada nos conceitos de relações simbióticas. O modelo computacional deve produzir benefícios e prejuízos em populações de soluções candidatas de forma semelhante ao sistema biológico. Portanto, para modelar uma relação simbiótica é necessário definir o conceito de benefícios e prejuízos no contexto de otimização. Qualquer estratégia de otimização visa encontrar a melhor solução para uma função  $f(.)$ . Deste modo, uma relação simbiótica é benéfica quando se proporciona meios para a população de soluções candidatas se aproximar da solução ótima, ou de uma região promissora no espaço de busca. O oposto também é verdadeiro. Uma relação simbiótica é maléfica ao inibir a população de soluções candidatas de se aproximar da solução ideal, ou de uma região promissora. Benefícios e prejuízos previstos pelas relações simbióticas estão relacionados com o movimento da população no espaço de busca. Isto é, quando a população é beneficiada ela se desloca na direção de uma área mais promissora no espaço de busca. Quando a população é prejudicada pela relação simbiótica, fica estagnada no ponto local.

A estratégia proposta é baseada no critério de dominância de Pareto (DEB, 2001) e é utilizada para definir os indivíduos das populações que devem trocar informações. As populações que devem realizar a troca de informações são definidas através da topologia de comunicação intra-habitats. Os indivíduos são agrupados em pares, um de cada população e o valor de *fitness* dos pares são utilizados para criar os pontos no gráfico de Pareto. De acordo com o critério de dominância de cada relação simbiótica, descrito na sequência, é verificado quais são os pares não dominados na fronte de Pareto que devem ser selecionados para trocar informações. Para que um determinado par seja considerado não dominado, não poderá existir outros pares que sejam melhores em ambos critérios. Os critérios utilizados são maximizar ou minimizar os valores nos eixos  $x$  e  $y$  do gráfico de Pareto. O eixo  $x$  e  $y$  do gráfico representa respectivamente os valores de *fitness* dos

indivíduos das populações  $I$  e  $J$ . A Figura 5 apresenta a fronte de Pareto de cada relação simbiótica, considerando um problema de minimização. Na Figura 5, os sinais (+) e (-) indicam benefício e prejuízo para as populações  $I$  e  $J$ , respectivamente.

Figura 5 – Fronte de Pareto para cada relação simbiótica



Fonte: Produção do autor.

A relação de mutualismo ocorre quando dois ou mais organismos interagem e geram benefícios para ambos. Nesta analogia, a seleção de indivíduos não dominados pelo mutualismo está situada na região inferior e esquerda do gráfico de Pareto ( $I_x, J_y$ ). O critério de dominância é de minimização para as duas populações. Nesta relação as populações são cooperativas, compartilhando as melhores soluções. Esta é uma relação do tipo  $(+, +)$  para  $(I, J)$ , respectivamente.

Na relação de esclavagismo, a seleção de indivíduos não dominados está situada na região inferior e direita do gráfico de Pareto ( $I_x, J_y$ ). O critério de dominância é de maximização para a população  $I$  e minimização para a população  $J$ . Nesta relação a população  $I$  se aproveita da outra população com a intenção de melhorar a si mesmo, independentemente da população  $J$  e coloca seus piores indivíduos para trocar informações com os melhores indivíduos de  $J$  nos pares não dominados. Esta é uma relação do tipo  $(+, -)$  para  $(I, J)$ , respectivamente.

A relação de altruísmo ocorre quando um organismo é prejudicado sem a expectativa de reciprocidade ou compensação pelo ato de beneficiar outro organismo. Nesta analogia, a seleção de indivíduos não dominados pelo altruísmo está situada na região superior e esquerda do gráfico de Pareto ( $I_x, J_y$ ). O critério de dominância utilizado é de minimização para a população  $I$  e maximização para a população  $J$ . Nesta relação a população  $I$  não tem o interesse de se auto-beneficiar e fornece seus melhores indivíduos para trocar informações com os piores indivíduos de  $J$  nos pares não dominados. Esta é uma relação do tipo  $(-, +)$  para  $(I, J)$ , respectivamente.

A relação de competição ocorre quando organismos competem uns com os outros pelos recursos do ambiente e prejudicam todos os envolvidos. Nesta analogia, a seleção de pares não dominados está situada na região superior direita do gráfico de Pareto ( $I_x, J_y$ ). O critério de dominância é de maximização para as ambas populações. Nesta relação as populações não tem interesse de cooperar umas com as outras e ambas disponibilizam

seus piores indivíduos para troca de informação. Esta é uma relação do tipo  $(-, -)$  para  $(I, J)$ , respectivamente.

No Algoritmo 4 é apresentado o pseudocódigo do modelo de relações simbióticas. O algoritmo se inicia recebendo as populações  $I$  e  $J$  (linha 1). Na sequência são gerados os pares de indivíduos (linha 2), criando o gráfico de Pareto (linha 3) e definindo os pares não dominados de acordo com o tipo de relação simbiótica utilizada. Os pares são gerados da seguinte maneira: Para cada indivíduo da população  $I$  é selecionado um indivíduo aleatório da população  $J$ . Os pares são gerados aleatoriamente para anular qualquer tipo de viés no processo de seleção. Para cada par não dominado é realizada a troca de informações entre os indivíduos através do operador de *crossover* uniforme, gerando dois novos indivíduos  $a$  e  $b$ . Cada um dos novos indivíduos verifica se é melhor do que seu respectivo pai. Em caso afirmativo este o substitui na população, caso contrário o novo indivíduo é descartado.

---

**Algoritmo 4** Modelo de Relação Simbiótica
 

---

- 1: Entrada:  $POP\_I, POP\_J$
  - 2: Gerar os pares de indivíduos
  - 3: Encontrar pares não dominados {Seleção Simbiótica}
  - 4: **para** Cada par não dominado do Pareto **faça**
  - 5:   Trocando de informações entre os indivíduos do par ordenado gerando  $a$  e  $b$
  - 6:   **se**  $a$  é melhor que  $POP\_I_a$  **então**
  - 7:     Substitui  $POP\_I_a$
  - 8:   **fim se**
  - 9:   **se**  $b$  é melhor que  $POP\_J_b$  **então**
  - 10:     Substitui  $POP\_J_b$
  - 11:   **fim se**
  - 12: **fim para**
- 

Os modelos computacionais de relações simbióticas propostas são inseridos na fase de relações intra-habitats do algoritmo de inspiração ecológica, substituindo o acasalamento entre indivíduos na versão canônica do algoritmo (linha 8 do Algoritmo 3). A relação simbiótica é aplicada em cada topologia de comunicação das populações que formam um habitat.

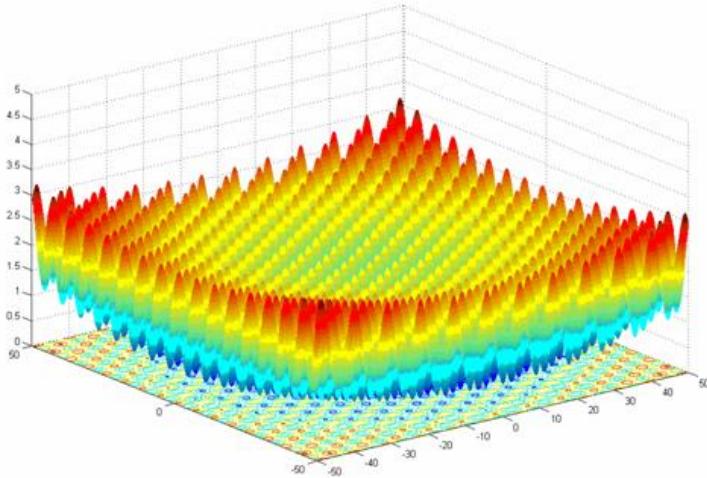
### 3.1 ILUSTRAÇÃO CONCEITUAL

A função Griewank foi selecionada para ilustrar os detalhes do comportamento do modelo proposto para otimização contínua. A sua definição é apresentada na Equação 3.1, onde  $\vec{x}$  é um vetor solução dentro do domínio  $[-600, 600]$  e o ótimo global é 0. A solução ótima correspondente é  $\vec{x}_{opt} = (x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) = (0, 0, 0, \dots, 0)$ .

$$Griewank(\vec{x}) = \frac{1}{4000} \left( \sum_{i=1}^n x_i^2 \right) - \left( \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) \right) + 1 \quad (3.1)$$

Com o propósito de permitir uma avaliação visual do comportamento do modelo, a função Griewank foi configurada para duas dimensões. A superfície dessa função é apresentada na Figura 6.

Figura 6 – Função Griewank 2D



Fonte: Disponível em: [http://www-optima.amp.i.kyoto-u.ac.jp/member/student/hedar/Hedar\\_files/TestGO\\_files/image8891.jpg](http://www-optima.amp.i.kyoto-u.ac.jp/member/student/hedar/Hedar_files/TestGO_files/image8891.jpg)

Os parâmetros usados são  $N-POP = 5$ ,  $POP-SIZE = 10$ ,  $ECO-STEP = 100$  e  $EVO-STEP = 100$ . Com essa configuração, o número total de avaliações é de 10,000 para cada população. Um total de 100 avaliações para cada população é feita em cada sucessão ecológica. Os parâmetros foram selecionados empiricamente.

Nessa ilustração, o algoritmo de Otimização por Colônias de Abelhas Artificiais foi utilizado de maneira homogênea, ou seja, todas as populações utilizam esse algoritmo com o mesmo ajuste de parâmetros para evoluir as soluções candidatas. Para a ilustração foi utilizada uma execução independente do algoritmo.

O primeiro passo é inicializar todas as populações de forma aleatória. Com as populações inicializadas o algoritmo entra no ciclo de sucessões ecológicas começando com o período evolutivo. Nessa fase, todas as populações evoluem suas soluções por um período pré-definido de avaliações. Nesse exemplo o período de evolução foi definido como 100 avaliações. Após o período evolutivo, são definidos os habitats. Quando um habitat é formado por mais de uma população, é gerado uma topologia de interações entre as populações. Nessa fase de interações é incluído o modelo de relações simbióticas proposto.

Na Tabela 3 é apresentada duas populações pertencentes a um mesmo habitat e que possuem adjacência pela topologia de comunicação. Para definir a relação simbiótica, o primeiro passo é formar aleatoriamente os pares de indivíduos que são apresentados na Tabela 4.

Tabela 3 – Populações  $I$  e  $J$  utilizadas na ilustração conceitual

<b>Solução</b>	<b>População <math>I</math></b>			<b>População <math>J</math></b>		
	$x_0$	$x_1$	$fit$	$x_0$	$x_1$	$fit$
0	-3.7772	-90.2310	2.5985	0.0822	0.4626	0.0001
1	-235.2591	2.8612	15.4083	558.2160	84.6684	81.1703
2	-0.5551	463.0824	53.7685	0.5802	154.1510	7.2663
3	-6.1681	-7.4500	0.0334	-237.8948	46.6505	16.1384
4	241.3022	-89.6665	17.7817	-35.2466	15.2774	0.5667
5	-1.9915	0.3293	0.0016	1.5593	-6.5674	0.0150
6	253.7965	473.7460	73.4649	175.8523	-54.8271	10.2601
7	268.9530	-6.1685	19.1117	-387.8334	35.9569	38.1283
8	-167.4312	230.2879	20.3339	-252.7555	134.1553	21.4456
9	-25.2455	104.7854	3.6565	-561.0179	81.6961	81.8517

Fonte: Produção do autor.

Tabela 4 – Pareamento dos indivíduos das populações  $I$  e  $J$ 

<b>Solução</b>	<b>População <math>I</math></b>		<b>Solução</b>	<b>População <math>J</math></b>	
	$fit$			$fit$	
0	2.5985		4	0.5667	
1	15.4083		7	38.1283	
2	53.7685		9	81.8517	
3	0.0334		2	7.2663	
4	17.7817		0	0.0001	
5	0.0016		3	16.1384	
6	73.4649		8	21.4456	
7	19.1117		2	7.2663	
8	20.3339		5	0.0150	
9	3.6565		7	38.1283	

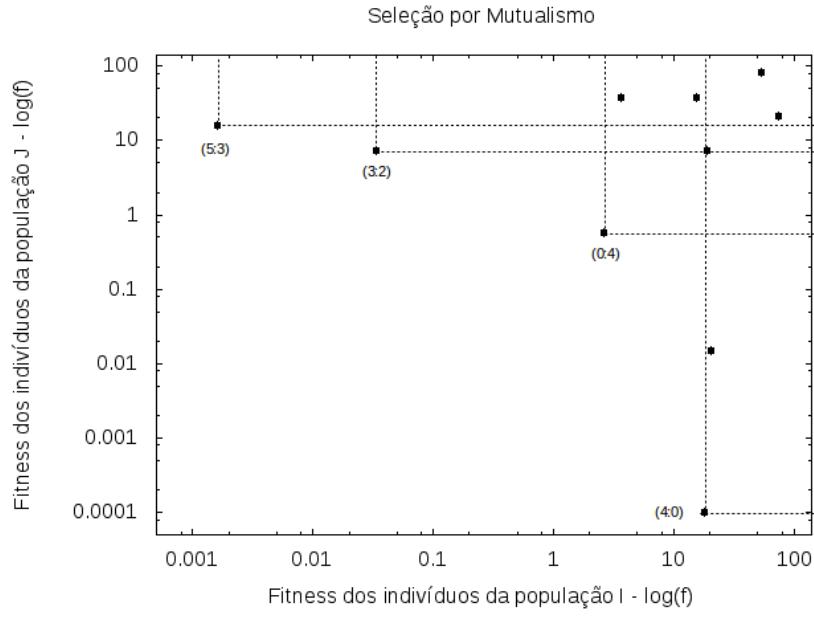
Fonte: Produção do autor.

Com os pares formados, o próximo passo é verificar quais são os pares não dominados pelo critério de Pareto que é definido pelo tipo de relação simbiótica. Na Figura 7 é apresentado o gráfico de Pareto obtido considerando a seleção por mutualismo. Como pode se observar na imagem, os pares (5,3), (3,2), (0,4) e (4,0) são os não dominados. Dessa forma, esses pares são selecionados para trocar informações através de um *crossover* uniforme. Se as novas soluções criadas forem melhores que seus respectivos pais, elas os substituem na população, caso contrário, são desconsideradas.

Na Figura 8 é apresentado o gráfico de Pareto obtido considerando a seleção por esclavagismo. Como pode se observar na imagem, os pares (4,0), (8,5), e (6,8) dominaram todos os demais. Estes pares serão responsáveis pela troca de informações entre as populações envolvidas.

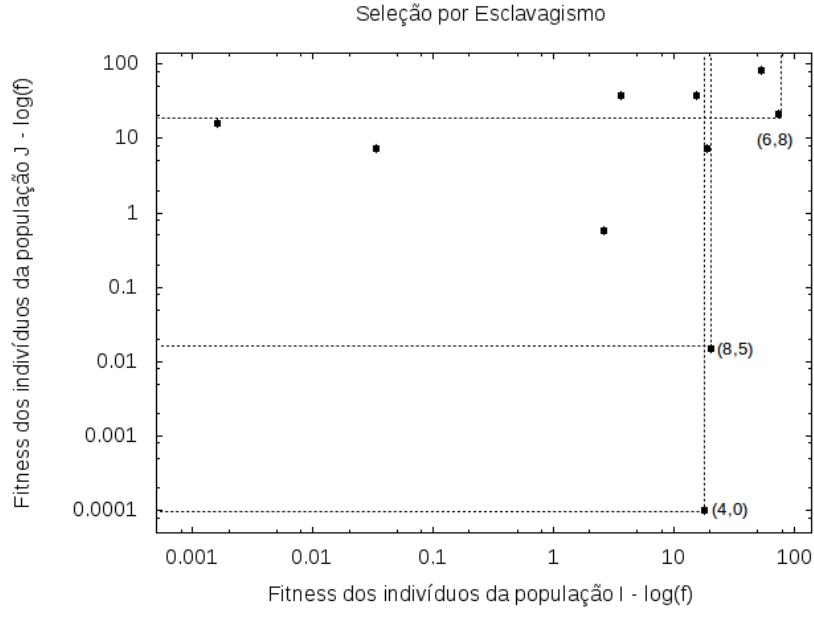
Na Figura 9 é apresentado o gráfico de Pareto obtido considerando a seleção por

Figura 7 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por mutualismo



Fonte: Produção do autor.

Figura 8 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por esclavagismo

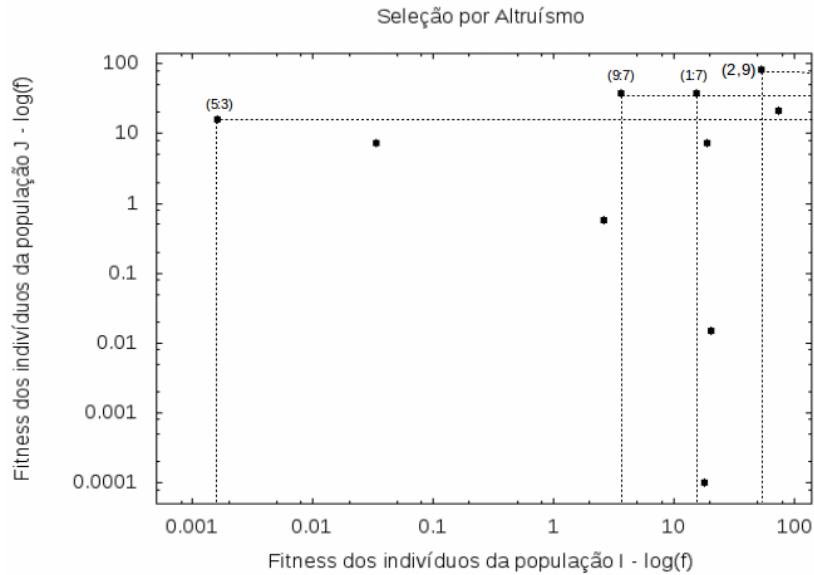


Fonte: Produção do autor.

altruísmo. Como pode se observar na imagem, os pares (5,3), (9,7), (1,7) e (2,9) dominaram todos os demais. Estes pares serão responsáveis pela troca de informações entre as populações envolvidas.

E finalmente, na Figura 10 é apresentado o gráfico de Pareto obtido considerando a seleção por competição. Como pode se observar na imagem, os pares (2,9) e (6,8)

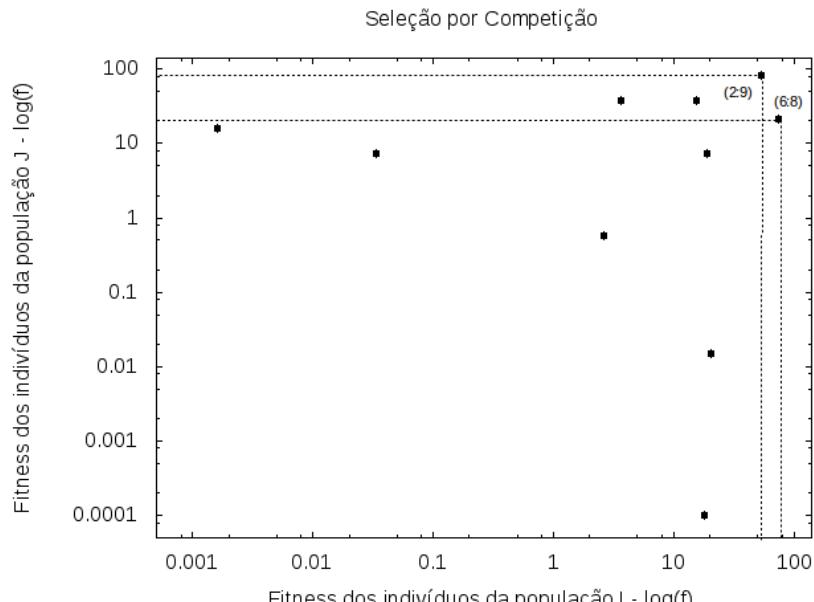
Figura 9 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por altruísmo



Fonte: Produção do autor.

dominaram todos os demais. Estes pares serão responsáveis pela troca de informações entre as populações envolvidas.

Figura 10 – Gráfico de Pareto obtido na seleção por competição



Fonte: Produção do autor.

A Tabela 5 apresenta a média do *fitness* dos indivíduos dos pares não dominados em cada relação simbiótica. Através das médias é possível observar que as relações simbióticas são capazes de identificar as melhores e as piores soluções de cada população. Na relação

de mutualismo a média dos indivíduos foi baixa para as duas populações, enquanto para a relação de competição, a média foi alta nas duas populações.

