



# COMPLEXUS

• ENGENHARIA • ARQUITETURA • DESIGN

Ano  
01

n.  
02

p.  
1-11

César Daltoé Berci  
Celso Pascoli Bottura

REPRODUÇÃO MATRICIAL  
PARA ALGORITMOS  
GENÉTICOS COM  
CODIFICAÇÃO REAL

Instituto de Engenharia Arquitetura e Design -  
INSEAD

Centro Universitário Nossa Senhora do Patrocínio  
CEUNSP - Salto-SP

### Abstract

The relevance of genetic algorithms as a search and optimization tool is considerable, and is growing with the expansion of its range of applications. The efficiency of the algorithm in finding the goal is not only determined by the complexity of the problem, but also by the set of parameters and operators chosen. The aim of this paper is to present a new reproduction method, based on a better use of the search space, thus obtaining a better performance of the algorithm in many applications.

**KEYWORDS:** Genetic Algorithms, Reproduction Method, Nonlinear Optimization

### Resumo

A relevância dos algoritmos genéticos como ferramenta de busca e otimização é considerável, e vem crescendo com a ampliação da sua gama de aplicações. A eficiência do algoritmo em encontrar o objetivo é determinada não só pela complexidade do problema, mas também pelo conjunto de parâmetros e operadores escolhidos. O objetivo deste trabalho é apresentar um novo método de reprodução, baseado em um aproveitamento mais racional do espaço de busca, obtendo assim um melhor desempenho do algoritmo em diversas aplicações.

**KEYWORDS:** Algoritmos Genéticos, Método de Reprodução, Otimização Não Linear

## 1 INTRODUÇÃO

Com o constante crescimento da capacidade computacional disponível, ferramentas de inteligência computacional e outros métodos numéricos mais onerosos ganham representatividade em diversas áreas, onde destaca-se aqui as áreas de otimização e controle não lineares.

Dentre as ferramentas de inteligência computacional disponíveis, encontram-se os algoritmos genéticos, método baseado no princípio da evolução capaz de encontrar soluções para problemas bastante complexos através de um processo evolucionário razoavelmente simples.

Para tornar possível a solução do problema são necessárias algumas definições e métodos, a fim de criar um ambiente computacional que simule um meio natural sujeito à evolução. Entre os métodos necessários está o método de reprodução que estabelece como serão gerados os herdeiros durante o processo evolutivo.

O objetivo deste trabalho é descrever de forma sucinta as principais características e motivações dos algoritmos genéticos, e apresentar um novo método de reprodução aplicável a algoritmos com codificação real sobre espaços de busca contínuos, desenvolvido com o intuito de criar um aproveitamento mais racional deste espaço, melhorando assim a capacidade de exploração e o desempenho de todo o processo evolutivo.

## 2 ORIGENS DOS ALGORITMOS GENÉTICOS

Durante séculos, a humanidade acreditou ter sido formada por um criador inteligente e onipotente, responsável pela criação do universo e toda sua existência da forma como o conhecemos. Essa teoria criacionista foi sustentada principalmente por religiosos, e ganhou força durante o intervalo de tempo conhecido como idade das trevas.

O principal trabalho a questionar essa hipótese de forma científica, foi elaborado por Charles Darwin, que propôs a existência de um mecanismo, batizado por ele de seleção natural.

A existência desse mecanismo faz com que nem todos os organismos que nascem, sobrevivam ou reproduzam-se, mas somente uma porção destes organismos, melhor adaptados para enfrentar as adversidades ambientais do sistema no qual estão inseridos. Dessa forma, após várias gerações as características favoráveis à adaptação do organismo serão favorecidas, enquanto as variações desfavoráveis tendem a desaparecer.

As teorias de Darwin resultam em uma lei geral de evolução que quando aplicada a uma população de organismos, resulta de forma emergente em uma nova população contendo organismos mais adaptados ao meio onde vivem. Este processo evolutivo pode ser descrito, de maneira formal, por meio do algoritmo mostrado a seguir.

```
Considerar uma população de organismos inicial;  
while not fim do  
    Reproduza os organismos;  
    Varie aleatoriamente os organismos;  
    Aplique a Seleção Natural  
end
```

**Algorithm 1:** Algoritmo evolutivo

As idéias de Darwin foram o objeto de estudo de vários pesquisadores durante os anos de 30 e 40 do século XX, que desenvolveram o princípio da preservação da variabilidade por meio da mutação e recombinação genética. Posteriormente, nos anos de 50 e 60, biólogos e matemáticos desenvolveram simulações computacionais de sistemas evolutivos com base nesses estudos.