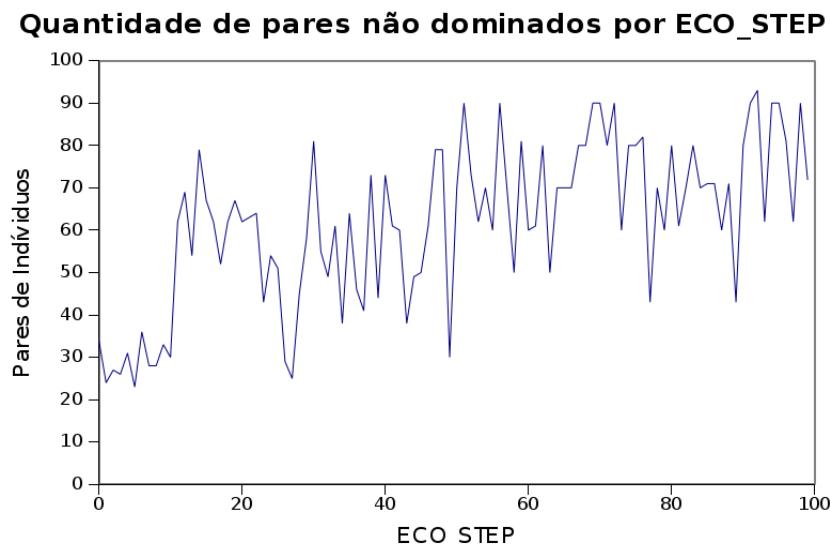
Tabela 5 – Média do *fitness* dos indivíduos dos pares não dominados

	População A	População B
<b>Mutualismo</b>	5.10	5.99
<b>Esclavagismo</b>	37.19	7.15
<b>Altruísmo</b>	18.20	43.56
<b>Competição</b>	63.61	51.64

Fonte: Produção do autor.

A quantidade de pares de indivíduos selecionados por uma relação simbiótica varia durante a execução. Para a ilustração aqui apresentada, a Figura 11 apresenta a quantidade de pares selecionados a cada sucessão ecológica. Neste exemplo foi utilizada a relação de competição. Através da Figura 11 é possível observar que a quantidade de pares não dominados se ajusta automaticamente durante o processo de otimização.

Figura 11 – Pares de indivíduos não dominados a cada ECO-STEP utilizando a relação de competição



Fonte: Produção do autor.

## 4 PROBLEMAS ABORDADOS

Esse estudo considera duas classes de problemas de otimização para verificar a performance do modelo proposto: a otimização binária e a otimização contínua. Essa seção é dividida em duas sub-seções. A Seção 4.1 que apresenta o problema de otimização binária conhecido como o problema da mochila múltipla com as suas respectivas instâncias *benchmark*. A Seção 4.2 que apresenta as funções matemáticas *benchmark* para a otimização contínua.

### 4.1 PROBLEMA DA MOCHILA MÚLTIPLA

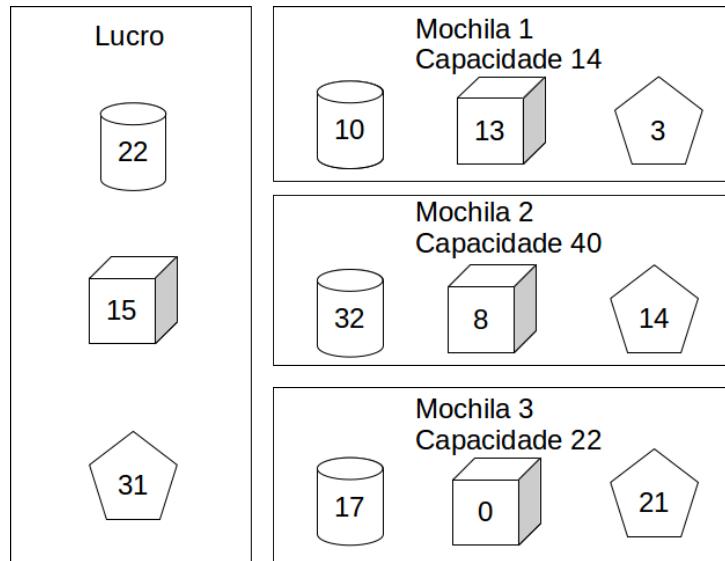
O problema da Mochila Múltipla 0-1 (*Multiple Knapsack Problem*, MKP), também conhecido como problema da Mochila Multidimensional (*Multidimensional Knapsack Problem*) é um problema de otimização binária e seu objetivo é maximizar o lucro dos itens que preenchem um conjunto de mochilas, sujeitos a restrições de capacidade (FREVILLE, 2004). O MKP consiste de  $m$  mochilas com capacidades  $C_1, C_2, \dots, C_m$ , e um conjunto de  $n$  itens  $I = \{I_1, I_2, \dots, I_n\}$ . As variáveis binárias  $X_i (i = 1, \dots, n)$  representam os itens selecionados que devem ser carregados nas  $m$  mochilas.  $X_i$  assume 1 se o item  $i$  está na mochila e 0 caso contrário. Cada item  $I_i$  tem um lucro associado  $P_i \geq 0$  e um peso  $W_{ij} \geq 0$  para cada mochila  $j$ . O objetivo é encontrar a melhor combinação de  $n$  itens que maximiza a soma dos lucros  $P_i$  multiplicados pela variável binaria  $X_i$ , matematicamente representada pela Equação 4.1. Suas restrições são a capacidade  $C_j \geq 0$  de cada mochila. Portanto a soma dos valores de  $X_i$  multiplicado por  $W_{ij}$  deve ser menor ou igual a  $C_j$ , representado matematicamente pela Equação 4.2.

$$\max \left( \sum_{i=1}^n (P_i \times X_i) \right) \quad (4.1)$$

$$\sum_{j=1}^m (W_{ij} \times X_i) \leq C_j \quad (4.2)$$

A Figura 12 ilustra o problema. O retângulo *lucro* representa o benefício  $P$  de cada um dos itens (cilindro, cubo, pentágono). Os demais retângulos representam o conjunto de mochilas com suas respectivas capacidades  $C$ . Em cada mochila os itens possuem pesos  $W$  diferentes. Analisando a mochila 1, ao incluir o cubo e o pentágono, essa solução se torna inválida devido os pesos dos itens, que se somam 16, ultrapassar a capacidade da mochila 1 que é de 14 unidades de medida. Neste exemplo, a melhor solução é incluir apenas o pentágono, uma vez que o item possui o maior valor de lucro, 31, e não ultrapassa a capacidade.

Figura 12 – Uma ilustração do MKP



Fonte: Produção do autor.

O espaço de busca do MKP depende diretamente dos valores de  $n$  e  $m$ , itens e mochilas, respectivamente. Uma função exponencial binária com expoente  $n$  representa todas as possibilidades para os  $n$  itens respeitando a capacidade de cada mochila  $m$ . Portanto, para encontrar a solução ótima é preciso testar todas as  $2^n$  possibilidades para cada mochila  $m$ , isto é,  $m \times 2^n$  possibilidades (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014a).

Para os experimentos realizados neste trabalho, 11 instâncias para MKP foram utilizadas<sup>1</sup>. A Tabela 6 apresenta o valor ótimo conhecido, o número de mochilas, o número de itens (ou dimensões), e o tamanho do espaço de busca, respectivamente para cada instância.

Tabela 6 – Instâncias *benchmark* para o problema da mochila.

Instância	Valor Ótimo	Mochilas	Itens	Espaço de Busca
1 PB1	3090	4	27	$4 \times 2^{27}$
2 PB2	3186	4	34	$4 \times 2^{34}$
3 PB4	95168	2	29	$2 \times 2^{29}$
4 PB5	2139	10	20	$10 \times 2^{20}$
5 PB6	776	30	40	$30 \times 2^{40}$
6 PB7	1035	30	37	$30 \times 2^{37}$
7 PET7	16537	5	50	$5 \times 2^{50}$
8 SENTO1	7772	30	60	$30 \times 2^{60}$
9 SENTO2	8722	30	60	$30 \times 2^{60}$
10 WEING8	624319	2	105	$2 \times 2^{105}$
11 WEISHI30	11191	5	90	$5 \times 2^{90}$

Fonte: Produção do autor.

<sup>1</sup> Disponível em: [www.cs.nott.ac.uk/~jqd/mkp/index.html](http://www.cs.nott.ac.uk/~jqd/mkp/index.html)

## 4.2 FUNÇÕES BENCHMARK

As funções matemáticas são extensivamente utilizadas na literatura e são importantes para validar e comparar métodos de otimização. No trabalho aqui desenvolvido foram selecionadas 30 funções matemáticas. A Tabela 7 apresenta o domínio e o ponto ótimo das funções utilizadas. A Tabela 8 apresenta a definição matemática das funções utilizadas. Para todas as funções a meta é minimizar a função objetivo. Por convenção, a avaliação de uma possível solução é considerada o ponto ótimo, quando a diferença entre a avaliação e o ponto ótimo for menor ou igual a  $10^{-20}$ .

Tabela 7 – Funções Matemáticas

	<b>Função</b>	<b>Domínio</b>	<b>Ponto Ótimo</b>
1	Ackley	$[-32, 32]^d$	0
2	Egg Holder	$[-512, 512]^d$	$-915.61991n + 862.10466$
3	Generalized Holzman	$[-10, 10]^d$	0
4	Generalized Penalized functon 1	$[-50, 50]^d$	1.57e-032
5	Generalized Penalized functon 2	$[-50, 50]^d$	1.34e-032
6	Generalized Schwefels 2.26	$[-500, 500]^d$	-418.982887272433
7	Griewank	$[-600, 600]^d$	0
8	Levy	$[-10, 10]^d$	0
9	Michalewitz	$[0, \pi]^d$	$-0.99864n + 0.30271$
10	Molecular Potential Energy	$[0, 5]^d$	$-0.0411183034n$
11	Multimod	$[-10, 10]^d$	0
12	Powell	$[-4, 5]^d$	0
13	Rana	$[-512, 512]^d$	$-511.70430n + 511.68714$
14	Rastrigin	$[-5.12, 5.12]^d$	0
15	Rosenbrock	$[-30, 30]^d$	0
16	Schaffer F6	$[-100, 100]^d$	0
17	Schaffer F7	$[-100, 100]^d$	0
18	Schwefel 2.22	$[-10, 10]^d$	0
19	Shifted Ackley	$[-32, 32]^d$	-140
20	Shifted Griewank	$[-600, 600]^d$	-180
21	Shifted Rastrigin	$[-5.12, 5.12]^d$	-330
22	Shifted Rosenbrock	$[-100, 100]^d$	390
23	Shifted Schaffer	$[-100, 100]^d$	0
24	Shifted Schwefel Problem 2.21	$[-100, 100]^d$	-450
25	Shifted Sphere	$[-100, 100]^d$	-450
26	Shubert	$[-10, 10]^d$	-24.06
27	Sphere	$[-100, 100]^d$	0
28	Step	$[-100, 100]^d$	0
29	StretchedV	$[-10, 10]^d$	0
30	Zakharov	$[-5, 10]^d$	0

Fonte: Produção do autor.

Tabela 8 – Definição das Funções Matemáticas

$f$	Definição
1	$-20\exp(-0.2\sqrt{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^n x_i^2}) - \exp(\frac{1}{n}\sum_{i=1}^n \cos(2\pi x_i)) + 20 + e$
2	$\sum_{i=1}^{n-1} \left( -(x_{i+1} + 47) \sin \left( \sqrt{ x_{i+1} + \frac{x_i}{2} + 47 } \right) + \sin \left( \sqrt{ x_i - (x_{i+1} + 47) } \right) (-x_i) \right)$
3	$\sum_{i=1}^n ix_i^4$
4	$\frac{\pi}{n} \left\{ 10 \sin^2(\pi y_1) + \sum_{i=1}^{n-1} (y_1 - 1)^2 [1 + 10 \sin^2(3\pi x_{i+1})] + (y_n - 1)^2 \right\} + \sum_{i=1}^n u(x_i, 10, 100, 4), y_i = 1 + \frac{1}{4}(x_i + 1)$ $u(x_i, a, k, m) = \{ k(x_i - a)^m \text{ if } x_i > a, 0 \text{ if } -a \leq x_i \leq a, k(-x_i - a)^m \text{ if } x_i \leq -a \}$
5	$\frac{1}{10} \left\{ \sin^2(3\pi x_1) + \sum_{i=1}^{n-1} [1 + 3 \sin^2(3\pi x_{i+1})] + (x_n - 1)^2 [1 + \sin^2(2\pi x_n)] \right\} + \sum_{i=1}^n u(x_i, 5, 100, 4)$ $u(x_i, a, k, m) = \{ k(x_i - a)^m \text{ if } x_i > a, 0 \text{ if } -a \leq x_i \leq a, k(-x_i - a)^m \text{ if } x_i \leq -a \}$
6	$-\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \sin(\sqrt{ x_i })$
7	$\frac{1}{4000} \left( \sum_{i=1}^n x_i^2 \right) - \left( \prod_{i=1}^n \cos \left( \frac{x_i}{\sqrt{i}} \right) \right) + 1$
8	$\sin^2(\pi w_1) \sum_{i=0}^{d-1} (w_i - 1)^2 [1 + 10 \sin^2(\pi w_i + 1)] + (w_d - 1)^2 [1 + \sin^2(2\pi w_d)]$
9	$\sum_{i=1}^{n-1} \left( \sin(x_{i+1}) \sin^{20} \left( \frac{2x_{i+1}^2}{\pi} \right) + \sin(x_i) \sin^{20} \left( \frac{x_{i+1}^2}{\pi} \right) \right)$
10	$\sum_{i=1}^n (1 + \cos(3\vec{x}_i) + (\frac{(-1)^i}{\sqrt{10.60099896 - 4.141720682 \cos(\vec{x}_i)}}))$
11	$\sum_{i=1}^n  x_i  \prod_{i=1}^n  x_i $
12	$\sum_{i=1}^{d/4} [(x_{4i-3} + 10x_{4i-2})^2 + 5(x_{4i-1} - x_{4i})^2 + (x_{4i-2} - 2x_{4i-1})^4 + 10(x_{4i-3} - x_{4i})^4]$
13	$\sum_{i=1}^{n-1} \left( (x_{i+1} + 1) \cos \left( \sqrt{ x_{i+1} - x_i + 1 } \right) \sin \left( \sqrt{ x_{i+1} + x_i + 1 } \right) + x_i \cos \left( \sqrt{ x_{i+1} + x_i + 1 } \right) \sin \left( \sqrt{ x_{i+1} - x_i + 1 } \right) \right)$
14	$\sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10)$
15	$\sum_{i=1}^{n-1} (100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2)$
16	$\sum_{i=1}^{n-1} \left( 0.5 + \frac{\sin^2(\sqrt{x_{i+1}^2 + x_i^2}) - 0.5}{(0.001(x_{i+1}^2 + x_i^2) + 1)^2} \right)$
17	$[\frac{1}{n-1} \sqrt{s_i} \cdot (\sin(50.0s_i^{\frac{1}{5}}) + 1)]^2 s_i = \sqrt{x_i^2 + x_{i+1}^2}$
18	$\sum_{i=0}^n  x_i  + \prod_{i=0}^n  x_i $
19	$-20\exp(-0.2\sqrt{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^n z_i^2}) - \exp(\frac{1}{n}\sum_{i=1}^n \cos(2\pi z_i)) + 20 + e + f\_bias, z = x - o, f\_bias = -140, o = [o_1, o_2, \dots o_n]$
20	$\frac{1}{4000} \left( \sum_{i=1}^n z_i^2 \right) - \left( \prod_{i=1}^n \cos \left( \frac{z_i}{\sqrt{i}} \right) \right) + 1 + f\_bias, z = x - o, f\_bias = -180, o = [o_1, o_2, \dots o_n]$
21	$\sum_{i=1}^n (z_i^2 - 10 \cos(2\pi z_i) + 10) + f\_bias, z = x - o, f\_bias = -330, o = [o_1, o_2, \dots o_n]$
22	$\sum_{i=1}^{n-1} (100(z_{i+1} - z_i^2)^2 + (z_i - 1)^2) + f\_bias, z = x - o, f\_bias = 390, o = [o_1, o_2, \dots o_n]$
23	$\sum_{i=1}^{n-1} (z_i^2 + z_{i+1}^2)^{0.25} (\sin^2(50 \cdot (z_i^2 + z_{i+1}^2)^{0.1}) + 1), z = x - o, o = [o_1, o_2, \dots o_n]$
24	$\max_i \{ z_i , 1 \leq i \leq n\} + f\_bias, z = x - o, f\_bias = -450, o = [o_1, o_2, \dots o_n]$
25	$\sum_{i=1}^n z_i^2 + f\_bias, z = x - o, x = [x_1, x_2, \dots x_n], f\_bias = -450, o = [o_1, o_2, \dots o_n]$
26	$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^5 \frac{j \sin((j+1)x_i + j)}{\frac{n}{2}}$
27	$\sum_{i=1}^n x_i^2$
28	$\sum_{i=1}^n ( x_i + 0.5 )^2$
29	$\sum_{i=1}^{n-1} (x_{i+1}^2 + x_i^2)^{0.25} (\sin^2(50(x_{i+1}^2 + x_i^2)^{0.1}) + 1)$
30	$\sum_{i=1}^d x_i^2 + (\sum_{i=1}^d 0.5ix_i)^2 + (\sum_{i=1}^d 0.5ix_i)^4$

Fonte: Produção do autor.

## 5 EXPERIMENTOS E RESULTADOS

Nessa seção uma série de experimentos são realizados para explorar e analisar o desempenho do modelo computacional de relações simbióticas no algoritmo de inspiração ecológica. Durante a fase de experimentos algumas decisões foram tomadas e são devidamente apresentadas nesta seção.

Devida a natureza estocástica da abordagem proposta e das demais metaheurísticas utilizadas, a performance dos respectivos algoritmos não podem ser avaliados pelo resultado de uma única execução. Para obter uma conclusão significativa é necessário realizar diversas execuções com populações independentes e inicializadas aleatoriamente. Portando, neste estudo os resultados são obtidos em 10 execuções de cada abordagem.

Todos os experimentos foram executados em um computador AMD Phenon II X4 (2.80GHz) com 4Gb Ram e sistema operacional Linux. As aplicações foram desenvolvidas utilizando a linguagem de programação C/C++.

Na sequência são descritos os algoritmos utilizados para fins de comparação, as configurações de parâmetros, os resultados e análises propriamente dito.

### 5.1 ALGORITMOS UTILIZADOS NA COMPARAÇÃO DE RESULTADOS

Os experimentos foram executados com 6 modelos diferentes do *framework* ecológico. O primeiro modelo, o ECO, refere-se ao algoritmo canônico do *framework* ecológico, apresentado na Seção 2.1.12. Os modelos  $\text{ECO}_M$ ,  $\text{ECO}_A$ ,  $\text{ECO}_C$  e  $\text{ECO}_E$  referem-se ao *framework* ecológico utilizando somente as relações de mutualismo, altruísmo, competição e esclavagismo, respectivamente. O sexto modelo, o  $\text{ECO}_{\text{TODOS}}$ , refere-se ao *framework* ecológico utilizando as 4 relações simbióticas (mutualismo, altruísmo, competição e esclavagismo) de forma conjunta. Neste modelo a escolha da relação a ser aplicada em um determinado momento é realizada de forma aleatória.

Para a aplicação do *framework* ecológico nas funções *benchmark* foram utilizados dois algoritmos, a Otimização por Colônias de Abelhas Artificiais (Seção 2.1.11) e o algoritmo de Evolução Diferencial (Seção 2.1.10). Da mesma maneira, na aplicação do problema da mochila múltipla foram utilizados dois algoritmos, a Evolução Diferencial Binária e a sua versão adaptativa (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014a). A escolha desses algoritmos foi realizada pela característica de cada um dos problemas. As funções *benchmark* são problemas de otimização contínua enquanto o problema da mochila múltipla é um problema de otimização binária.

A seguir são apresentados os detalhes do algoritmo de Evolução Diferencial adap-

tado para problemas binários e sua versão com controle adaptativo de parâmetros.

### 5.1.1 Evolução Diferencial Binária

A Evolução Diferencial Binária (BDE) (KRAUSE; PARPINELLI; LOPES, 2012) é uma metaheurística populacional inspirada na Evolução Diferencial canônica (STORN; PRICE, 1997) e adaptada para lidar com problemas binários. Especificamente, o BDE é uma modificação da estratégia *rand/1/bin*.

No BDE, uma população de soluções candidatas com codificação binária e tamanho  $POP$  interagem uns com os outros. Cada vetor binário  $\vec{x}_i = [x_{i1}, x_{i2} \dots x_{iDIM}]$  de dimensão  $DIM$  é uma solução candidata para o problema e é avaliada por uma função objetivo  $f(\vec{x}_i)$  com  $i = [1, \dots, POP]$ . Da mesma maneira que o DE canônico, o BDE combina cada solução da população corrente com uma solução escolhida aleatoriamente através do operador de recombinação. A aplicação do operador de recombinação é controlado através do parâmetro  $PR$ . Portanto, a principal modificação para o DE canônico está na representação binária, onde é inserido um operador de mutação *bit-flip*. Esta modificação adiciona no algoritmo a capacidade de melhorar a habilidade de busca global, permitindo a diversidade. O operador de mutação é controlado através do parâmetro  $MUT$ . No BDE, a diversificação e intensificação da busca são realizados respectivamente pelos operadores de mutação e recombinação. O algoritmo do BDE é apresentado no Algoritmo 5.

#### 5.1.1.1 Evolução Diferencial Binária Adaptativa

O algoritmo da Evolução Diferencial Binária possui dois parâmetros importantes que podem influenciar diretamente na qualidade dos resultados obtidos, que são a taxa de recombinação ( $PR$ ) e a taxa de mutação ( $MUT$ ). A versão adaptativa da Evolução Diferencial Binária (aBDE) tem como objetivo controlar automaticamente estes dois parâmetros. Para alcançar isso, um conjunto de valores discretos é atribuído para cada um dos parâmetros. Uma vez definido o conjunto de valores para cada parâmetro, um único valor é escolhido a cada geração através da estratégia da roleta. A probabilidade de escolher um valor é inicialmente definida igualmente e é adaptada com base no critério de sucesso. Se um valor selecionado para um parâmetro produziu pelo menos um indivíduo na geração  $t + i$  que é melhor que o melhor indivíduo da geração  $t$ , então o valor de parâmetro é marcado com sucesso. Portanto, se no fim da geração  $t + 1$  o parâmetro obteve sucesso, sua probabilidade é incrementada com um valor  $\alpha$ , de modo contrário, se mantém igual. O  $\alpha$  é calculado por um função linear é apresentada na Equação 5.1.

$$\alpha = min + \left( \frac{max - min}{ITER} \times i \right) \quad (5.1)$$

**Algoritmo 5** Evolução Diferencial Binária

---

```

1: Parâmetros :  $DIM, POP, ITER, PR, MUT$ 
2: Gerar a população inicial aleatoriamente:  $\vec{x}_i \in \{0, 1\}^{DIM}$ 
3: Avaliar a população com a função objetivo  $f(\vec{x}_i)$ 
4: enquanto Critério de parada não sastifeito faça {Número máximo de ciclos}
5:   para  $i = 1$  até  $POP$  faça
6:     Selecionar um indivíduo aleatoriamente:  $k \leftarrow random\_integer(1, POP)$ , com
       $k \neq i$ 
7:     Selecionar uma dimensão aleatoriamente:  $j_{rand} \leftarrow random\_integer(1, DIM)$ 
8:      $\vec{y} \leftarrow \vec{x}_i$ 
9:     para  $j = 1$  até  $DIM$  faça
10:    se ( $random\_double(0, 100) < PR$ ) ou ( $j == j_{rand}$ ) então
11:      se ( $random\_double(0, 100) < MUT$ ) então
12:        BitFlip( $y_j$ ) {Mutação}
13:      senão
14:         $y_j \leftarrow x_{kj}$  {Recombinação}
15:      fim se
16:    fim se
17:  fim para
18:  Avaliar  $f(\vec{y})$ 
19:  se ( $f(\vec{y}) > f(\vec{x}_i)$ ) então {Seleção Gulosa}
20:     $\vec{x}_i \leftarrow \vec{y}$ 
21:  fim se
22: fim para
23: Localizar a melhor solução  $\vec{x}^*$ 
24: fim enquanto
25: Reportar os resultados obtidos

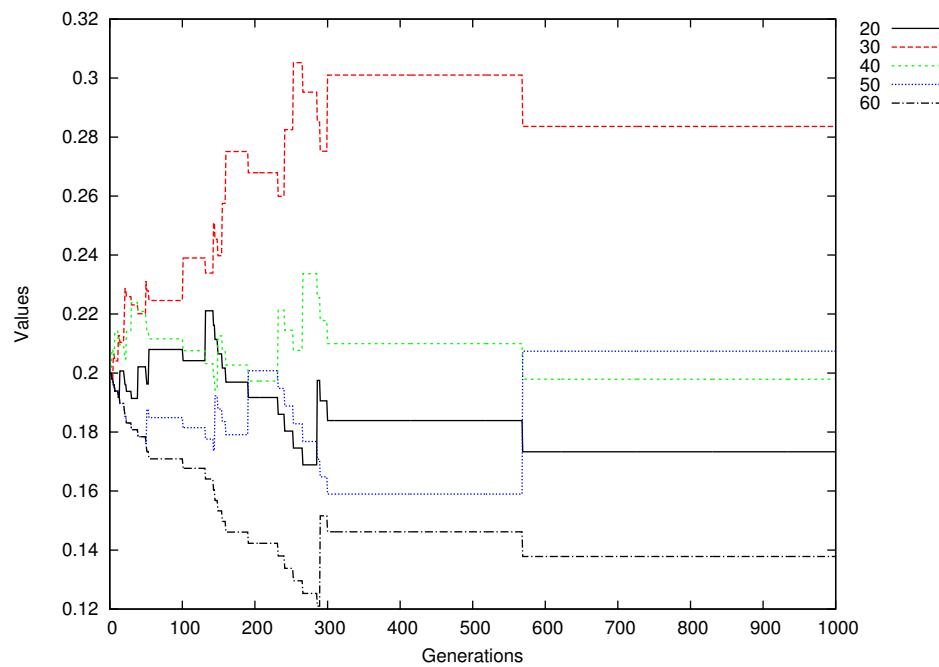
```

---

Onde  $ITER$  é o número de iterações,  $i$  é a iteração corrente,  $max$  e  $min$  são respectivamente os valores máximo e mínimo de  $\alpha$ . Após ajustar as probabilidades, os valores são normalizados entre 0 e 1. Para permitir uma chance mínima para cada um dos valores de parâmetros, um valor  $\beta$  é estabelecido.

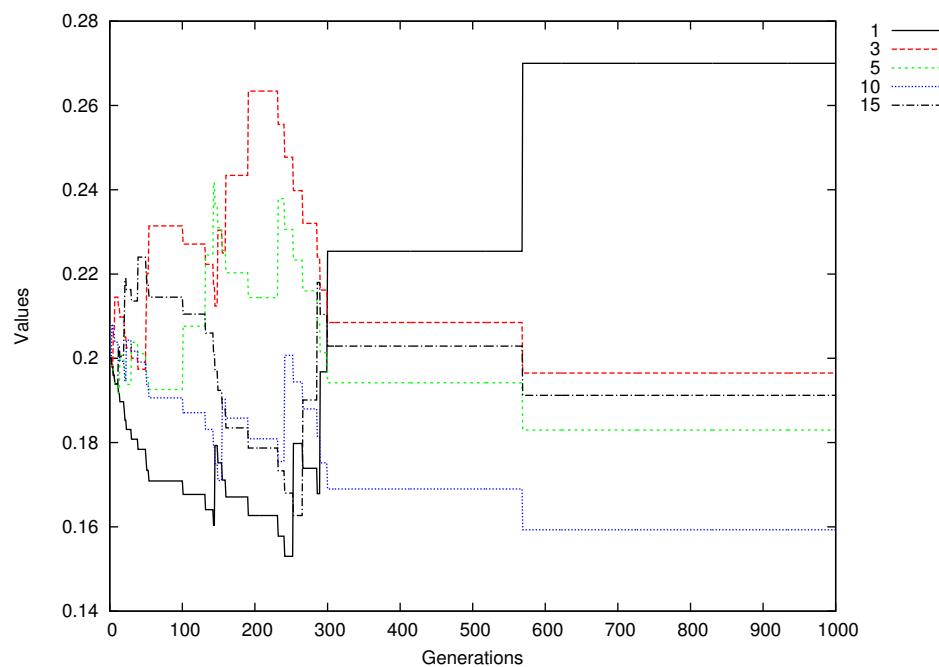
O comportamento das probabilidades dos valores dos parâmetros de taxa de recombinação e a taxa de mutação podem ser observados nas Figura 13 e 14, respectivamente. O gráfico de convergência é apresentado na Figura 15. Este exemplo ilustra uma execução bem sucedida, onde a otimização atingiu o ponto ótimo da instância PET7 do problema de MKP. Nas Figuras 13 e 14 é possível observar que nas primeiras gerações as probabilidades dos valores do parâmetro se alteram com mais frequência do que nas últimas gerações. Isto é explicado pela perca da diversidade e a convergência que ocorre durante o processo de otimização. Este comportamento permite uma heterogeneidade no processo de busca e dá ao algoritmo a capacidade de explorar melhor o espaço de busca. No ínicio do processo de otimização o método de adaptação é capaz de explorar os melhores valores do parâmetro, favorecendo-os até o final.

Figura 13 – Comportamento das probabilidades adaptativas para taxa de recombinação ( $PR$ ).



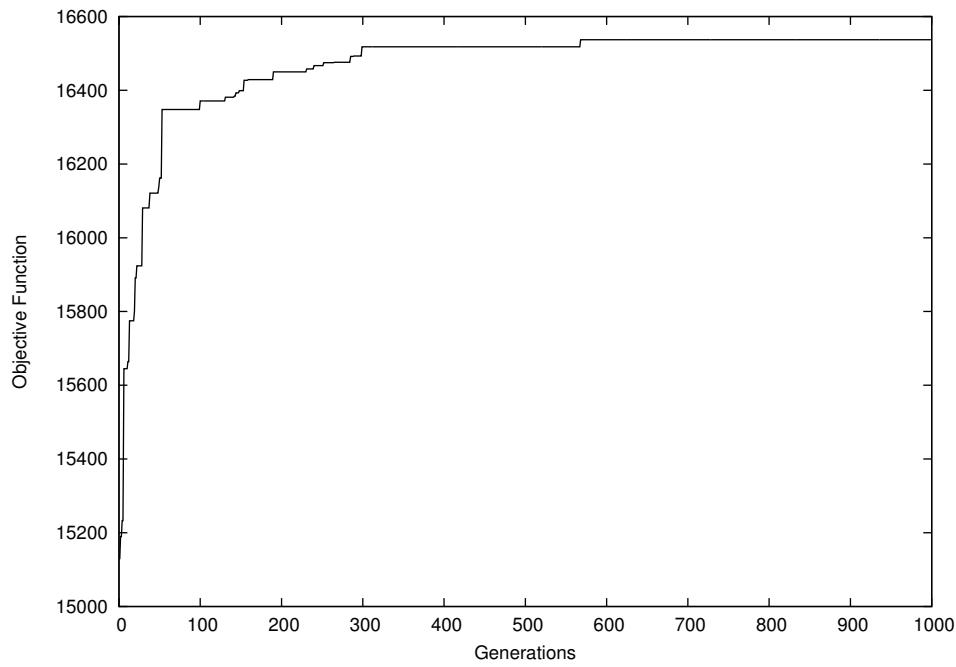
Fonte: (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014a)

Figura 14 – Comportamento das probabilidades adaptativas para taxa de mutação ( $MUT$ ).



Fonte: (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014a)

Figura 15 – Gráfico de convergência para a instância PET7



Fonte: (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014a)

## 5.2 CODIFICAÇÃO DAS SOLUÇÕES CANDIDATAS

A codificação das soluções candidatas é uma importante decisão de projeto e depende diretamente da classe de problemas sendo otimizada.

No problema MKP foi utilizado a codificação binária, onde 1 indica que o item está incluído na mochila e 0 indica que o item não está incluído. Na Figura 16 é apresentado um exemplo de uma solução candidata com 18 dimensões.

Figura 16 – Exemplo de uma solução candidata com codificação binária

0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Fonte: Produção do autor.

Devido as funções *benchmarks* serem um problema de otimização contínua, foi utilizada a codificação com números reais. Na Figura 17 é apresentado um exemplo de uma solução com 5 dimensões.

Figura 17 – Exemplo de uma solução candidata com codificação com números reais

0.45443	2.35345	-3.63576	1.04334	-0.98324
---------	---------	----------	---------	----------

Fonte: Produção do autor.

## 5.3 CONFIGURAÇÃO DE PARÂMETROS E TESTES ESTATÍSTICOS

Em todos os experimentos os parâmetros de configuração dos algoritmos foram definidos empiricamente (PARPINELLI; LOPES, 2012). A definição de valores-padrão e a análise da relação entre os parâmetros está fora do escopo deste trabalho e é apontado como trabalho futuro.

Em todos os experimentos os parâmetros do *ECO* utilizados foram  $POP-SIZE = 10$ ,  $N-POP = 100$ ,  $ECO-STEP = 500$ ,  $EVO-STEP = 200$  e  $T-SIZE = 5$ . Com essa configuração de parâmetros, a quantidade total de avaliações é de 100.000 para cada população.

Os valores-padrão recomendados na literatura são utilizados nos algoritmos empregados. O parâmetro *POP-SIZE* é um parâmetro comum entre todos os algoritmos e seu ajuste foi mencionado anteriormente. Para o algoritmo ABC, há somente um parâmetro de controle,  $limit = 100$ . Para o algoritmo DE, os parâmetros são  $F = 0.8$  e  $CR = 0.9$ . Para o algoritmo BDE, os parâmetros são  $MUT = 0.05$  e  $PR = 0.5$ . Para o algoritmo abDE, o conjunto de valores para o parâmetro  $PR$  foi definido como  $\{20, 30, 40, 50, 60\}$ ,  $MUT$  foi definido como  $\{1, 3, 5, 10, 15\}$ , os limites do parâmetro  $\alpha$  foi de  $[0.01, 0.1]$  e o  $\beta = 0.01$ .

Testes estatísticos são conduzidos para compreender melhor os resultados. Todos os testes foram executados utilizando o *R Statistical Computing*<sup>1</sup>. Uma comparação em pares foi realizada através do teste estatístico *Wilcoxon-Rank Sum*. O *Wilcoxon-Rank Sum* é um teste estatístico não paramétrico que tem como objetivo identificar diferenças significativas entre duas amostras independentes. Uma escolha deve ser feita no caso de existirem vários algoritmos para testar e é necessário escolher apenas dois deles para realizar a comparação pareada. A hipótese nula deste teste é que os resultados dos algoritmos são equivalentes. Quando o teste *Wilcoxon-Rank Sum* conduz a resultados significativos (rejeição da hipótese nula), é possível concluir que um algoritmo é diferente do outro. A análise estatística emprega um nível de significância de 5% para rejeitar a hipótese nula e permite concluir com alguma significância estatística se um algoritmo é melhor que o outro ou se são equivalentes.

## 5.4 RESULTADOS E ANÁLISES

Nessa seção são apresentados os resultados obtidos e suas respectivas análises na aplicação dos modelos propostos no problema da mochila múltipla e nas funções *bench-*

<sup>1</sup> Disponível em <http://www.r-project.org/>

*mark.*

### 5.4.1 Problema da Mochila Múltipla

A Tabela 9 apresenta os resultados obtidos para as instâncias *benchmarks* do problema da mochila múltipla utilizando o BDE. Há sete divisões na tabela, identificados pelas seguintes abordagens: BDE, ECO, ECO<sub>E</sub>, ECO<sub>A</sub>, ECO<sub>C</sub>, ECO<sub>M</sub> e ECO<sub>TODOS</sub>, respectivamente. Na abordagem BDE, o algoritmo evolui as soluções candidatas de maneira padrão, sem a troca de informação entre as populações. Cada linha da Tabela 9 representa uma instância do MKP (*B*) e apresenta a média e desvio padrão (*Avg±Std*) das melhores soluções encontradas, a quantidade de avaliações médias (*Ava.*) até obter a solução ótima, a melhor solução (*Melhor*) encontrada e a taxa de sucesso (*Suc.*). A última linha da tabela representa a média de avaliações (*Média*) utilizadas pela abordagem para atingir o ponto ótimo das instâncias do MKP.

A performance da Evolução Diferencial Binária (BDE) sem a coevolução através das formações de habitats foi de 100% para a maioria das instâncias, com exceção da 7 com 90%. O BDE utilizou uma alta quantidade de avaliações para atingir o ponto ótimo das instâncias, em média de 76298.72 avaliações. Já o ECO canônico, atingiu 100% de sucesso em todas as instâncias. Com a utilização do ECO, a quantidade de avaliações necessária para alcançar o ponto ótimo diminuiu significamente, em média de 3122.56 avaliações.

Analisando os resultados das abordagens com as relações simbióticas, é possível observar que todos atingiram 100% de sucesso em todas as instâncias. Um ganho de performance através da utilização das relações simbióticas pode ser observado analisando a quantidade de avaliações necessárias para atingir o ponto ótimo. Todas as abordagens simbióticas obtiveram uma quantidade de avaliações显著mente inferior em relação ao ECO, principalmente na abordagem ECO<sub>M</sub>, onde foi necessário em média de 2047.58 avaliações. Isto indica que a abordagem com a relação de mutualismo é capaz de identificar rapidamente as áreas mais promissoras do espaço de busca. Na Figura 18 é possível analisar através do gráfico de barras a diferença entre a quantidade média de avaliações necessárias para atingir o ponto ótimo em cada uma das abordagens.

A performance do modelo pode ser analisada através dos gráficos de convergência, diversidade fenotípica e diversidade genotípica da instância *PB1* (1), apresentados na Figura 19. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que a maioria dos modelos convergiram prematuramente, com exceção de BDE. A convergência prematura refletiu na perca das diversidades fenotípica e genotípica. Para as demais instâncias, o padrão do comportamento de convergência e de perca de diversidades foi o mesmo. Na Tabela 10 é apresentado o tempo de execução em segundos para cada modelo e instância.

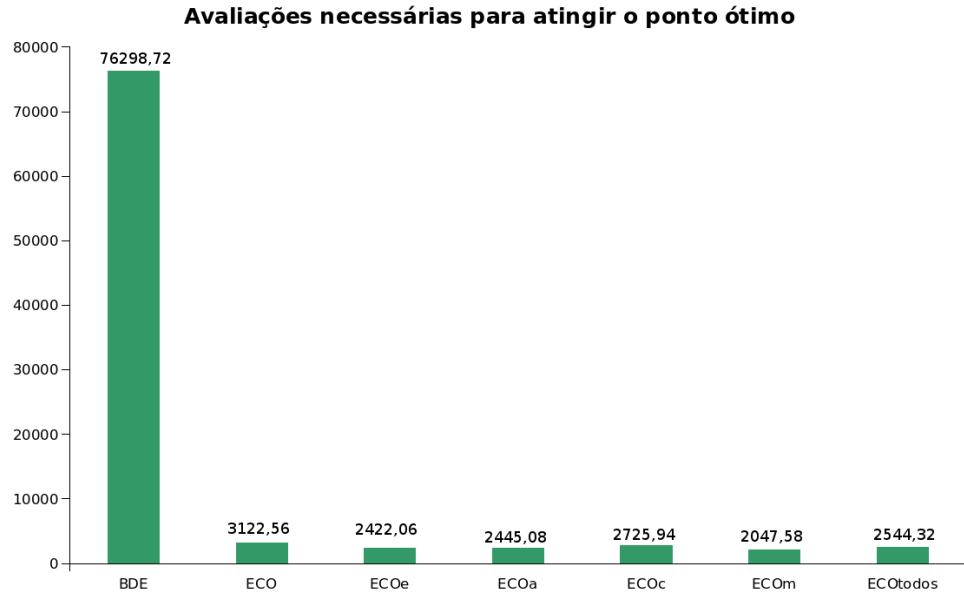
Tabela 9 – Resultados obtidos nas instâncias *benchmark* do problema da mochila múltipla com BDE

BDE					ECO				
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	
1	3090±0.0	88591.8±2375.0462	100%	3090	3090±0.0	2183.25±261.7590	100%	3090	
2	3186±0.0	96624.9±1382.0422	100%	3186	3186±0.0	3436.28±610.4780	100%	3186	
3	95168±0.0	29939.5±3176.9045	100%	95168	95168±0.0	1226.04±91.5979	100%	95168	
4	2139±0.0	86623±2343.6842	100%	2139	2139±0.0	2642.4±488.8893	100%	2139	
5	776±0.0	47277±4163.518	100%	776	776±0.0	1681.3±171.7691	100%	776	
6	1035±0.0	91127.5±1660.8126	100%	1035	1035± 0.0	2840.25±301.6337	100%	1035	
7	16535.7±3.9	98365.4±1506.4778	90%	16537	16537±0.0	4994.04±480.7586	100%	16537	
8	7772±0.0	60991.9±4165.1265	100%	7772	7772±0.0	2745.16±280.4471	100%	7772	
9	8722±0.0	95174.8±2114.2053	100%	8722	8722±0.0	3591.31±449.1248	100%	8722	
10	624319±0.0	73098.9±3385.9432	100%	624319	624319±0.0	4777.1±214.4219	100%	624319	
11	11191±0.0	71471.3±4768.0351	100%	11191	11191±0.0	4231.01±293.2372	100%	11191	
Média		76298.72				3122.56			
ECO <sub>E</sub>					ECO <sub>A</sub>				
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	
1	3090±0.0	1532.02±174.8424	100%	3090	3090±0.0	1623.87±355.8175	100%	3090	
2	3186±0.0	3486.27±495.5696	100%	3186	3186±0.0	3034.89±490.5849	100%	3186	
3	95168±0.0	796.631±47.7803	100%	95168	95168±0.0	883.655±80.4537	100%	95168	
4	2139±0.0	1783.15±282.3318	100%	2139	2139±0.0	1806.97±182.6821	100%	2139	
5	776±0.0	1008.07±187.0343	100%	776	776±0.0	1069.17±288.2374	100%	776	
6	1035± 0.0	2369.91±254.6686	100%	1035	1035± 0.0	2371.36±308.8859	100%	1035	
7	16537±0.0	3967.69±672.518	100%	16537	16537±0.0	4513.11±1274.6349	100%	16537	
8	7772±0.0	2079.53±640.6679	100%	7772	7772±0.0	2222.68±1130.1517	100%	7772	
9	8722±0.0	3332.18±731.8362	100%	8722	8722±0.0	3286.77±638.9478	100%	8722	
10	624319±0.0	3110.88±267.8912	100%	624319	624319±0.0	3175.68±264.2990	100%	624319	
11	11191±0.0	3186.33±363.0654	100%	11191	11191±0.0	3006.67±288.8197	100%	11191	
Média		2422.06				2454.08			
ECO <sub>C</sub>					ECO <sub>M</sub>				
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	
1	3090±0.0	1713.39±263.9968	100%	3090	3090±0.0	1539.25±222.3199	100%	3090	
2	3186±0.0	3338.1±643.2194	100%	3186	3186±0.0	3289.78±503.0832	100%	3186	
3	95168±0.0	886.686±67.7067	100%	95168	95168±0.0	805.678±51.4883	100%	95168	
4	2139±0.0	1964.37±272.4895	100%	2139	2139±0.0	1864.05±335.0641	100%	2139	
5	776±0.0	1192.07±116.1924	100%	776	776±0.0	944.545±101.3803	100%	776	
6	1035± 0.0	2455.47±390.3106	100%	1035	1035± 0.0	2058.4±350.1827	100%	1035	
7	16537±0.0	5323.83±1683.8916	100%	16537	16537±0.0	3984.8±880.0464	100%	16537	
8	7772±0.0	2192.51±324.6273	100%	7772	7772±0.0	1958.38±602.4444	100%	7772	
9	8722±0.0	3603.05±492.9140	100%	8722	8722±0.0	404.11±2.56	100%	8722	
10	624319±0.0	3819.85±381.3242	100%	624319	624319±0.0	3038.24±733.6991	100%	624319	
11	11191±0.0	3496.03±219.4509	100%	11191	11191±0.0	2636.15±251.6751	100%	11191	
Média		2725.94				2047.58			
ECO <sub>TODOS</sub>									
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor					
1	3090±0.0	1620.76±202.8870	100%	3090					
2	3186±0.0	3688.46±1027.9912	100%	3186					
3	95168±0.0	813.855±47.9196	100%	95168					
4	2139±0.0	2077.26±466.9311	100%	2139					
5	776±0.0	988.136±199.2045	100%	776					
6	1035± 0.0	2321.43±496.5278	100%	1035					
7	16537±0.0	4851.27±1007.3355	100%	16537					
8	7772±0.0	1842.58±313.5700	100%	7772					
9	8722±0.0	3626.49±1044.6452	100%	8722					
10	624319±0.0	3086.23±384.6108	100%	624319					
11	11191±0.0	3071.09±186.8041	100%	11191					
Média		2544.32							

Fonte: Produção do autor.