Dando seqüência a esses eventos, John Holland, professor da Faculdade de Engenharia Elétrica e Computação da Universidade de Michigan, juntamente com seus alunos e colegas professores, desenvolveram em meados da década de 60, um método heurístico o qual foi chamado de algoritmo genético, tendo como objetivo estudar formalmente o fenômeno de adaptação ocorrido na natureza, para com isso assimilar seus mecanismos e traduzi-los para processos computacionais.

Em seu livro *Adaptation in Natural and Artificial Systems* (Holland, 1975), Holland descreve os conceitos básicos dos algoritmos genéticos e em 1989, é publicado o livro *Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning* (Goldberg, 1989), no qual David Goldberg trata da maior parte dos tópicos de relevante mérito na área. Atualmente, estes dois livros são as referências mais importantes sobre algoritmos genéticos, e sua aplicação se estende aos mais diversos problemas na área de otimização e aprendizado de máquina.

## 2.1 Terminologia Biológica

A estrutura básica que descreve um organismo vivo é o cromossomo, formado por uma cadeia de DNA (*Deoxyribonucleic acid*). Cada cromossomo de um ser vivo é formado por genes, que são blocos funcionais de DNA. Cada gene está localizado em uma posição (*locus*) particular de um cromossomo.

Um gene, ocupando um dado locus, pode apresentar várias formas alternativas. À essas formas dá-se o nome de alelo. A título de exemplo, consideremos o gene que determina a cor de uma certa flor. Esse único gene apresenta diferentes versões, ou alelos diferentes, um podendo resultar em flores brancas e outro em flores vermelhas.

O conjunto de cromossomos existente no interior do núcleo das células carrega a herança genética do indivíduo, herdada de seus genitores. Como os cromossomos são compostos de genes, é possível concluir que esta informação está armazenada em um conjunto dessas estruturas. À esse conjunto de genes dá-se o nome de genótipo.

O genótipo carrega informação a respeito de várias características do indivíduo, porém, a manifestação destas características é muitas vezes influenciada pela ação do meio, gerando manifestações causadas pela expressão do genótipo somada à interação do indivíduo com o ambiente em que se encontra. Essa manifestação é conhecida como fenótipo e como esta gera fatores observáveis, a genética clássica utiliza-se do fenótipo de um indivíduo para deduzir conclusões a respeito de seu genótipo.

A reprodução nada mais é do que a recombinação das informações genéticas dos pais, que ocorre por meio de um processo conhecido como: *crossover*, que consiste em uma troca aleatória de material genético entre dois cromossomos distintos, ocorrida durante a meiose celular.

Na biologia, mutações são mudanças na seqüência de pares de base do DNA de um organismo. Essas alterações são aleatórias e pontuais, envolvendo a eliminação ou substituição de um ou de poucos alelos.

### 3 ALGORITMOS GENÉTICOS

Algoritmos genéticos são métodos de busca e otimização baseados em processos biológicos de evolução. Estes algoritmos foram desenvolvidos tendo basicamente dois objetivos:

- Abstrair de maneira formal e rigorosa processos biológicos envolvidos na evolução dos seres vivos, possibilitando um melhor entendimento dos organismos vivos e de suas origens.
- Utilizar computacionalmente a capacidade existente nos mecanismos de evolução natural, desenvolvendo sistemas evolutivos capazes de resolver problemas complexos baseados na evolução de agentes simples.

Estes algoritmos utilizam uma população de soluções candidatas ao problema, sendo cada solução representada por um indivíduo da população. Estes indivíduos, assim como em um ambiente natural, encontram-se sujeitos a interações com o meio onde estão inseridos. O processo de evolução acontece de forma continuada e simultânea com relação a todos indivíduos da população, caracterizando uma estratégia paralela de busca.

Esses algoritmos podem ser considerados ferramentas de busca global, dada a maior probabilidade de se encontrar uma solução globalmente ótima da função em comparação a algoritmos procedurais, que apresentam uma grande probabilidade de encontrar um ótimo local mais próximo de onde o método foi inicializado.