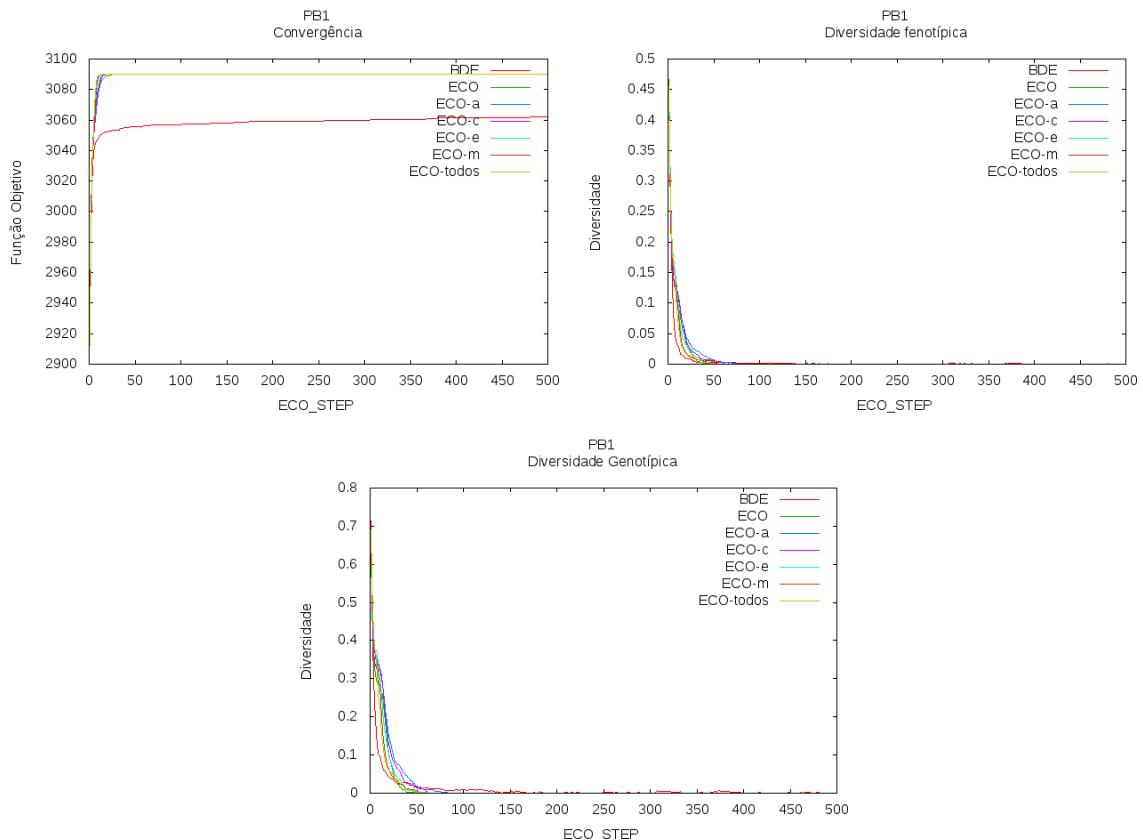
Na Tabela 11 são apresentados os resultados da Evolução Diferencial Binária Adapativa (aBDE), e as respectivas abordagens com o ECO. O aBDE atingiu 100% de sucesso na maioria das instâncias, com exceção da 7 com 90%. Apesar de atingir o ponto ótimo na

Figura 18 – Média de avaliações para atingir o ponto ótimo com o BDE



Fonte: Produção do autor.

Figura 19 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a instância PB1 com o BDE



Fonte: Produção do autor.

Tabela 10 – Tempo de execução em segundos para as instâncias do MKP com o BDE

Instância	BDE	ECO	ECO <sub>A</sub>	ECO <sub>C</sub>	ECO <sub>E</sub>	ECO <sub>M</sub>	ECO <sub>TODOS</sub>
1	199.33±0.82	201.44±0.50	199.33±0.67	199.89±0.87	196.22±0.63	199.22±0.79	199.00±0.67
2	247.44±0.50	233.56±0.50	245.89±0.99	250.00±0.94	245.11±1.20	251.56±0.83	244.22±1.55
3	211.00±0.00	222.67±0.47	206.78±0.42	219.22±0.63	214.11±0.57	225.11±0.57	214.00±0.47
4	157.67±0.47	164.33±0.47	154.89±0.57	160.44±0.50	157.11±0.57	165.11±0.31	156.67±0.47
5	311.00±0.47	301.22±0.42	296.33±0.82	296.00±0.82	292.44±1.07	293.78±0.63	298.00±0.82
6	262.33±0.47	273.22±0.42	278.33±0.47	268.33±0.47	271.44±0.96	270.00±0.47	248.89±0.57
7	356.44±0.50	356.33±0.67	349.56±3.59	350.56±2.67	364.00±2.05	396.00±1.94	338.67±2.40
8	421.56±0.50	426.44±0.68	418.78±1.99	422.56±1.57	425.67±1.76	418.78±1.31	420.44±0.96
9	416.11±0.31	414.44±0.68	407.56±1.57	410.89±0.99	408.11±1.97	404.11±2.56	412.44±1.77
10	718.44±0.50	719.22±1.23	711.56±4.00	812.11±2.38	717.67±1.41	710.78±4.08	721.11±1.59
11	599.78±0.63	607.44±0.50	610.89±1.45	606.22±1.40	617.56±0.68	604.00±0.94	606.33±1.05

Fonte: Produção do autor.

maioria das instâncias, o aBDE utilizou uma alta quantidade de avaliações, em média de 75404.66 avaliações. Já o ECO canônico atingiu 100% de sucesso em todas as instâncias e utilizou uma quantidade inferior de avaliações para atingir o ponto ótimo, em média de 2869.05 avaliações.

Analizando os resultados das abordagens com as relações simbióticas, é possível observar que todos atingiram 100% de sucesso em todas as instâncias. Um ganho de performance através da utilização das relações simbióticas pode ser observado analisando a quantidade de avaliações necessárias para atingir o ponto ótimo. Todas as abordagens simbióticas obtiveram uma quantidade de avaliações significamente inferior em relação ao ECO, principalmente na abordagem ECO<sub>E</sub>, onde foi necessário em média de 2291.49 avaliações. Isto indica que a abordagem com a relação de esclavagismo é capaz de identificar rapidamente as áreas mais promissoras do espaço de busca. Na Figura 20 é possível analisar através do gráfico de barras a diferença entre a quantidade média de avaliações necessárias para atingir o ponto ótimo em cada uma das abordagens.

A performance do modelo pode ser analisada através dos gráficos de convergência, diversidade fenotípica e diversidade genotípica da instância *PB1* (1), apresentados na Figura 21. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que a maioria dos modelos convergiram prematuramente, com exceção de aBDE. A convergência prematura refletiu na perca das diversidades fenotípica e genotípica. Para as demais instâncias, o padrão do comportamento de convergência e de perca de diversidades foi o mesmo. Na Tabela 12 é apresentado o tempo de execução em segundos para cada modelo e instância.

As abordagens BDE e aBDE obtiveram 100% de sucesso na maioria das instâncias, com exceção da instância 7 com 90%. A versão adaptativa utilizou uma quantidade inferior de avaliações para atingir o ponto ótimo, em média de 75404.66. Com a utilização do ECO canônico, as duas abordagens atingiram 100% de sucesso em todas as instâncias. Porém, a abordagem do ECO canônico com o aBDE utilizou uma quantidade inferior de avaliações, em média de 2869.05. Analisando as abordagens com as relações simbióticas, é possível

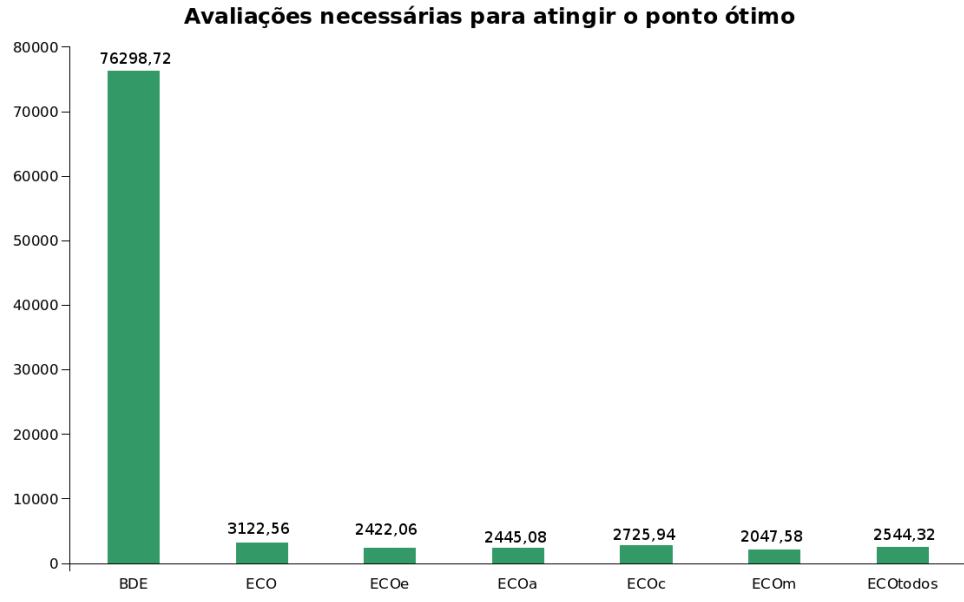
Tabela 11 – Resultados obtidos nas instâncias *benchmark* do problema da mochila múltipla com aBDE

aBDE									ECO											
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor		
1	3090±0.0	79749.5±2437.4086	100%	3090	3090± 0.0	2100.39±186.2635	100%	3090	1	3090±0.0	1789.95±102.8424	100%	3090	1	3090±0.0	1596.23±240.5297	100%	3090		
2	3186±0.0	92909.7±2110.4457	100%	3186	3186±0.0	3523.25±390.7976	100%	3186	2	3186±0.0	3110.75±485.4400	100%	3186	2	3186±0.0	3181.31±457.3382	100%	3186		
3	95168±0.0	22295±2842.7595	100%	95168	95168±0.0	1178.61±83.5422	100%	95168	3	95168±0.0	81209.4±2334.6564	100%	2139	4	2139±0.0	2139±0.0	2415.86±672.6252	100%	2139	
4	2139±0.0	81209.4±2334.6564	100%	2139	2139±0.0	776±0.0	1542.63±99.6708	100%	776	5	776±0.0	41824.7±5415.6095	100%	776	5	776±0.0	1542.63±99.6708	100%	776	
6	1035± 0.0	91147.8±2587.6375	100%	1035	1035± 0.0000	2586.28±241.8728	100%	1035	6	1035± 0.0	91147.8±2587.6375	100%	1035	7	16535.7± 3.9	16537±0.0	4418.16±338.4422	100%	16537	
7	16535.7± 3.9	97319.8±1955.4995	90%	16537	16537±0.0	7772±0.0	2822.18±236.0421	100%	7772	8	7772±0.0	66971.5±4661.1020	100%	7772	8	7772±0.0	7772±0.0	3863.71±507.1501	100%	8722
9	8722±0.0	96471±1423.7724	100%	8722	8722±0.0	3667.74±136.5833	100%	624319	10	624319±0.0	77295.4±5144.2150	100%	624319	10	624319±0.0	624319±0.0	3440.75±174.2757	100%	11191	
11	11191±0.0	82257.5±2223.2836	100%	11191	11191±0.0	2869.05			11	11191±0.0	75404.66			Média						
Média									2869.05											
ECO <sub>E</sub>									ECO <sub>A</sub>											
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor		
1	3090±0.0	1789.95±102.8424	100%	3090	3090±0.0	1596.23±240.5297	100%	3090	2	3186±0.0	3110.75±485.4400	100%	3186	3	95168±0.0	815.91±71.7764	100%	95168		
4	2139±0.0	2005.53±254.2633	100%	2139	2139±0.0	1986.21±295.4022	100%	2139	5	776±0.0	985.403±169.1612	100%	776	5	776±0.0	776±0.0	1100.29±361.3755	100%	776	
6	1035± 0.0	2321.15±204.0566	100%	1035	1035± 0.0	2371.36±308.8859	100%	1035	7	16537±0.0	3923.47±503.7413	100%	16537	7	16537±0.0	16537±0.0	4503.29±606.0873	100%	16537	
8	7772±0.0	1864.9±434.9611	100%	7772	7772±0.0	1888.41±603.1788	100%	7772	9	8722±0.0	3225.2±606.2087	100%	8722	9	8722±0.0	8722±0.0	3347.82±641.2636	100%	8722	
10	624319±0.0	2604.18±306.9576	100%	624319	624319±0.0	2772.64±216.4318	100%	624319	11	11191±0.0	2559.94±270.4153	100%	11191	11	11191±0.0	11191±0.0	2815.43±384.7710	100%	11191	
Média									2405.65											
ECO <sub>C</sub>									ECO <sub>M</sub>											
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor	B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor		
1	3090±0.0	1736.41±155.8708	100%	3090	3090±0.0	1684.2±237.2397	100%	3090	2	3186±0.0	3563.29±258.0252	100%	3186	3	95168±0.0	921.044±71.9547	100%	95168		
4	2139±0.0	2078.67±224.5297	100%	2139	2139±0.0	1931.16±312.3118	100%	2139	5	776±0.0	1152.65±135.0446	100%	776	5	776±0.0	776±0.0	932.789±116.7080	100%	776	
6	1035± 0.0	2681.29±374.3335	100%	1035	1035± 0.0	2407.48±817.8122	100%	1035	7	16537±0.0	5166.12±886.1081	100%	16537	7	16537±0.0	16537±0.0	3919.46±384.0611	100%	16537	
8	7772±0.0	1910.65±213.7334	100%	7772	7772±0.0	1518.32±156.8273	100%	7772	9	8722±0.0	3220.35±353.5276	100%	8722	9	8722±0.0	8722±0.0	3520.4±549.6682	100%	8722	
10	624319±0.0	2933.82±257.3089	100%	624319	624319±0.0	2359.69±316.6048	100%	624319	11	11191±0.0	2936.68±178.8889	100%	11191	11	11191±0.0	11191±0.0	2753.97±592.8883	100%	11191	
Média									2306.54											
ECO <sub>TODOS</sub>																				
B	Avg±Std	Ava.	Suc.	Melhor																
1	3090±0.0	1695.64±221.7097	100%	3090																
2	3186±0.0	3510.54±516.0853	100%	3186																
3	95168±0.0	912.655±67.7233	100%	95168																
4	2139±0.0	1848.02±257.7560	100%	2139																
5	776±0.0	1035.19±145.0659	100%	776																
6	1035± 0.0	2136.16±347.1142	100%	1035																
7	16537±0.0	4240.42±936.0996	100%	16537																
8	7772±0.0	1980.79±379.7177	100%	7772																
9	8722±0.0	3215.93±608.6356	100%	8722																
10	624319±0.0	2513.32±147.5418	100%	624319																
11	11191±0.0	2749.88±280.1676	100%	11191																
Média									2348.96											

Fonte: Produção do autor.

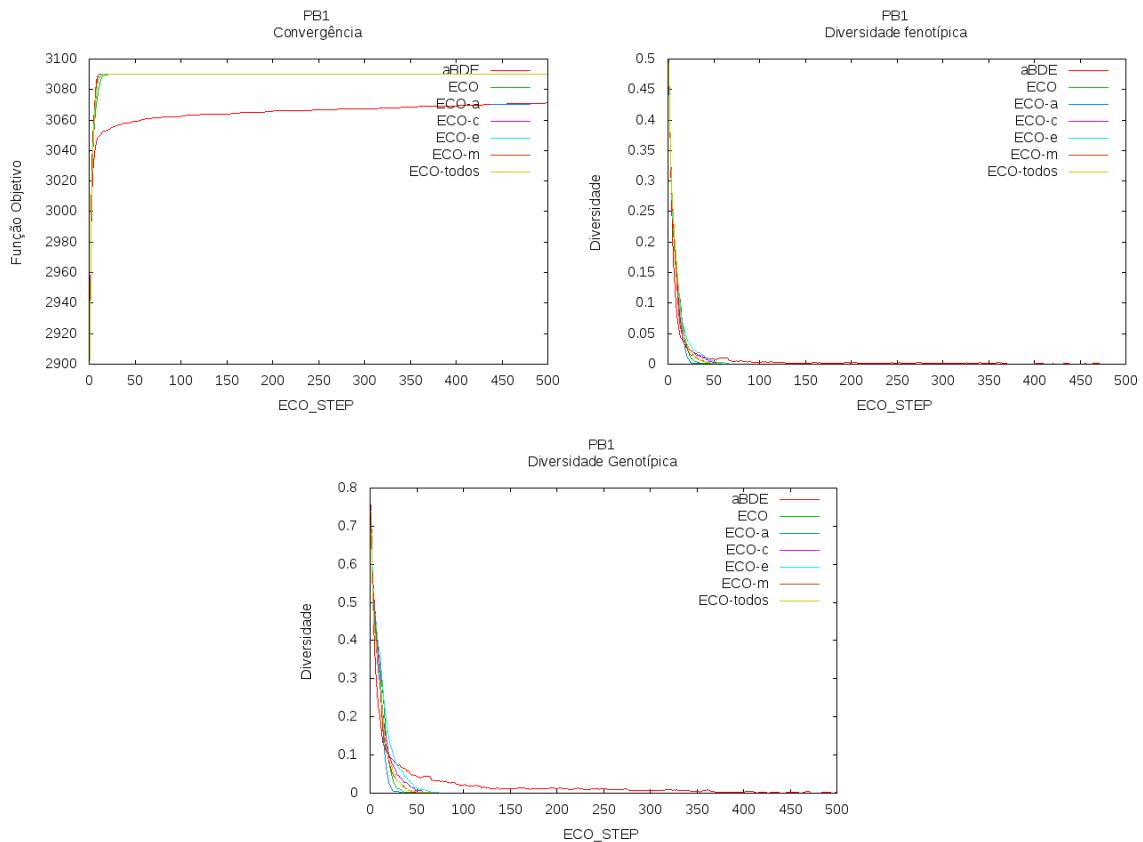
observar que todos atingiram 100% de sucesso em todas as instâncias. A abordagem ECO<sub>M</sub> com o BDE utilizou a menor quantidade de avaliações para atingir o ponto ótimo, em média 2047.58. As demais abordagens com relações simbióticas obtiveram um desempenho

Figura 20 – Média de avaliações para atingir o ponto ótimo com o aBDE



Fonte: Produção do autor.

Figura 21 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a instância PB1 com o aBDE



Fonte: Produção do autor.

Tabela 12 – Tempo de execução em segundos para as instâncias do MKP com o aBDE

Instância	aBDE	ECO	ECO <sub>A</sub>	ECO <sub>C</sub>	ECO <sub>E</sub>	ECO <sub>M</sub>	ECO <sub>TODOS</sub>
1	200.33±0.47	199.22±0.42	203.11±0.87	180.78±0.42	198.11±0.57	193.22±0.63	183.78±0.42
2	246.11±0.31	247.56±0.50	240.44±0.68	228.78±0.63	237.44±1.64	191.44±0.83	231.89±0.57
3	210.44±0.50	212.78±0.42	212.56±0.50	161.00±0.47	212.67±0.47	204.56±0.50	206.33±0.47
4	164.33±0.47	160.44±0.50	147.78±0.92	137.44±0.50	157.89±0.57	136.89±0.57	139.00±0.00
5	288.78±0.42	286.67±0.67	315.33±0.94	272.89±0.74	281.22±0.92	223.44±0.68	217.78±0.63
6	265.44±0.50	266.67±0.47	263.67±0.82	242.22±0.42	258.00±0.67	243.00±0.67	245.44±0.50
7	350.56±0.50	351.22±0.79	347.67±1.49	331.22±1.87	339.78±1.23	331.33±0.67	363.00±1.89
8	422.56±0.50	424.22±0.79	421.33±0.67	405.67±1.33	420.11±1.20	331.22±1.31	408.11±1.52
9	414.11±0.74	411.11±0.57	417.11±1.59	402.78±1.31	393.56±1.26	398.44±1.26	328.11±1.20
10	696.67±0.67	665.00±0.67	720.89±1.37	744.33±1.94	700.44±2.45	676.78±2.53	680.11±1.37
11	608.22±0.63	607.11±0.87	604.89±1.45	455.33±0.47	610.67±0.94	568.00±1.05	583.67±0.82

Fonte: Produção do autor.

competitivo em comparação com o ECO<sub>M</sub>.

#### 5.4.2 Funções *Benchmark*

Nos experimentos com as funções *benchmark* foram utilizados 10 execuções independentes com as populações iniciais geradas aleatoriamente. As funções *benchmark* foram utilizadas com 200 dimensões. A Tabela 13 apresenta os resultados obtidos utilizando o ECO com o algoritmo ABC. Há oito colunas na tabela, onde a primeira identifica a função e as demais colunas identificam as seguintes abordagens: ABC, ECO, ECO<sub>E</sub>, ECO<sub>A</sub>, ECO<sub>C</sub>, ECO<sub>M</sub> e ECO<sub>TODOS</sub>, respectivamente. Na abordagem ABC, o algoritmo evolui as soluções candidatas de maneira padrão, sem a troca de informação entre as populações. A linha de cada função representa a média e o desvio padrão dos resultados obtidos para cada abordagem. O valor em negrito em cada linha corresponde ao melhor resultado dentre os demais, considerando a análise estatística. Na Tabela 13 é possível observar que a abordagem ECO<sub>M</sub> obteve melhores resultados em 9 funções. Portanto, a abordagem ECO<sub>M</sub> foi escolhida como abordagem base para verificar os resultados com teste estatístico *Wilcoxon-Rank Sum*. A Tabela 14 apresenta os resultados do teste de *Wilcoxon-Rank Sum* e os valores em negrito indicam que os resultados são significamente diferentes, ou seja, menores que a significância estatística de 5%.

A última linha da Tabela 13 resume a performance de cada abordagem comparada com o ECO<sub>M</sub>. (B) refere-se ao número de funções que a abordagem referida foi estatisticamente melhor que o ECO<sub>M</sub>, (S) apresenta o número de funções que a abordagem referida foi estatisticamente igual a ECO<sub>M</sub>, e (W) apresenta o número de funções que a abordagem referida foi estatisticamente pior que ECO<sub>M</sub>.

Analizando o ABC e ECO pode-se observar que o ABC obteve resultados significativamente melhores em 15 funções, enquanto a abordagem inspirada na ecologia obteve resultados melhores em 10 funções. As duas abordagens obtiveram resultados estatisticamente iguais em 5 funções. O uso de populações coevolucionárias através das interações

ecológicas permite o ganho de performance (PARPINELLI; LOPES, 2012), com esta quantidade de populações o desempenho do ECO foi competitivo com ABC.

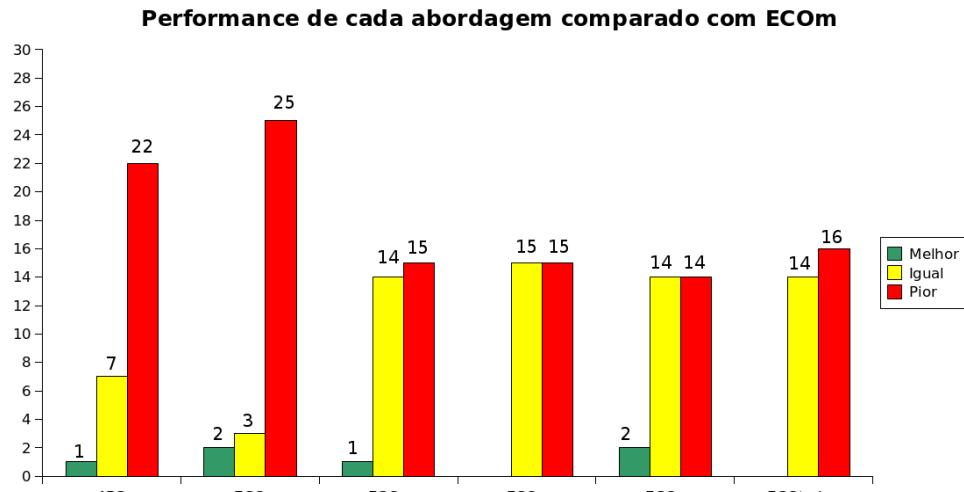
Analizando os resultados é possível observar que na maioria das funções, todas as abordagens simbióticas obtiveram resultados melhores que o ECO canônico e o ABC. O  $ECO_M$  obteve melhores resultados em 25 funções comparada com o ECO. Comparado com o ABC, o  $ECO_M$  obteve melhores resultados em 22 funções. Isto indica que o uso de relações simbióticas favorece o balanço entre a exploração e intensificação durante o processo de busca. Esta vantagem pode ser observada quando comparado o  $ECO_M$  com as demais abordagens simbióticas. Na Figura 22 é apresentado através do gráfico de barras a performance de cada abordagem em comparação com o  $ECO_M$ .

A boa performance do  $ECO_M$  pode ser explicada pela escolha de bons indivíduos para trocar informações através da fronte de Pareto. A fronte de Pareto para o  $ECO_M$  é proporcional com o objetivo sendo otimizado: minimização. Também, como na Natureza, as relações mutualísticas beneficiam ambas populações e no contexto da otimização, contribui para uma melhor exploração do espaço de busca. Isto indica que o modelo tem uma melhor habilidade para identificar áreas promissoras no espaço de busca.

Tabela 13 – Resultados obtidos com ECO composto com o algoritmo ABC

<i>f</i>	ABC	ECO	ECO <sub>E</sub>	ECO <sub>A</sub>	ECO <sub>C</sub>	ECO <sub>M</sub>	ECO <sub>TODOS</sub>
1	0.00203408±0.000222637	0.377405±0.385433	4.9291e-08±7.03427e-09	6.15049e-08±6.2142e-09	4.50538e-07±5.28139e-08	<b>2.61053e-09±4.40281e-10</b>	5.17796e-08±9.16461e-09
2	-121989±604.337	-116352±3858.14	-128079±3434.7	-127768±1827.44	-127789±2841.49	-126668±3439.94	-127126±3895.49
3	7.54025e-16±5.4088e-16	9.5534e-15±2.86602e-14	0±0	0±0	0±0	0±0	0±0
4	3.22868e-09±9.29107e-10	5.29961e-09±1.38013e-08	1.62468e-17±4.04649e-18	6.36957e-10±1.91087e-09	1.06109e-15±5.86443e-16	<b>3.77855e-20±5.83164e-20</b>	1.96715e-17±1.76931e-17
5	2.03277e-06±5.0786e-07	0.225381±0.247236	0.00331405±0.00506268	2.55231e-07±7.08741e-07	0.0122092±0.03313	<b>2.25566e-10±6.76698e-10</b>	0.0110728±0.0297615
6	-395.54±1.67562	-406.131±3.74798	-418.923±0.177472	-418.924±0.177566	-418.983±0	-418.983±0	-418.983±0
7	5.18524e-09±1.05312e-09	1.25207e-08±3.75611e-08	4.0205e-16±7.92988e-16	9.80119e-17±2.69634e-17	8.36609e-15±2.27286e-15	<b>1.58293e-18±1.60447e-19</b>	9.83644e-17±1.53514e-17
8	1.15159e-08±3.95504e-09	0.008953±0.0268584	1.21889e-16±2.91188e-17	1.10536e-16±4.28523e-17	8.10579e-15±1.58465e-15	<b>6.15076e-18±1.20603e-19</b>	1.204e-16±3.64228e-17
9	-187.854±1.09071	-194.178±0.727107	-198.728±0.0911691	-198.665±0.112911	-199.425±2.84217e-14	-198.802±0.188378	-198.82±0.153228
10	-7.02689±0.1423	-6.61798±0.328966	-8.2225±0.00288536	-8.16939±0.104179	-8.21549±0.024498	-8.22366±1.77636e-15	-8.22335±0.000822875
11	0.000707792±6.36959e-05	1.56728e-07±5.89226e-08	1.48872e-09±1.74256e-10	1.41479e-09±1.29206e-10	2.36668e-08±2.22288e-09	<b>4.11979e-11±4.82884e-12</b>	1.53835e-09±2.02995e-10
12	<b>0.46318±0.056028</b>	9.56605±3.06485	4.08363±1.66153	2.81374±0.641648	4.15748±1.39571	1.69881±0.470187	3.6917±1.5266
13	-387.541±2.70276	-390.809±10.3773	-413.778±9.80026	-414.062±9.93178	-415.493±5.72763	-414.431±9.56933	-414.786±6.99247
14	13.5307±1.22125	32.5721±7.59064	1.79119±1.16056	2.38852±1.79069	1.05414e-11±3.08536e-12	0.000255332±0.000747993	0.696522±0.777108
15	15.2362±5.97161	189.203±194.139	33.0064±23.7107	51.9808±80.7098	98.4916±83.488	24.0824±40.9955	23.0386±20.36
16	14.5068±0.481312	26.6322±4.21417	16.2005±2.68918	17.7106±1.86924	14.4513±2.02727	14.5701±1.19417	17.2549±3.1368
17	26.4582±3.55271e-15	<b>14.1778±1.61709</b>	23.9574±0.481491	23.9574±0.481491	26.2368±0.4428	22.105±0.705456	24.2754±0.476159
18	0.00038143±3.00324e-05	2.60846e-05±5.36007e-05	2.87721e-09±2.93071e-10	2.91703e-09±3.93465e-10	5.02572e-08±5.06757e-09	<b>8.06126e-11±6.56172e-12</b>	3.09272e-09±3.23529e-10
19	-139.979±0.00352278	-138.378±0.514048	-140±0	-139.999±0.0024	-140±0	-140±0	-140±0
20	-180±0	-180±0	-180±0	-180±0	-180±0	-180±0	-180±0
21	-317.838±1.36462	-294.017±6.76254	-329.158±0.868645	-326.634±2.33185	-329.602±0.796	-330±0	-328.974±1.04476
22	493.647±43.6459	2703.9±4316.31	484.747±33.6823	480.62±39.9338	527.802±54.7806	471.789±31.7605	464.324±43.3912
23	62.1466±4.59248	281.819±80.2852	130.655±55.8125	151.026±79.8095	115.662±38.9575	75.9202±32.7028	141.527±50.9087
24	-302.478±2.27555	-355.45±4.86643	-352.928±5.06575	-353.674±5.99067	-354.246±4.19879	-349.442±4.04413	-349.648±4.29522
25	-450±0	-450±0	-450±0	-450±0	-450±0	-450±0	-450±0
26	-23.8262±0.0214037	-23.8435±0.0703399	-24.0598±0.000502096	-24.0577±0.00699	-24.06±0	-24.06±0	-24.06±0
27	4.06188e-07±1.14043e-07	2.02883e-11±3.14457e-11	1.10649e-14±2.6267e-15	7.03694e-15±2.16065e-15	6.4524e-13±1.34361e-13	<b>2.43244e-17±5.13437e-18</b>	9.20008e-15±3.55555e-15
28	4.42378e-07±8.60896e-08	9.22226e-12±3.21934e-12	1.03136e-14±1.7791e-15	7.46472e-15±2.29927e-15	6.39152e-13±1.12192e-13	<b>2.45004e-17±6.08323e-18</b>	8.90022e-15±3.17756e-15
29	17.1707±1.36202	86.0145±25.4082	31.3676±11.9996	30.4706±14.7412	38.4057±26.6209	20.9426±10.8214	29.2591±11.3419
30	2672.95±45.9518	<b>849.768±215.763</b>	1619.6±159.503	1601.06±119.62	1611.31±215.217	1526±133.081	1620.85±200.174
b/s/w	1/7/22	2/3/25	1/14/15	0/15/15	2/14/14		0/14/16

Fonte: Produção do autor.

Figura 22 – Performance de cada abordagem comparada com o  $ECO_M$ 

Fonte: Produção do autor.

Os resultados obtidos dos modelos com relações simbióticas atingiram o ponto ótimo nas funções 3, 6, 19, 20, 21, 25 e 26. Nas funções 20 e 25, todos os modelos experimentados atingiram o ponto ótimo. Isto indica que estas funções não foram desafiadoras. A performance dos modelos pode ser analisadas através dos gráficos de convergência, diversidade fenotípica e diversidade genotípica da função *Shifted Griewank* (20), apresentados Figura 23. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que a maioria dos modelos convergiram prematuramente, com exceção do ABC. Uma vez que todos os modelos atingiram o ponto ótimo, pode-se concluir que a função não foi desafiadora para os métodos de otimização. A convergência prematura refletiu na perca das diversidades fenotípica e genotípica. Devido a falta de interação entre as populações, o ABC manteve a diversidade por mais tempo. Para os modelos coevolutivos, no final do processo de otimização há um aumento significativo das diversidades, este comportamento é o resultado da estratégia de busca do algoritmo ABC. Quando as soluções não são melhoradas até um determinado número de iterações (*limit*), estas soluções são substituídas por novas soluções geradas aleatoriamente. Para as demais funções que não foram desafiadoras, o padrão de comportamento de convergência e de perca de diversidades foi o mesmo.

Para as funções 1, 4, 5, 7, 8, 9, 11, 14, 18, 27, 28, os modelos experimentados obtiveram resultados próximos do ponto ótimo. Estas funções apresentaram um grau de dificuldade maior para os métodos de otimização. Na função *Ackley* (1), o modelo que obteve a melhor performance foi o  $ECO_M$ . Na Figura 24 são apresentados os gráficos de convergência, diversidade fenotípica e genotípica. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que o modelo  $ECO_M$  uma convergência maior em relação aos demais modelos. A convergência é refletida na perca de diversidade genotípica e fenotípica. No gráfico de diversidade fenotípica é interessante notar que o modelo  $ECO_M$  foi

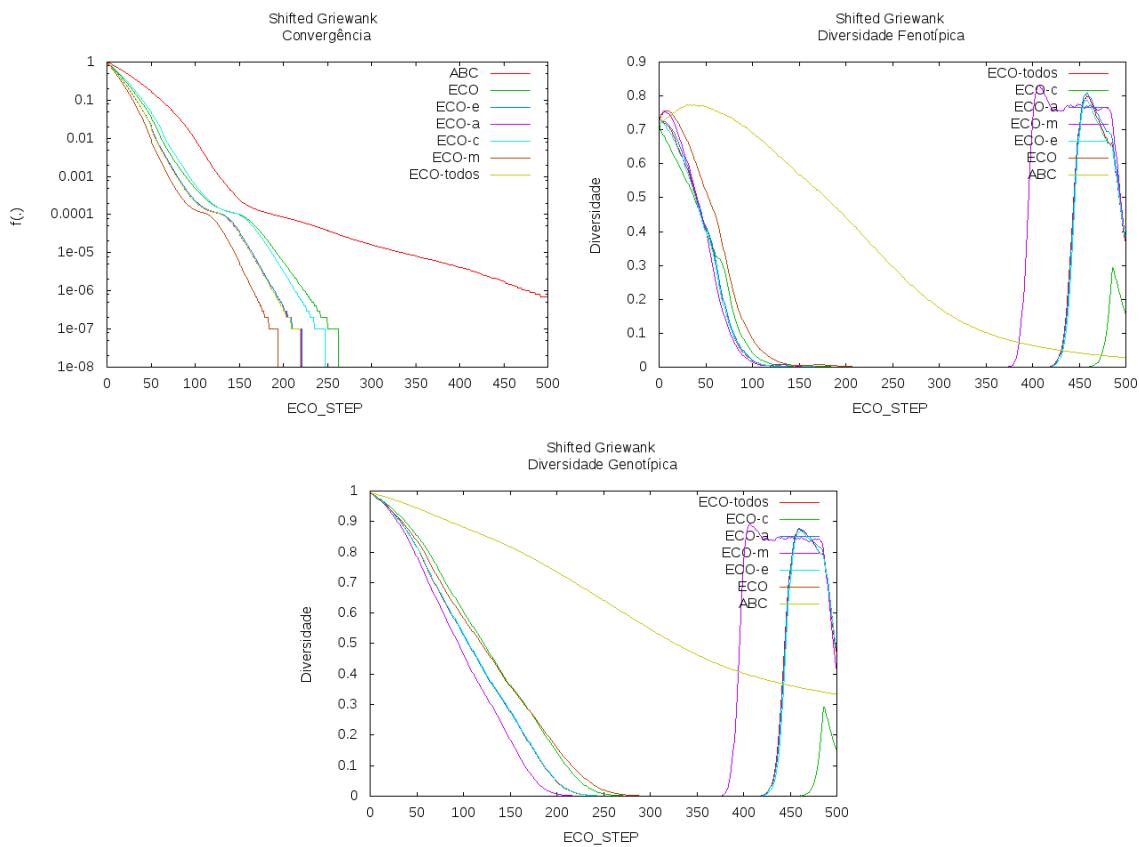
Tabela 14 – Resultados para o teste de Wilcoxon. Pareamento de  $\text{ECO}_M$  com os demais.

<i>f</i>	ABC	ECO	ECO <sub>E</sub>	ECO <sub>A</sub>	ECO <sub>C</sub>	ECO <sub>TODOS</sub>
1	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
2	<b>0.01448</b>	<b>0.005099</b>	0.5049	0.3066	0.5633	0.8939
3	<b>0.003857</b>	0.3711	1	1	1	1
4	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
5	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.01448</b>	<b>0.02938</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.02338</b>
6	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	0.1814	0.3711	1	1
7	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
8	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
9	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	0.1973	0.1	<b>0.003857</b>	1
10	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	0.1003	0.1003	0.3711	0.1814
11	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
12	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.006692</b>	<b>0.008719</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
13	<b>0.003857</b>	<b>0.005099</b>	0.7557	0.9645	0.3983	0.8939
14	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.005077</b>	<b>0.005099</b>	0.3066	<b>0.03667</b>
15	0.7557	<b>0.008719</b>	0.1	0.08296	<b>0.02338</b>	0.3505
16	1	<b>0.003857</b>	0.08296	<b>0.003857</b>	0.8939	<b>0.01448</b>
17	<b>0.003434</b>	<b>0.00377</b>	<b>0.003736</b>	<b>0.008316</b>	<b>0.003617</b>	<b>0.00365</b>
18	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
19	<b>0.003822</b>	<b>0.003857</b>	1	0.3711	1	1
20	1	1	1	1	1	1
21	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.005922</b>	<b>0.005889</b>	0.1736	<b>0.009152</b>
22	0.1	<b>0.003857</b>	0.4498	0.23	<b>0.01847</b>	0.3983
23	0.23	<b>0.003857</b>	<b>0.01128</b>	<b>0.02938</b>	<b>0.02938</b>	<b>0.02338</b>
24	<b>0.003857</b>	<b>0.005099</b>	<b>0.02338</b>	0.1197	<b>0.008719</b>	0.6248
25	1	1	1	1	1	1
26	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	0.1814	0.3711	1	1
27	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
28	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
29	0.3505	<b>0.003857</b>	0.1	0.1424	0.1	<b>0.03667</b>
30	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	0.1197	0.05593	0.3983	0.4498

Fonte: Produção do autor.

o primeiro a iniciar o processo de diversificação e apresentou o maior pico de diversidade ( $\text{ECO\_STEP} = 50$ ), com exceção do ABC. Após identificar uma região promissora no espaço de busca, o modelo  $\text{ECO}_M$  iniciou o processo de intensificação que levou a perca de toda a diversidade. Os modelos  $\text{ECO}_C$ ,  $\text{ECO}_A$ ,  $\text{ECO}_E$  e  $\text{ECO}_{\text{TODOS}}$  apresentaram um padrão de comportamento semelhante, porém mais lento, que os levaram a um resultado inferior. O ECO não conseguiu convergir, ficando preso em um ponto local. Já o ABC apresentou uma quantidade alta de diversidade, porém sem a coevolução o modelo não conseguiu identificar rapidamente as regiões mais promissoras do espaço de busca. Através desses gráficos pode-se concluir que a perca de diversidade foi o fator determinante que dificultou os modelos de alcançar o ponto ótimo das funções. Este mesmo comportamento foi observado para as demais funções de dificuldade moderada.