Em (Goldberg, 1989), o autor introduz a estrutura básica de funcionamento de um algoritmo genético, explicitando cada etapa do algoritmo. Mais detalhadamente, esse algoritmo pode ser descrito pela seguinte seqüência de passos:

- É gerada uma população inicial formada por um conjunto aleatório de indivíduos, onde cada indivíduo representa uma possível solução para o problema.
- É iniciado o processo evolutivo: cada indivíduo da população é avaliado e recebe um conceito, chamado de *fitness*, que reflete a qualidade da solução por ele representada. Em processos naturais, essa avaliação representa o quão adaptado um organismo esta em relação ao meio onde ele vive.
- São selecionados membros da população com base no conceito que estes receberam na etapa anterior. Parte dos indivíduos é mantida para a nova geração. Enquanto isso, os indivíduos menos adaptados não são selecionados e desaparecem da população, em um processo que tende a extinguir variações desfavoráveis.
- São escolhidos pares para reprodução também com base em seu fitness. Esses indivíduos se reproduzem e deixarão descendentes na nova geração.
- A nova população é sujeita a mutações aleatórias, visando introduzir variabilidade nos indivíduos. Essas variações serão avaliadas na próxima geração, onde características favoráveis à solução do problema serão privilegiadas.
- O processo evolutivo continua criando novas gerações até que um dado critério seja atendido e uma solução satisfatória seja encontrada.

Esse algoritmo, apesar de parecer bastante simples do ponto de vista biológico, representa uma poderosa ferramenta de busca adaptativa e robusta (Brun, 2007), de grande poder computacional.

Uma das etapas mais complexas e que despence maior tempo e trabalho na aplicação dos algoritmos genéticos, é a fase de codificação do problema, tendo em vista que os algoritmos genéticos atuam sobre a codificação do problema,

evoluindo os indivíduos da população, sem levar em conta o que eles representam e sim seu nível de adaptação medido pelo seu fitness.

A codificação consta basicamente da definição de como os cromossomos irão representar as possíveis soluções, funções de fitness para avaliar a adaptação de cada indivíduo, operadores genéticos de mutação e reprodução e mecanismos de seleção. O termo codificação se aplica normalmente de forma mais restrita, tratando apenas da representação dos cromossomos. Neste documento optou-se por uma definição mais ampla da codificação, devido à variações necessárias para que o algoritmo possa ser implementado em diferentes tipos de problemas, como por exemplo: otimização de funções, clusterização de dados, entre outros.

### 3.1 Codificação Real

Esta codificação representa os cromossomos por números ou vetores reais. Tal representação permite cobrir um domínio bastante abrangente (Herrera et al., 1998), o que seria difícil trabalhando com cadeias binárias, pois, para aumentar o domínio sem perder precisão, faz-se necessário aumentar o comprimento das cadeias binárias, o que causa um conseqüente aumento exponencial em complexidade ao problema. Além deste fator, a codificação real permite que a função de *fitness* seja atribuída diretamente ao cromossomo (campo escalar sobre os reais), sem necessidade de conversão.

São possíveis ainda várias outras codificações, visto que os cromossomos são sempre representados por símbolos de um alfabeto pertencente a uma dada linguagem.

### 3.2 Reprodução

Nos algoritmos genéticos, o processo de reprodução tenta implementar as características naturais da reprodução dos organismos, ou seja, recombinar o material genético dos pais para gerar um filho, conseguindo com isso propagar a herança genética dos pais para a próxima geração.

Consideremos dois indivíduos pais representados pelos cromossomos:  $C^1 = (c_1^1, c_2^1, \dots, c_N^1)$  e  $C^2 = (c_1^2, c_2^2, \dots, c_N^2)$ , selecionados em uma população representada por pontos do espaço  $R^N$ , onde todo  $c_i^j \in R$  é um número real. A reprodução desses cromossomos pode ser realizada de inúmeras maneiras, tendo cada uma delas, características próprias favoráveis a aplicações diferentes.

São observadas na literatura diversas propostas de métodos de reprodução aplicáveis a algoritmos genéticos com codificação real, sendo várias delas aqui tratadas, além da reprodução matricial apresentada neste documento, que tem como objetivo melhorar a performance do algoritmo em determinados problemas. A seguir, são apresentadas as principais propostas de reprodução encontradas na literatura.

- **Flat Crossover** (Radcliffe, 1991). Neste método de reprodução, o cromossomo filho  $H = (h_1, h_2, \dots, h_N)$  é gerado componente a componente através da seguinte equação:

$$h_i = c_i^1 + r(c_i^2 - c_i^1) \quad \forall i \in \{1 \dots N\} \quad (1)$$

onde  $r$  é um número aleatório tal que:  $r \in [0, 1]$ . Dessa forma, cada componente  $h_i$  do vetor  $H$  é escolhida aleatoriamente no intervalo:  $[c_i^1, c_i^2]$ .