Figura 23 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Shifted Griewank

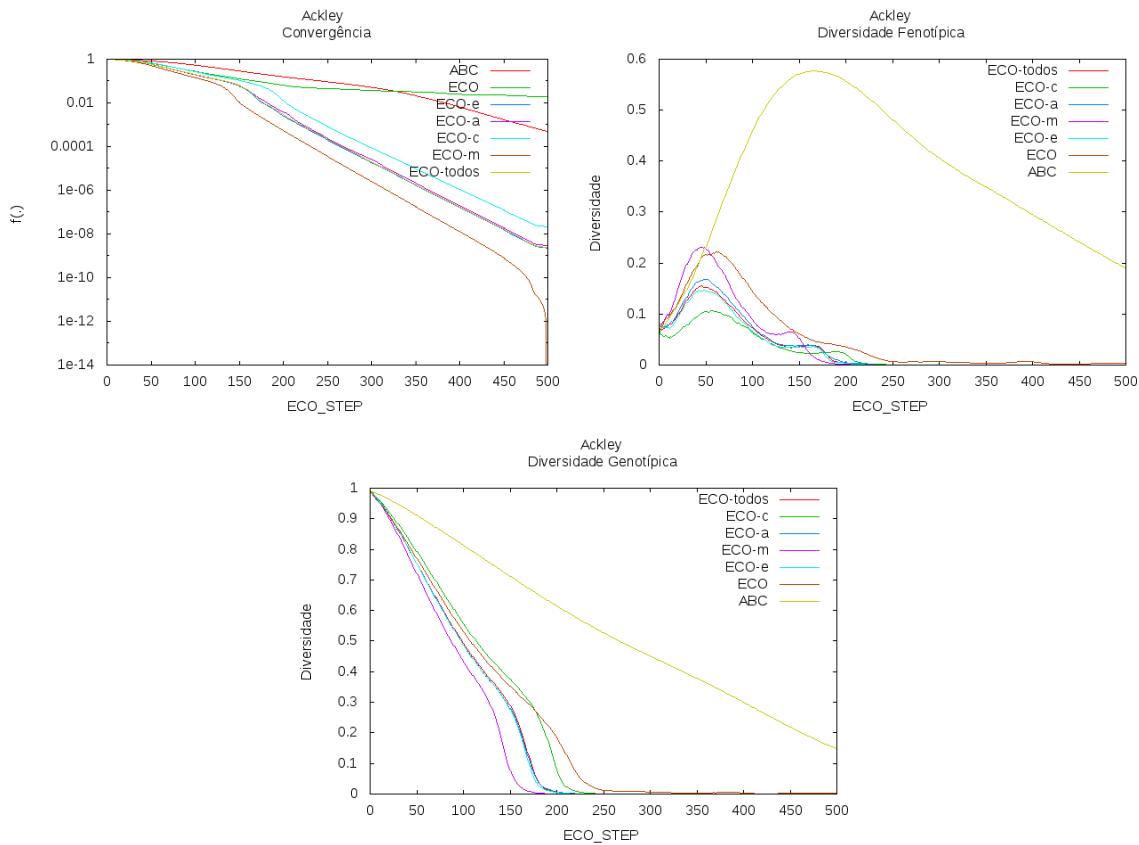


Fonte: Produção do autor.

Para as funções 2, 12, 13, 15, 16, 17, 22, 23, 24, 29 e 30, os modelos experimentados obtiveram resultados razoavelmente distantes do ponto ótimo das funções. Estas funções apresentaram um alto grau de dificuldade para os métodos de otimização. Na função *Zakharov* (30), o modelo que obteve a melhor performance foi o ECO. Na Figura 25 é apresentado os gráficos de convergência, diversidade fenotípica e genotípica. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que houve uma convergência prematura para todos os modelos. Isto indica que existe um forte atrator na superfície de busca da função. O ECO foi o único modelo que foi capaz de escapar deste ponto local e conseguiu convergir mais durante o processo de otimização. Em relação a diversidade fenotípica, os modelos obtiveram um comportamento semelhante. Pode-se destacar que o ECO conseguiu manter a diversidade durante o processo de otimização que resultou em sua boa performance. Já o ABC, novamente, não foi capaz de intensificar a busca. O mesmo comportamento é apresentado na diversidade genotípica. Este mesmo comportamento foi observado para as demais funções desafiadoras.

Em geral, pode-se observar que o modelo de relações simbióticas apresentou uma maior capacidade de intensificação da busca. Esta capacidade é refletida na perda das

Figura 24 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Ackley



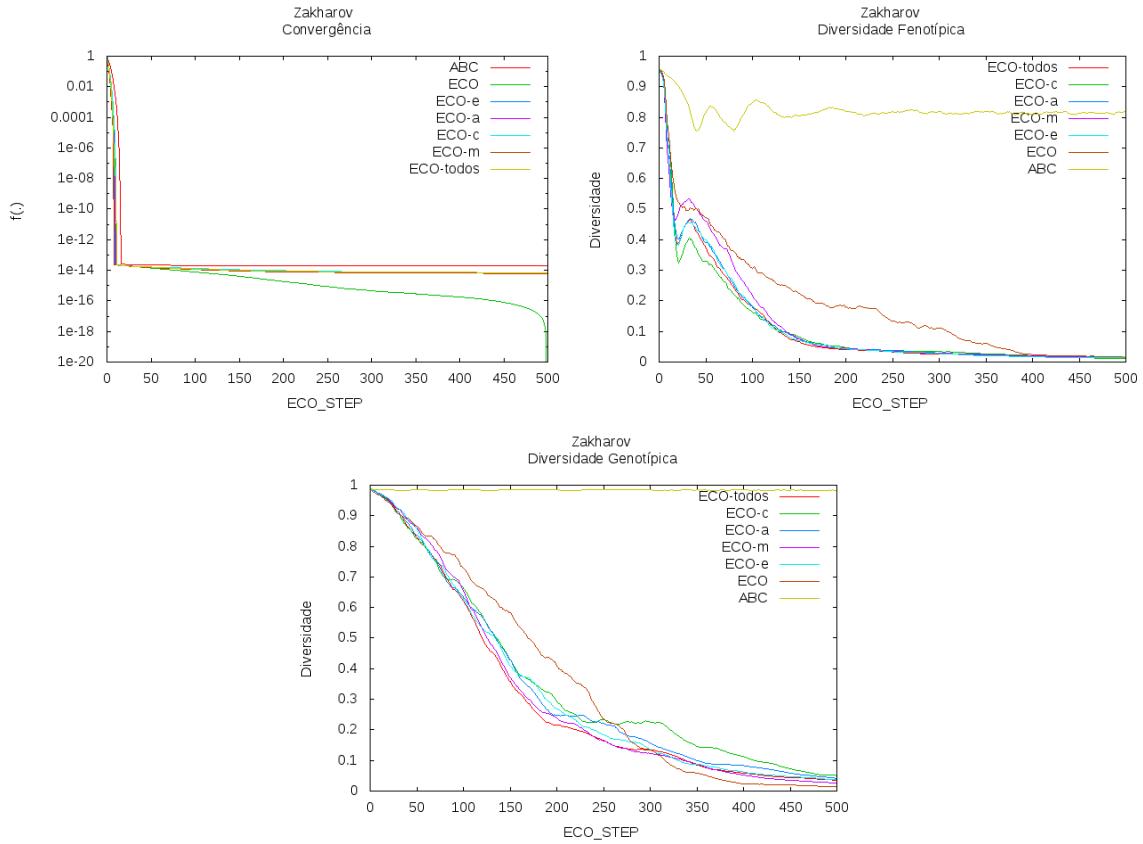
Fonte: Produção do autor.

diversidades genotípica e fenotípica durante o processo de otimização. Um nível alto de intensificação pode levar a otimização estagnar em um ponto local. Porém a intensificação realizada pelo modelo de relações simbióticas levou a obter resultados melhores. Isso pode ser explicado pelo fato que o modelo foi capaz de identificar com mais eficiência as regiões mais promissoras do espaço de busca e consequentemente explora-las por mais tempo.

A Tabela 15 apresenta a média e o desvio padrão do tempo em segundos necessário para executar cada modelo em cada função. Através da tabela é possível observar que o modelo de relações simbióticas incrementou o tempo de processamento, porém, o tempo acrescentado não é significante quando comparado com a boa performance obtida pelo  $ECO_M$ .

O modelo de relações simbóticas também foi utilizado com o algoritmo da Evolução Diferencial. O DE foi utilizado para analisar se o padrão de comportamento das relações simbióticas é o mesmo observado com o ABC. Foram utilizadas 6 funções para realizar esta análise, ou seja, duas funções de cada categoria observada nos resultados com o ABC. As três categorias são: não desafiador, moderado e desafiador. A quantidade de funções foi reduzida devido ao tempo de execução do DE ser significativamente superior ao ABC.

Figura 25 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Zakharov



Fonte: Produção do autor.

A Tabela 16 apresenta os resultados obtidos. Há oito colunas na tabela, onde a primeira identifica a função e as demais colunas identificam as seguintes abordagens: DE, ECO, ECO<sub>E</sub>, ECO<sub>A</sub>, ECO<sub>C</sub>, ECO<sub>M</sub> e ECO<sub>TODOS</sub>, respectivamente. Na abordagem DE, o algoritmo evolui as soluções candidatas de maneira padrão, sem a troca de informação entre as populações. A linha de cada função representa a média e o desvio padrão dos resultados obtidos para cada abordagem. O valor em negrito em cada linha corresponde ao melhor resultado dentre os demais, considerando a análise estatística. Na Tabela 16 é possível observar que as abordagens ECO e ECO<sub>M</sub> obtiveram o melhor resultado em uma função cada um, respectivamente. Devido os resultados do ECO<sub>M</sub> serem melhores na maioria das funções, esta abordagem foi escolhida para verificar os resultados com o teste estatístico *Wilcoxon-Rank Sum*. A Tabela 17 apresenta os resultados do teste *Wilcoxon-Rank Sum* e os valores em negrito indicam que os resultados são significamente diferentes, ou seja, menores que a significância estatística de 5%.

A última linha da Tabela 16 resume a performance de cada abordagem comparada com o ECO<sub>M</sub>. (B) refere-se para o número de funções que a abordagem referida foi estatisticamente melhor que o ECO<sub>M</sub>, (S) apresenta o número de funções que a abordagem referida foi estatisticamente igual ao ECO<sub>M</sub>, e (W) apresenta o número de funções que a

Tabela 15 – Tempo de execução em segundos para as funções de teste com ABC

<b>f</b>	<b>ABC</b>	<b>ECO</b>	<b>ECO<sub>E</sub></b>	<b>ECO<sub>A</sub></b>	<b>ECO<sub>C</sub></b>	<b>ECO<sub>M</sub></b>	<b>ECO<sub>TODOS</sub></b>
1	38.9±0.538516	38.6±0.489898	40.3±0.458258	40.4±0.489898	40.6±0.489898	40.4±0.489898	40.4±0.489898
2	83.9±1.22066	77.3±0.9	79.5±0.806226	79±0.894427	79.4±0.663325	79.2±0.87178	79.9±0.7
3	53.9±1.13578	53.9±0.538516	55.8±0.4	55.6±0.489898	56.2±0.4	55.9±0.538516	55.9±0.7
4	59.7±1.55242	56.8±0.4	59.3±0.640312	59.1±0.538516	58.8±0.4	59.5±0.67082	59.1±0.3
5	56.5±1.68819	54.3±0.458258	56.8±0.4	56.6±0.663325	57±0.447214	56.6±0.489898	56.7±0.458258
6	41.8±1.4	40.5±0.5	42.9±0.3	43±0.447214	42.5±0.5	43.1±0.3	42.7±0.458258
7	50±0.894427	49.6±0.489898	52±0.447214	51.9±0.3	51.9±0.3	51.9±0.3	51.9±0.538516
8	42.9±1.13578	41.8±0.4	43.8±0.4	43.6±0.663325	44.1±0.538516	43.5±0.5	43.8±0.6
9	116.4±1.85472	109.2±0.6	114.4±0.663325	113.8±0.4	113.3±0.781025	115.9±0.538516	114.6±0.663325
10	150.2±3.05941	150.1±1.04403	154.4±0.663325	157.8±0.6	158.6±0.489898	158.3±0.640312	158.9±0.830662
11	24.5±0.5	23.5±0.5	25.8±0.4	26±0	25.7±0.458258	26±0	25.8±0.4
12	33.3±0.458258	36±0	37.3±0.640312	37.5±0.5	38.5±0.5	37.4±0.489898	37.2±0.4
13	112.7±0.640312	113.7±0.781025	120.5±1.0247	120.8±0.6	121.4±0.663325	120.7±0.458258	120.7±0.781025
14	37±0.447214	38.1±0.3	40.1±0.3	40.3±0.458258	40.2±0.4	40.2±0.4	39.8±0.6
15	25.6±0.489898	23.5±0.5	25.2±0.4	25.1±0.3	25.1±0.538516	25.5±0.5	25.4±0.489898
16	60.8±0.6	63.4±0.663325	65.5±0.5	65.7±0.458258	65.7±0.458258	65.3±0.458258	65.6±0.663325
17	23±	25.2±0.4	28±0	27.7±0.458258	28.1±0.3	27.5±0.5	27.5±0.5
18	22.3±0.458258	23.3±0.458258	25.5±0.5	25.7±0.458258	25.2±0.4	26±0	25.5±0.5
19	39.8±0.4	40±0.447214	41.9±0.3	41.8±0.4	42.1±0.3	41.7±0.640312	41.8±0.4
20	48.9±0.3	49.1±0.538516	51.9±0.3	51.6±0.489898	52±0	51.8±0.6	51.7±0.458258
21	38.1±0.3	38.6±0.489898	40.9±0.3	41±0.447214	41.1±0.538516	41.1±0.3	40.8±0.4
22	26.3±0.458258	25.4±0.489898	27.7±0.458258	27.7±0.458258	28±0.447214	27.7±0.781025	27.8±0.4
23	264.2±0.979796	259.8±0.87178	271.4±1.0198	271.8±1.66132	271.8±0.979796	272.7±1.18743	271.7±1.1
24	25±0	27.9±0.3	29.5±0.5	29.8±0.4	29.7±0.458258	29.7±0.458258	29.7±0.458258
25	23.5±0.5	23.7±0.458258	26.3±0.458258	26.4±0.489898	25.5±0.5	28±0.447214	26.5±0.5
26	183±0.774597	179.9±0.538516	186.8±1.249	187.1±0.7	186±1	187.1±0.830662	186.5±1.20416
27	25.1±0.3	23.4±0.489898	25.4±0.489898	25.8±0.4	25.3±0.458258	25.7±0.458258	25.3±0.458258
28	25±0	23.6±0.489898	25.5±0.5	25.3±0.458258	25.3±0.458258	26±0	25.7±0.458258
29	253±0.894427	252.1±1.22066	266.1±1.37477	263.7±1.41774	265.2±0.87178	265.6±1.0198	263.1±1.44568
30	27.8±0.4	24.4±0.489898	25.8±0.4	25.9±0.3	25.8±0.6	26±0.447214	26±0

Fonte: Produção do autor.

Tabela 16 – Resultados obtidos para as funções de testes com DE

<b>f</b>	<b>DE</b>	<b>ECO</b>	<b>ECO<sub>E</sub></b>	<b>ECO<sub>A</sub></b>
1	18.016±1.15501	3.98768±7.97536	1.99011±5.97033	5.97272±9.12349
2	-90435±3074.29	-113175±4050.68	-108936±2798.29	-110785±3833.32
5	7.32898e+09±4.44204e+09	<b>0.25283±0.71203</b>	41.641±15.5035	36.8767±12.5989
20	-18.1003±32.187	-180±0	-180±0	-179.999±0.00295842
25	18131.4±2900.62	-450±0	-450±0	-450±0
30	3524.24±215.701	227.901±26.0213	198.333±28.6613	212.89±27.197
<b>b/s/w</b>	0/0/6	2/2/2	0/4/2	0/5/1
<b>f</b>	<b>ECO<sub>C</sub></b>	<b>ECO<sub>M</sub></b>	<b>ECO<sub>TODOS</sub></b>	
1	1.98951±5.96852	<b>1.05211e-11±6.62614e-12</b>	1.99115±5.97345	
2	-108817±4142.61	-108448±3256.86	-112453±3922.55	
5	27.037±14.5953	29.196±7.22726	32.644±8.19343	
20	-180±0	-180±0	-180±0	
25	-450±0	-450±0	-450±0	
30	223.22±47.5236	182.774±39.3881	190.499±17.0052	
<b>b/s/w</b>	0/5/1		0/5/1	

Fonte: Produção do autor.

abordagem referida foi estatisticamente pior que o ECO<sub>M</sub>.

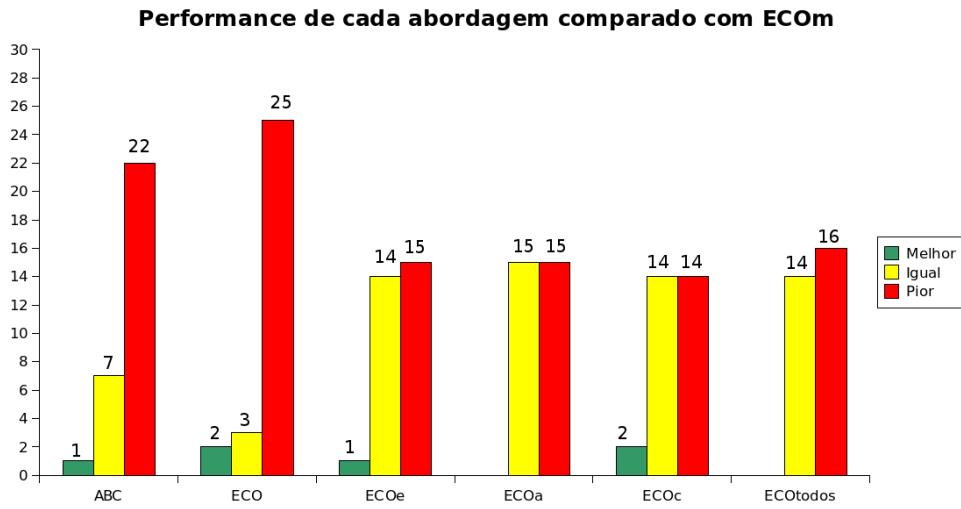
Analisando o DE e ECO pode-se observar que a abordagem inspirada na ecologia obteve resultados melhores em todas as funções. O uso de populações coevolucionárias através das interações ecológicas permitiu o ganho de performance. Analisando os resul-

Tabela 17 – Resultados para o teste de Wilcoxon com o DE

<b>f</b>	<b>DE</b>	<b>ECO</b>	<b>ECO<sub>E</sub></b>	<b>ECO<sub>A</sub></b>	<b>ECO<sub>C</sub></b>	<b>ECO<sub>TODOS</sub></b>
1	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>
2	<b>0.003857</b>	<b>0.005099</b>	0.5049	0.3066	0.5633	0.8939
5	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	<b>0.02938</b>	0.1682	0.3505	0.4498
20	<b>0.003857</b>	1	1	1	1	1
25	<b>0.003857</b>	1	1	1	1	1
30	<b>0.003857</b>	<b>0.003857</b>	0.1197	0.05593	0.3983	0.4498

Fonte: Produção do autor.

tados é possível observar que na maioria das funções, todas as abordagens simbióticas obtiveram resultados estatisticamente iguais que o ECO canônico, com exceção das funções 1 e 5. O ECO<sub>M</sub> obteve o melhor resultado na função 1 em comparação com os demais modelos. Nas demais funções, com exceção do DE, todas abordagens obtiveram resultados estatisticamente iguais. Através destes resultados é possível notar que a performance do DE utilizando a coevolução melhorou significamente. Na Figura 26 é apresentado através do gráfico de barras a performance de cada abordagem em comparação com o ECO<sub>M</sub>.

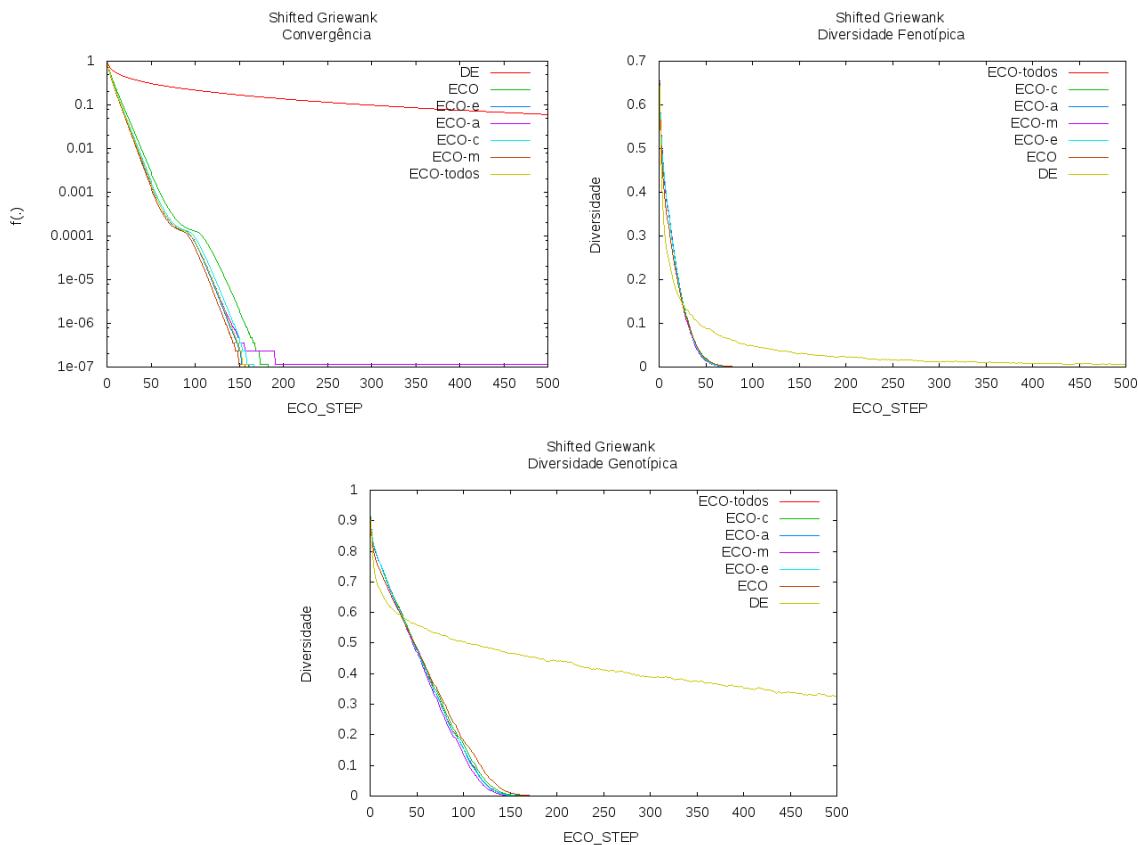
Figura 26 – Performance de cada abordagem comparada com o ECO<sub>M</sub>

Fonte: Produção do autor.

Para as funções 20 e 25, os modelos experimentados atingiram o ponto ótimo. Isto indica que estas funções não foram desafiadoras. A performance dos modelos pode ser analisada através dos gráficos de convergência, diversidade fenotípica e diversidade genotípica da função *Shifted Griewank* (20), apresentados na Figura 27. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que todos os modelos convergiram prematuramente (ECO\_STEP = 150), com exceção do DE. A convergência é refletida na perca da diversidade genotípica e fenotípica. Devido a falta de interação entre as populações,

o DE manteve a diversidade genotípica por mais tempo. Para a função 25, o padrão de comportamento de convergência e de perca de diversidade foi o mesmo.

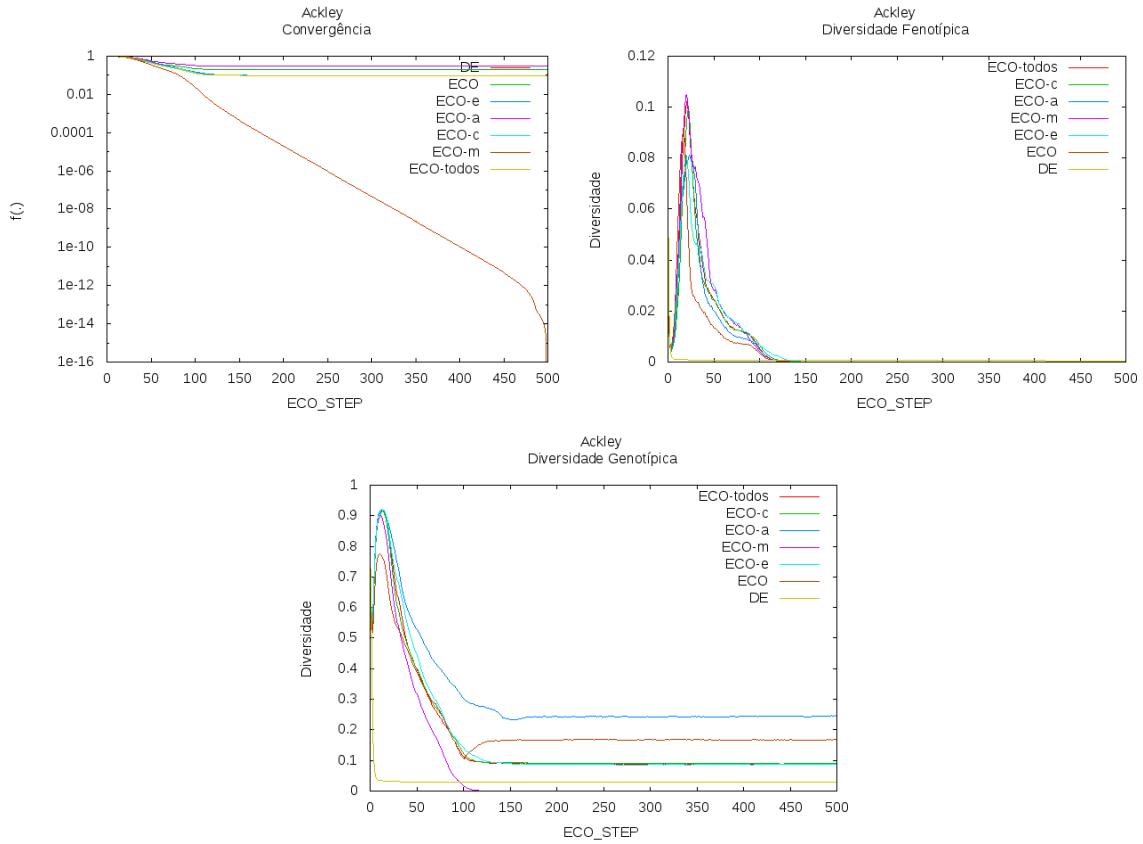
Figura 27 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Shifted Griewank



Fonte: Produção do autor.

Para a função 1, os modelos experimentados obtiveram resultados próximos do ponto ótimo. Esta função apresentou um grau de dificuldade maior para os métodos de otimização. Na função *Ackley* (1), a abordagem  $ECO_M$  obteve o melhor resultado. Na Figura 28 são apresentados os gráficos de convergência, diversidade fenotípica e genotípica. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que o modelo  $ECO_M$  apresentou uma maior convergência. Já os demais modelos, não foram capazes de convergir e estagnaram em um ponto local. Analisando o gráfico de diversidade fenotípica, pode-se observar que os modelos coevolutivos apresentaram um pico de diversificação ( $ECO\_STEP = 25$ ), de maneira contrária, o DE não apresentou um comportamento de diversificação. Este mesmo padrão foi observado na diversidade genotípica, porém os modelos coevolutivos foram capazes de manter a diversidade genotípica, com exceção do  $ECO_M$ . Neste caso, a perca total da diversidade genotípica ( $ECO\_STEP = 100$ ) levou o  $ECO_M$  a obter o melhor resultado.

Figura 28 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Ackley

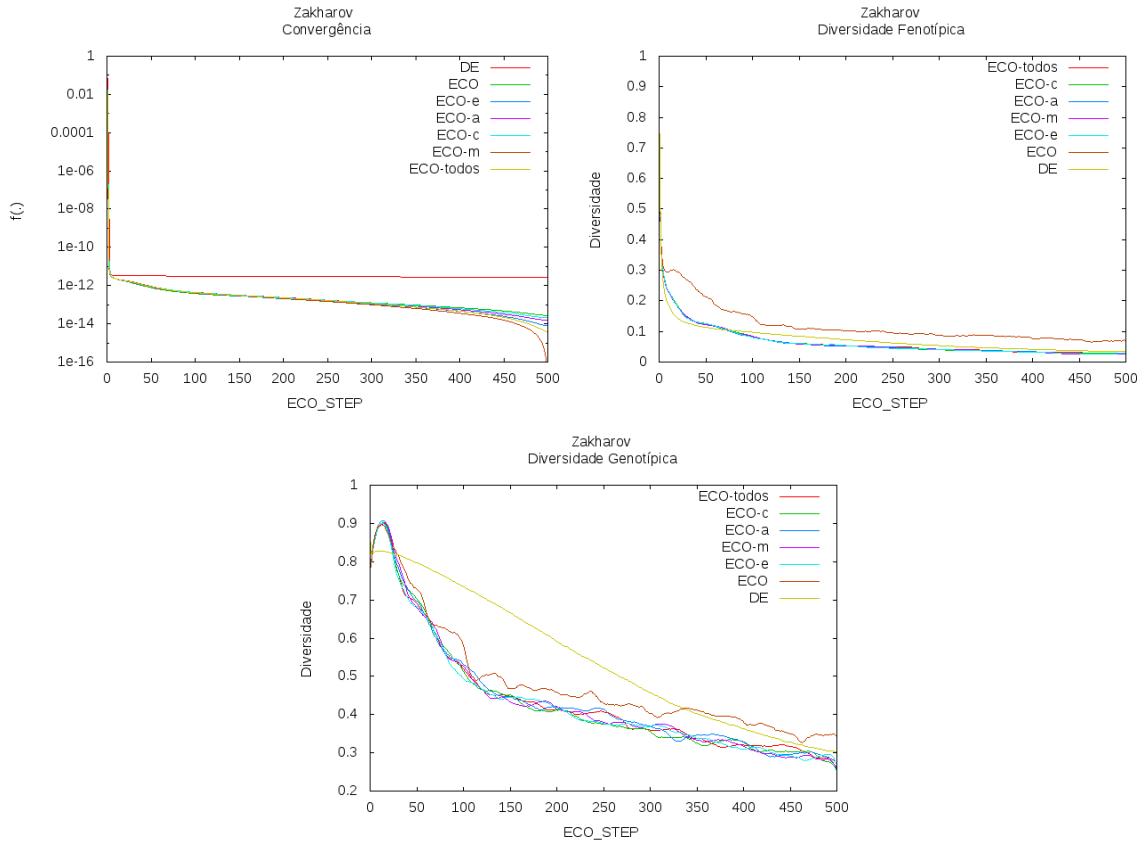


Fonte: Produção do autor.

Para as funções 2, 5 e 30, os modelos experimentados obtiveram resultados razoavelmente distantes dos pontos ótimos das funções. Estas funções apresentaram um alto grau de dificuldade para os métodos de otimização. Na função *Zakharov* (30), o modelo que obteve a melhor performance foi o  $ECO_M$ . Na Figura 29 é apresentado os gráficos de convergência, diversidade fenotípica e genotípica. Analisando o gráfico de convergência, pode-se observar que ocorreu uma convergência prematura para todos os modelos. A otimização realizada pelo DE estagnou em um ponto local, enquanto os modelos coevolutivos apresentaram uma convergência lenta. Em relação a diversidade fenotípica, nenhum dos modelos apresentaram uma característica de diversificação. Já em relação a diversidade genotípica, os modelos coevolutivos apresentaram um pico de diversificação ( $ECO\_STEP = 25$ ) e mantiveram um nível de diversidade razoável até o final da otimização. Este mesmo comportamento foi observado nas demais funções desafiadoras.

Analizando os resultados do ABC e DE (Tabela 13 e Tabela 16, respectivamente) é possível observar que em todas as funções o ABC obteve os melhores resultados. Pode-se observar que o ABC foi capaz de encontrar o ponto ótimo em duas funções. Utilizando o ECO canônico, as abordagens com o DE e ABC foram capazes de encontrar o ponto ótimo nas funções 20 e 25. Utilizando a relação de mutualismo,  $ECO_M$  a abordagem com o DE

Figura 29 – Gráficos de convergência e diversidades obtidos para a Função Zakharov



Fonte: Produção do autor.

foi melhor nas funções 1 e 30. Nas funções 20 e 25 os resultados foram estatisticamente iguais. Nas funções 2 e 5, o  $ECO_M$  com ABC foi melhor. Estes resultados indicam que o DE apresenta uma performance competitiva com o ABC quando utilizado com coevolução. Porém, apresenta um tempo de execução significativamente superior que o ABC. A Tabela 18 apresenta o tempo de execução para cada função e modelo.

Tabela 18 – Tempo de execução em segundos para as funções de teste com DE

<b>f</b>	<b>DE</b>	<b>ECO</b>	<b>ECO<sub>E</sub></b>	<b>ECO<sub>A</sub></b>
1	986.5±1.28452	982±2.72029	969.1±6.22013	961.1±11.1665
2	1000.7±1.61555	962.4±1.8	993.3±1.79165	978.9±0.943398
5	1037.5±0.921954	982.4±1.42829	987.2±1.32665	994.2±1.72047
20	1000.9±1.57797	1037±1.89737	975.2±1.249	978.5±1.11803
25	937.1±1.81384	945.4±1.8	942±1.34164	940±1.41421
30	966±3.97492	950.3±1.41774	938±2.40832	936.5±1.62788
<b>f</b>	<b>ECO<sub>C</sub></b>		<b>ECO<sub>M</sub></b>	<b>ECO<sub>TODOS</sub></b>
1	929.9±4.7		975.5±1.20416	945.9±4.36921
2	998.9±1.75784		957.7±1.95192	969.4±4.02989
5	977±1.26491		986.9±2.21133	960.1±1.3
20	807±1.41421		1022.1±2.11896	968±5.94979
25	916.5±5.67891		917.6±1.68523	905.7±4.87955
30	916.6±7.85111		946.8±1.8868	937.1±5.26213

Fonte: Produção do autor.

## 6 CONCLUSÃO

Os fenômenos biológicos influenciam em diferentes aspectos os sistemas bio-inspirados. Na Natureza, os sistemas são interligados e formam ecossistemas biológicos. Estes sistemas biológicos são capazes de lidar com problemas complexos e consequentemente são uma fonte de inspiração interessante. A inclusão de novos mecanismos de otimização com uma maior plausibilidade biológica pode tornar os algoritmos mais eficientes, robustos e capazes de lidar com problemas de maior complexidade.

A partir desta motivação, esse trabalho apresentou um modelo computacional para a troca de informações entre diferentes populações inspirado nas relações simbióticas biológicas. Neste trabalho foram estudados as relações de altruísmo, competição, esclavagismo e mutualismo. Com a analogia baseada nas relações simbióticas, populações interagem umas com as outras, resultando em benefícios, prejuízos ou nenhum dano para as populações envolvidas. O processo de evolução das populações é influenciado por estas interações, que contribuem na identificação de regiões mais promissoras no espaço de busca, e consequentemente, permitem que as populações se desloquem no espaço de busca em direção das regiões mais promissoras e escapem de ótimos locais.

O modelo utilizado é livre de parâmetros e utiliza diferentes formas para definir os indivíduos das populações envolvidas que devem trocar informações. Os indivíduos são agrupados em pares, um de cada população, e seus respectivos valores *fitness* são utilizados para criar pontos no gráfico de Pareto e influenciam na possibilidade de serem escolhidos. Desta forma, os pares de indivíduos que são não dominados no gráfico de Pareto são selecionados para realizar a troca de informações. Conforme o critério da relação, uma população pode ser prejudicada ou beneficiada por selecionar indivíduos de baixa ou alta qualidade para realizar a troca de informações, respectivamente.

O modelo computacional proposto foi aplicado no algoritmo de inspiração ecológica criando um novo mecanismo biologicamente plausível para influenciar na busca por melhores soluções. O modelo foi inserido especificamente na fase de interações intra-habitats. A fase de interação intra-habitats é responsável pela intensificação da busca no algoritmo de inspiração ecológica. Os algoritmos bio-inspirados de Otimização por Colônias de Abelhas Artificiais, Evolução Diferencial e a Evolução Diferencial Binária foram utilizados para compor o *framework* ecológico. A escolha destes algoritmos considerou o domínio dos problemas abordados.

Os problemas aplicados nesse trabalho para verificação do modelo proposto foram funções *benchmark* contínuas com uma alta quantidade de dimensões ( $D = 200$ ) e o problema da mochila múltipla com diferentes quantidades de dimensões. Os resultados obtidos nas funções *benchmark* demonstraram que o modelo proposto melhorou significativamente o desempenho do algoritmo de inspiração ecológica. A abordagem com a relação

de mutualismo, ECO<sub>M</sub>, apresentou a melhor performance. As demais abordagens obtiveram um desempenho competitivo. Em relação ao problema da mochila múltipla, todas as abordagens coevolutivas obtiveram 100% de sucesso em todas as instâncias. Porém, com a utilização do modelo de relações simbióticas, a quantidade de avaliações necessárias para atingir o ponto ótimo diminuiu significamente. Estes resultados indicam que o modelo tem uma melhor capacidade de identificar as áreas mais promissoras do espaço de busca, e consequentemente, obter os melhores resultados. Em geral, os resultados obtidos são promissores relativo à aplicação da proposta do modelo de relações simbióticas em algoritmos bio-inspirados para problema de otimização. No entanto, devido ao teorema da inexistência do almoço grátis não é possível generalizar essa análise para todos os problemas de otimização (WOLPERT; MACREADY, 1997).

Como principal desvantagem, pode-se citar a falta da preservação de diversidade genotípica e fenotípica durante o processo de otimização. O método proposto não apresentou a capacidade de manter a diversidade e a sua perda pode levar a diminuição de pares de indivíduos dominados e consequentemente toda a população começa a ser utilizada nas relações simbióticas. Isto leva a uma maior intensificação da busca que pode consequentemente estagnar a otimização em um local ótimo. Da mesma maneira, a falta de manutenção de diversidade foi observado no algoritmo de inspiração ecológica canônico. Este problema pode ser contornado com a utilização de técnicas de manutenção de diversidade nos algoritmos bio-inspirados.

Como principal vantagem do modelo proposto, pode-se citar o desempenho significamente melhor em relação ao algoritmo de inspiração ecológica canônica. A troca de informações realizada pelo modelo proposto permite uma exploração mais eficiente do espaço de busca, que consequentemente, obtêm melhores resultados. Outra vantagem que pode-se destacar é a ausência de parâmetros no modelo proposto. A quantidade de pares de indivíduos selecionados para realizar a troca de informações é influenciada pela diversidade fenotípica das populações envolvidas. E por último, a utilização do modelo proposto não incrementou significativamente o tempo de execução do algoritmo de inspiração ecológica.

O modelo de relações simbióticas apresentado nesse trabalho é uma abstração dos fenômenos reais observados na Natureza. Apesar da simplificação o modelo apresenta algumas direções potenciais para o desenvolvimento de novos sistemas biologicamente plausíveis.

## 6.1 TRABALHOS PUBLICADOS

O desenvolvimento deste trabalho exigiu a investigação de diferentes assuntos e alguns deles geraram contribuições relevantes e oportunizaram a produção de algumas publicações científicas. Os resultados obtidos nesses estudos auxiliaram nas tomadas de decisão que foram necessárias durante o processo de desenvolvimento, como também, no embalsamento teórico e técnico para as futuras pesquisas.

Em (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014c) foi realizada uma revisão teórica sobre o controle *online* de parâmetros em algoritmos bio-inspirados. Nesse trabalho é apresentada a importância do controle de parâmetros e como eles influenciam no processo de otimização. Uma revisão das técnicas aplicadas nos algoritmo bio-inspirados foi realizada e destacada as principais formas de obter o controle *online*. Inúmeros algoritmos bio-inspirados foram revisados.

Em (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014b) foi apresentada uma versão do algoritmo genético inspirado em ilha. Esse trabalho aplicou uma técnica de controle *online* e experimentou-se na resolução do problema da mochila múltipla. O algoritmo genético inspirado em ilha foi comparado com o algoritmo genético canônico e obteve melhores resultados.

No trabalho realizado em (ANDRÉ; PARPINELLI, 2014a) foi apresentado uma versão binária do algoritmo de Evolução Diferencial. Esse estudo aplicou uma técnica de controle *online* e experimentou-se na resolução do problema da mochila múltipla. O algoritmo de evolução diferencial binária foi comparado com o algoritmo genético e alcançou os melhores resultados. Em (ANDRÉ; PARPINELLI, 2015a), foi analisado o desempenho do algoritmo de Evolução Diferencial adaptado em comparação com o algoritmo genético em ilha e obteve os melhores resultados.

No estudo realizado em (ANDRÉ; PARPINELLI, 2015b) foi apresentado o modelo de troca de informações inspirado nas relações simbióticas. O modelo utilizado foi apresentado na Seção 3. O modelo foi aplicado no algoritmo de inspiração ecológica e analisado em 30 funções matemáticas de otimização contínua. A abordagem com a relação de mutualismo obteve a melhor performance. As demais relações simbióticas obtiveram um desempenho competitivo.

## 6.2 TRABALHOS FUTUROS

Existem várias direções de pesquisa para futuros desenvolvimentos. Alguns deles são:

- Aplicar estratégias de manutenção de diversidade nos algoritmos bio-inspirados.

Devido a baixa capacidade de manter a diversidade apresentada pelo modelo de relações, a utilização de estratégias de manutenção de diversidade pode permitir o modelo atingir resultados melhores;

- Utilizar um mecanismo automático para definir a relação simbiótica a ser aplicada. A utilização em conjunto das relações simbióticas pode diversificar o comportamento do processo de otimização, e consequentemente, explorar melhor o espaço de busca. Portanto, é necessário estudar a influência de cada relação simbiótica no processo de otimização e identificar quais informações de *feedback* do processo de otimização são mais adequadas para utilizar no mecanismo de adaptação;
- Utilizar as informações de diversidade fenotípica e genotípica para ajustar os parâmetros do sistema. Estas duas informações refletem o estágio atual do processo de otimização e, conforme a necessidade, podem ser utilizadas para ajustar os parâmetros para que o algoritmo intensifique ou diversifique a busca. A utilização de controle de parâmetro, consequentemente, diminui a quantidade de parâmetros que o usuário ou projetista precisa ajustar manualmente;
- Explorar outras relações simbióticas no sistema. As relações de predadismo e parasitismo, por exemplo, podem ser utilizadas para regular o tamanho das populações. A relação de amensalismo pode ser utilizada para inibir que populações se desloquem para uma determinada região do espaço de busca, e consequentemente, manter a diversidade das populações;
- Diversificar as estratégias de evolução do ecossistema computacional inserindo os demais algoritmos bio-inspirados que foram apresentados na Seção 2.1. A utilização heterogênea de algoritmos bio-inspirados pode permitir o surgimento de diferentes padrões de intensificação e diversificação durante o processo de otimização.
- Aplicar o modelo em problemas do mundo real.

## Referências

- ALETI, A.; MOSER, I. Studying feedback mechanisms for adaptive parameter control in evolutionary algorithms. In: IEEE. *Evolutionary Computation (CEC), 2013 IEEE Congress on.* [S.l.], 2013. p. 3117–3124.
- AMABIS, J.; MARTHO, G. Biologia, vol. 3—biologia das populações. *Editora Moderna. São Paulo*, 2004.
- ANDRÉ, L.; PARPINELLI, R. S. A binary differential evolution with adaptive parameters applied to the multiple knapsack problem. In: *Nature-Inspired Computation and Machine Learning.* [S.l.]: Springer International Publishing, 2014, (Lecture Notes in Computer Science, v. 8857). p. 61–71.
- ANDRÉ, L.; PARPINELLI, R. S. An island-inspired genetic algorithm with adaptive parameters applied to the multiple knapsack problem. In: *Proceedings of the 5th International Conference on Metaheuristics and Nature Inspired Computing.* [S.l.: s.n.], 2014. p. 1–2.
- ANDRÉ, L.; PARPINELLI, R. S. Tutorial sobre o uso de técnicas para controle de parâmetros em algoritmos de inteligência de enxame e computação evolutiva. *Revista de Informática Teórica e Aplicada*, v. 21, n. 2, p. 83–128, 2014.
- ANDRÉ, L.; PARPINELLI, R. S. The multiple knapsack problem approached by a binary differential evolution algorithm with adaptive parameters. *Polibits*, v. 51, p. 47–54, 2015.
- ANDRÉ, L.; PARPINELLI, R. S. Using symbiotic relationships in a computational ecosystem for continuous optimization. *ICCCI*, 2015. Artigo aceito.
- BÄCK, T.; SCHWEFEL, H.-P. An overview of evolutionary algorithms for parameter optimization. *Evol. Comput.*, MIT Press, v. 1, n. 1, p. 1–23, mar 1993.
- BEGON, M.; TOWNSEND, C. R.; HARPER, J. L. *Ecology: from individuals to ecosystems.* [S.l.]: Blackwell Pub., 2006.
- BELLMAN, R. *Dynamic Programming.* [S.l.]: Dover Publications, 2003.
- BEYER, H.-G.; SCHWEFEL, H.-P. Evolution strategies—a comprehensive introduction. *Natural computing*, Springer, v. 1, n. 1, p. 3–52, 2002.
- BOUSSAID, I.; LEPAGNOT, J.; SIARRY, P. A survey on optimization metaheuristics. *Information Sciences*, v. 237, p. 82 – 117, 2013.
- BRITS, R. *Niching strategies for particle swarm optimization.* Tese (Doutorado) — University of Pretoria, 2002.
- CASTRO, L. N. D. *Fundamentals of natural computing: basic concepts, algorithms, and applications.* [S.l.]: CRC Press, 2006.
- CHEN, H.; ZHU, Y. Optimization based on symbiotic multi-species coevolution. *Applied Mathematics and Computation*, v. 205, n. 1, p. 47 – 60, 2008.

- CHENG, M.-Y.; PRAYOGO, D. Symbiotic organisms search: A new metaheuristic optimization algorithm. *Computers & Structures*, Elsevier, v. 139, p. 98–112, 2014.
- CORREIA, L. Computational evolution: taking liberties. *Theory in Biosciences*, Springer, v. 129, n. 2-3, p. 183–191, 2010.
- CORREIA, L.; MANSO, A. A multiset model of multi-species evolution to solve big deceptive problems. *arXiv preprint arXiv:1502.00839*, 2015.
- CORRIVEAU, G.; GUILBAULT, R.; TAHAN, A.; SABOURIN, R. Review and study of genotypic diversity measures for real-coded representations. *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, IEEE, v. 16, n. 5, p. 695–710, 2012.
- CORRIVEAU, G.; GUILBAULT, R.; TAHAN, A.; SABOURIN, R. Review of phenotypic diversity formulations for diagnostic tool. *Applied Soft Computing*, Elsevier, v. 13, n. 1, p. 9–26, 2013.
- CREPINSEK, M.; LIU, S.-H.; MERNIK, M. Exploration and exploitation in evolutionary algorithms: A survey. *ACM Comput. Surv.*, ACM, New York, NY, USA, v. 45, n. 3, p. 35:1–35:33, jul. 2013.
- DASGUPTA, D.; YU, S.; NINO, F. Recent advances in artificial immune systems: models and applications. *Applied Soft Computing*, Elsevier, v. 11, n. 2, p. 1574–1587, 2011.
- DAVIS, L. et al. *Handbook of genetic algorithms*. [S.l.]: Van Nostrand Reinhold New York, 1991. v. 115.
- DEB, K. *Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms*. New York, NY, USA: John Wiley & Sons, Inc., 2001.
- DEL COURT, R.; FISHER, H. Z. Etiologia de louva-a-deus (insecta: Mantodea). *Revista Eletrônica de Biologia (REB)*. ISSN 1983-7682, v. 4, n. 2, p. 25–41, 2012.
- DOERNER, K. F.; HARTL, R. F.; BENKNER, S.; LUCKA, M. Parallel cooperative savings based ant colony optimization—multiple search and decomposition approaches. *Parallel processing letters*, World Scientific, v. 16, n. 03, p. 351–369, 2006.
- DORIGO, M.; CARO, G. D. Ant colony optimization: a new meta-heuristic. In: IEEE. *Evolutionary Computation, 1999. CEC 99. Proceedings of the 1999 Congress on*. [S.l.], 1999. v. 2.
- EGUCHI, T.; HIRASAWA, K.; HU, J.; OTA, N. A study of evolutionary multiagent models based on symbiosis. *Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics, IEEE Transactions on*, IEEE, v. 36, n. 1, p. 179–193, 2006.
- EIBEN, A.; HINTERDING, R.; MICHALEWICZ, Z. Parameter control in evolutionary algorithms. *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, v. 3, n. 2, p. 124–141, 1999.
- EL-ABD, M.; KAMEL, M. A taxonomy of cooperative search algorithms. In: *Hybrid Metaheuristics*. [S.l.]: Springer, 2005. p. 32–41.

- EROL, O. K.; EKSIN, I. A new optimization method: Big bang-big crunch. *Advances in Engineering Software*, v. 37, n. 2, p. 106 – 111, 2006.
- FISTER JR., I.; Yang, X.-S.; FISTER, I.; BREST, J.; FISTER, D. A Brief Review of Nature-Inspired Algorithms for Optimization. *ArXiv e-prints*, jul. 2013.
- FREVILLE, A. The multidimensional 0–1 knapsack problem: An overview. *European Journal of Operational Research*, v. 155, n. 1, p. 1 – 21, 2004.
- GEEM, Z. W.; KIM, J. H.; LOGANATHAN, G. A new heuristic optimization algorithm: harmony search. *Simulation*, SAGE Publications, v. 76, n. 2, p. 60–68, 2001.
- GOLDBERG, D. E.; RICHARDSON, J. Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization. In: *Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms on Genetic Algorithms and Their Application*. [S.l.]: L. Erlbaum Associates Inc., 1987. p. 41–49.
- GU, J.; GU, M.; GU, X. A mutualism quantum genetic algorithm to optimize the flow shop scheduling with pickup and delivery considerations. *Mathematical Problems in Engineering*, Hindawi Publishing Corporation, v. 2015, 2015.
- GUPTA, D.; GHAFIR, S. An overview of methods maintaining diversity in genetic algorithms. *International Journal of Emerging Technology and Advanced Engineering*, v. 2, n. 5, p. 56–60, 2012.
- HAMZA, H.; KAMEL, A.; SHAMS, K. Software effort estimation using artificial neural networks: A survey of the current practices. In: *Information Technology: New Generations (ITNG), 2013 Tenth International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 731–733.
- HARIK, G. R. Finding multimodal solutions using restricted tournament selection. In: *ICGA*. [S.l.: s.n.], 1995. p. 24–31.
- HARPER, C. *Fundamentos em Ecologia*. Artmed Editora, 2010. ISBN 9788536321684. Disponível em: <<http://books.google.ca/books?id=U6CboHxF0oIC>>.
- HATAMLOU, A. Black hole: A new heuristic optimization approach for data clustering. *Information Sciences*, v. 222, n. 0, p. 175 – 184, 2013.
- HERRERA, F.; LOZANO, M. Adaptation of genetic algorithm parameters based on fuzzy logic controllers. In: *Genetic Algorithms and Soft Computing*. [S.l.]: Physica-Verlag, 1996. p. 95–125.
- HILLIS, W. D. Co-evolving parasites improve simulated evolution as an optimization procedure. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, Elsevier, v. 42, n. 1, p. 228–234, 1990.
- HINTERDING, R.; MICHALEWICZ, Z.; EIBEN, A. E. Adaptation in evolutionary computation: A survey. In: *In Proceedings of the Fourth International Conference on Evolutionary Computation (ICEC 97)*. [S.l.]: IEEE Press, 1997. p. 65–69.
- HIRASAWA, K.; ISHIKAWA, Y.; HU, J.; MURATA, J.; MAO, J. Genetic symbiosis algorithm. In: IEEE. *Evolutionary Computation, 2000. Proceedings of the 2000 Congress on*. [S.l.], 2000. v. 2, p. 1377–1384.

- HOLLAND, J. H. *Adaptation in natural and artificial systems: An introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence.* [S.l.]: U Michigan Press, 1975.
- JONG, K. A. D. *Analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems.* Tese (PhD) — University of Michigan, 1975.
- JONG, K. D. *Evolutionary Computation: A Unified Approach.* [S.l.]: Mit Press, 2006.
- JR, M. M. G.; ARAÚJO, A. F. R. Diversity-based adaptive evolutionary algorithms. *New Achievements in Evolutionary Computation*, InTech, 2010.
- KAMRATH, N. R.; GOLDMAN, B. W.; TAURITZ, D. R. Using supportive coevolution to evolve self-configuring crossover. In: *Proceeding of the fifteenth annual conference companion on Genetic and evolutionary computation conference companion.* [S.l.]: ACM, 2013. (GECCO '13 Companion), p. 1489–1496.
- KARABOGA, D. An idea based on honey bee swarm for numerical optimization. *Techn. Rep. TR06, Erciyes Univ. Press, Erciyes*, 2005.
- KARABOGA, D.; AKAY, B. A comparative study of artificial bee colony algorithm. *Applied Mathematics and Computation*, v. 214, n. 1, p. 108 – 132, 2009.
- KENNEDY, J.; EBERHART, R. Particle swarm optimization. In: *Neural Networks, 1995. Proceedings., IEEE International Conference on.* [S.l.: s.n.], 1995. v. 4, p. 1942–1948 vol.4.
- KENNEDY, J.; EBERHART, R.; SHI, Y. *Swarm Intelligence.* [S.l.]: Morgan Kaufmann Publishers, 2001.
- KIERS, E. T.; WEST, S. A. Evolving new organisms via symbiosis. *Science*, American Association for the Advancement of Science, v. 348, n. 6233, p. 392–394, 2015.
- KIRKPATRICK, S.; GELATT, C. D.; VECCHI, M. P. Optimization by simulated annealing. *Science*, v. 220, n. 4598, p. 671–680, 1983.
- KOZA, J. R. *Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection.* Cambridge, MA, USA: MIT Press, 1992.
- KRAMER, O. Evolutionary self-adaptation: a survey of operators and strategy parameters. *Evolutionary Intelligence*, Springer-Verlag, v. 3, n. 2, p. 51–65, 2010.
- KRAUSE, J.; CORDEIRO, J.; PARPINELLI, R. S.; LOPES, H. S. A survey of swarm algorithms applied to discrete optimization problems. In: *Swarm Intelligence and Bio-Inspired Computation.* Oxford: Elsevier, 2013. p. 169 – 191.
- KRAUSE, J.; PARPINELLI, R. S.; LOPES, H. S. Proposta de um algoritmo inspirado em evolução diferencial aplicado ao problema multidimensional da mochila. *Anais do IX Encontro Nacional de Inteligência Artificial-ENIA. Curitiba, PR: SBC*, 2012.
- LEUNG, S. W.; ZHANG, X.; YUEN, S.-Y. Multiobjective differential evolution algorithm with opposition-based parameter control. In: *Evolutionary Computation (CEC), 2012 IEEE Congress on.* [S.l.: s.n.], 2012. p. 1–8.

- LI Z. SHAO, J. Q. X. An optimizing method base on autonomous animates: fish- swarm algorithm. Springer Netherlands, p. 32–38, 2002.
- MABU, S.; OBAYASHI, M.; KUREMOTO, T. Reinforcement learning with symbiotic relationships for multiagent environments. *Journal of Robotics, Networking and Artificial Life*, Atlantis Press, v. 2, n. 1, p. 40–45, 2015.
- MAHFOUD, S. W. Niching methods for genetic algorithms. *Urbana*, Citeseer, v. 51, n. 95001, p. 62–94, 1995.
- MARGULIS, L. *Symbiosis in Cell Evolution: Microbial Communities in the Archean and Proterozoic Eons*. Freeman, 1993. ISBN 9780716770282. Disponível em: <<https://books.google.com.br/books?id=8ZiFQgAACAAJ>>.
- MARQUES, V.; GOMIDE, F. Parameter control of metaheuristics with genetic fuzzy systems. *Evolutionary Intelligence*, Springer-Verlag, p. 183–202, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s12065-011-0059-y>>.
- MAY, R. M. et al. Theoretical ecology. principles and applications. *Theoretical ecology. Principles and applications.*, n. Ed. 2, 1981.
- MENGSHOEL, O. J.; GOLDBERG, D. E. Probabilistic crowding: Deterministic crowding with probabilistic replacement. In: *Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO-99)*. [S.l.: s.n.], 1999. p. 409–416.
- MORRISON, J.; OPPACHER, F. A general model of co-evolution for genetic algorithms. In: SPRINGER. *Artificial Neural Nets and Genetic Algorithms*. [S.l.], 1999. p. 262–268.
- MORRISON, R. W.; JONG, K. A. D. Measurement of population diversity. In: SPRINGER. *Artificial Evolution*. [S.l.], 2002. p. 31–41.
- NAVARRO, R.; NÁPOLES, G. Classical niching methods for multimodal optimization: a brief review. *Revista Cubana de Ciencias Informáticas*, scielocu, v. 7, p. 110 – 126, 06 2013. ISSN 2227-1899.
- NESHAT, M.; SEPIDNAM, G.; SARGOLZAEI, M.; TOOSI, A. Artificial fish swarm algorithm: a survey of the state-of-the-art, hybridization, combinatorial and indicative applications. *Artificial Intelligence Review*, Springer Netherlands, p. 1–33, 2012.
- NIU, B.; XUE, B.; LI, L.; CHAI, Y. Symbiotic multi-swarm pso for portfolio optimization. In: *Emerging Intelligent Computing Technology and Applications. With Aspects of Artificial Intelligence*. [S.l.]: Springer, 2009. p. 776–784.
- NIU, B.; ZHU, Y.; HE, X. Multi-population cooperative particle swarm optimization. In: *Advances in Artificial Life*. [S.l.]: Springer Berlin Heidelberg, 2005, (Lecture Notes in Computer Science, v. 3630). p. 874–883.
- OLIVEIRA, M. V.; FREITAS, A. R.; GUIMARÃES, F. G. Uma estratégia de ranking baseada em diversidade em algoritmos genéticos. *Proceeding of Congresso Latino-Iberoamericano de Investigacion Operativa*, p. 2815–2826, 2012.
- PARPINELLI, R.; LOPES, H. A hierarchical clustering strategy to improve the biological plausibility of an ecology-based evolutionary algorithm. In: *Advances in Artificial Intelligence – IBERAMIA 2012*. [S.l.]: Springer Berlin Heidelberg, 2012, (Lecture Notes in Computer Science, v. 7637). p. 310–319.

- PARPINELLI, R.; LOPES, H. A computational ecosystem for optimization: review and perspectives for future research. *Memetic Computing*, Springer Berlin Heidelberg, v. 7, n. 1, p. 29–41, 2015. ISSN 1865-9284.
- PARPINELLI, R. S.; LOPES, H. S. An eco-inspired evolutionary algorithm applied to numerical optimization. In: *NaBIC*. [S.l.]: IEEE, 2011. p. 466–471.
- PARPINELLI, R. S.; LOPES, H. S. New inspirations in swarm intelligence; a survey. *Int. J. Bio-Inspired Comput.*, Inderscience Publishers, v. 3, n. 1, p. 1–16, fev. 2011. ISSN 1758-0366.
- PARPINELLI, R. S.; LOPES, H. S. Biological plausibility in optimisation: an ecosystemic view. *International Journal of Bio-Inspired Computation*, Inderscience, v. 4, n. 6, p. 345–358, 2012.
- PASSINO, K. Biomimicry of bacterial foraging for distributed optimization and control. *Control Systems, IEEE*, v. 22, n. 3, p. 52–67, Jun 2002.
- PEACOCK, K. A. Symbiosis in ecology and evolution. *Handbook of the philosophy of science: Philosophy of ecology*, p. 219–250, 2011.
- PETROWSKI, A. A clearing procedure as a niching method for genetic algorithms. In: *IEEE. Evolutionary Computation, 1996.*, *Proceedings of IEEE International Conference on*. [S.l.], 1996. p. 798–803.
- PINTO-COELHO, R. *Fundamentos em Ecologia*. Artmed Editora, 2007. ISBN 9788536310978. Disponível em: <[http://books.google.com.br/books?id=T4SSziT\\_vrsC](http://books.google.com.br/books?id=T4SSziT_vrsC)>.
- RASHEDI, E.; NEZAMABADI-POUR, H.; SARYAZDI, S. Gsa: A gravitational search algorithm. *Information Sciences*, v. 179, n. 13, p. 2232 – 2248, 2009. Special Section on High Order Fuzzy Sets.
- ROZENBERG, G.; BCK, T.; KOK, J. N. *Handbook of natural computing*. [S.l.]: Springer Publishing Company, Incorporated, 2011.
- SANCHO-ROYO, A.; PELTA, D.; VERDEGAY, J. L. A proposal of metaheuristics based in the cooperation between operators in combinatorial optimization problems. In: *IEEE. Parallel and Distributed Processing Symposium, 2006. IPDPS 2006. 20th International*. [S.l.], 2006. p. 6–pp.
- SASSON, C. Da Silva Junior e S. *BIOLOGIA 3*. SARAIVA EDITORA, 2011. ISBN 9788502040397. Disponível em: <<http://books.google.com.br/books?id=FC5PQAAACAAJ>>.
- SIMONS, C.; PARMEE, I. Dynamic parameter control of interactive local search in uml software design. In: *Systems Man and Cybernetics (SMC), 2010 IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 3397–3404.
- STORN, R.; PRICE, K. Differential evolution : A simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces. *J. of Global Optimization*, Kluwer Academic Publishers, v. 11, n. 4, p. 341–359, dez. 1997. ISSN 0925-5001.

- TUSON, A.; ROSS, P. Adapting operator settings in genetic algorithms. *Evol. Comput.*, MIT Press, p. 161–184, jun. 1998.
- TWOMEY, C.; STUTZLE, T.; DORIGO, M.; MANFRIN, M.; BIRATTARI, M. An analysis of communication policies for homogeneous multi-colony aco algorithms. *Information Sciences*, Elsevier, v. 180, n. 12, p. 2390–2404, 2010.
- WALLIN, D.; RYAN, C.; AZAD, R. M. A. Symbiogenetic coevolution. In: *IEEE Evolutionary Computation, 2005. The 2005 IEEE Congress on*. [S.l.], 2005. v. 2, p. 1613–1620.
- WATSON, R. A.; POLLACK, J. B. How symbiosis can guide evolution. In: *Advances in Artificial Life*. [S.l.]: Springer, 1999. p. 29–38.
- WATSON, R. A.; REIL, T.; POLLACK, J. B. Mutualism, parasitism, and evolutionary adaptation. In: MIT PRESS. *Artificial Life VII: Proceedings of the Seventh International Conference on Artificial Life*. [S.l.], 2000. v. 7, p. 170.
- WHITLEY, D.; RANA, S.; HECKENDORN, R. B. The island model genetic algorithm: On separability, population size and convergence. *Journal of Computing and Information Technology*, UNIVERSITY COMPUTING CENTRE ZAGREB, v. 7, p. 33–48, 1999.
- WOLPERT, D. H.; MACREADY, W. G. No free lunch theorems for optimization. *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, IEEE, v. 1, n. 1, p. 67–82, 1997.
- YANG, X.-S. *Nature-inspired metaheuristic algorithms*. [S.l.]: Luniver Press, 2010.
- YANG, X.-S. A new metaheuristic bat-inspired algorithm. In: *Nature Inspired Cooperative Strategies for Optimization (NISCO 2010)*. [S.l.]: Springer Berlin Heidelberg, 2010, (Studies in Computational Intelligence, v. 284). p. 65–74. ISBN 978-3-642-12537-9.
- ZHANG, J.; CHEN, W.-N.; ZHAN, Z.-H.; YU, W.-J.; LI, Y.-L.; CHEN, N.; ZHOU, Q. A survey on algorithm adaptation in evolutionary computation. *Frontiers of Electrical and Electronic Engineering*, SP Higher Education Press, v. 7, n. 1, p. 16–31, 2012.