Consideremos agora o subespaço  $S$ , formado pelos possíveis filhos de um determinado par de cromossomos  $C_1$  e  $C_2$ . Para o método de reprodução em questão, este subespaço formará um hipercubo limitado pelos cromossomos pais.

- **Crossover Aritmético** (Michalewicz, 1992). Similar ao Flat Crossover, porém, é determinado um parâmetro  $r$  constante e dois cromossomos filhos  $H^1$  e  $H^2$  são gerados a partir dele como segue:

$$\begin{aligned}
 h_i^1 &= c_i^1 + r(c_i^2 - c_i^1) \quad \forall i \in \{1 \dots N\} \\
 h_i^2 &= c_i^2 + r(c_i^1 - c_i^2) \quad \forall i \in \{1 \dots N\}
 \end{aligned}
 \tag{2}$$

- **BLX- $\alpha$**  (Eshelman and Schachter, 1993). Outro método similar ao Flat Crossover, onde são escolhidos componentes  $h_i$  para os cromossomos filhos dentro do intervalo:  $[c_{min} - I\alpha, c_{max} + I\alpha]$ , onde:  $c_{min} = \min(c_i^1, c_i^2)$  e  $c_{max} = \max(c_i^1, c_i^2)$ .

Esse processo pode expandir (ou contrair para  $\alpha < 0$ ) o subespaço  $S$ , possibilitando um aumento da diversidade da população, que poderá se expandir mais facilmente para regiões fora do subespaço onde o método foi inicializado. É possível notar também que para  $\alpha = 0$ , o método será idêntico ao Flat Crossover.

- **Crossover Simples** (Wright, 1991). Um ponto de crossover é escolhido e dois novos cromossomos são gerados pela recombinação das componentes dos cromossomos pais, como segue:

$$\begin{aligned}
 H_1 &= (c_1^1, \dots, c_r^1, c_{r+1}^2, \dots, c_N^2) \\
 H_2 &= (c_1^2, \dots, c_r^2, c_{r+1}^1, \dots, c_N^1)
 \end{aligned}$$

onde  $r$  é um número aleatório inteiro escolhido entre 1 e  $N$ .

Este método tenta preservar características do crossover biológico, assim como é feito na codificação binária, porém, o método gera uma subespaço discreto dentro de um espaço de busca contínuo, o que reduz de um valor que tende a infinito o número de possíveis herdeiros. Essa drástica redução do número de elementos do subespaço  $S$ , pode em algumas situações levar a uma perda de diversidade da população.

- **Crossover de Linha Estendida** (Mühlenbein and Schlierkamp-Voosen, 1993). Neste método de recombinação, é escolhido um escalar  $\alpha \in [-0.25, 1.25]$  aleatoriamente e o cromossomo filho é então expresso pela seguinte equação:

$$H = C^1 + \alpha(C^2 - C^1)
 \tag{3}$$

O subespaço  $S$  que representa os possíveis cromossomos filhos, é formado por um segmento de reta que passa pelos cromossomos pais e se estende por 25% do comprimento da distância entre os dois, em cada uma de suas extremidades.

Este é um processo de cruzamento bastante simples, e muito utilizado em problemas de otimização irrestrita. Assim como o método BLX- $\alpha$ , este método também tem a capacidade de expandir o espaço de busca, para, com isso, encontrar soluções fora do subespaço onde o método foi inicializado.

- **Crossover Heurístico de Wright** (Wright, 1991). Este método de cruzamento leva em conta o *fitness* do melhor indivíduo entre os dois pais, tentando gerar herdeiros mais semelhantes a esse pai melhor adaptado. Consideremos aqui que o cromossomo  $C^1$  possui *fitness* mais elevado; sendo assim, o herdeiro  $H$  será dado pela seguinte equação:

$$H = C^1 + r(C^1 - C^2)
 \tag{4}$$

onde  $r$  é um número aleatório pertencente ao intervalo:  $[0, 1]$ .

- **Recombinação Matricial**. Este método, apresentado neste documento e proposto inicialmente em (Berci, 2008), visa explorar de forma mais eficiente o espaço de busca. Para tanto, é realizado o processo inverso na definição do operador de reprodução, onde primeiramente é estipulado empiricamente um subespaço onde

deseja-se que se encontrem os herdeiros, para posteriormente definir-se um equacionamento matemático que gere esse subespaço.

Consideremos uma função objetivo que gerou as curvas de nível ilustradas na Figura 1. O método proposto visa gerar herdeiros no subespaço  $S$  descrito na figura.

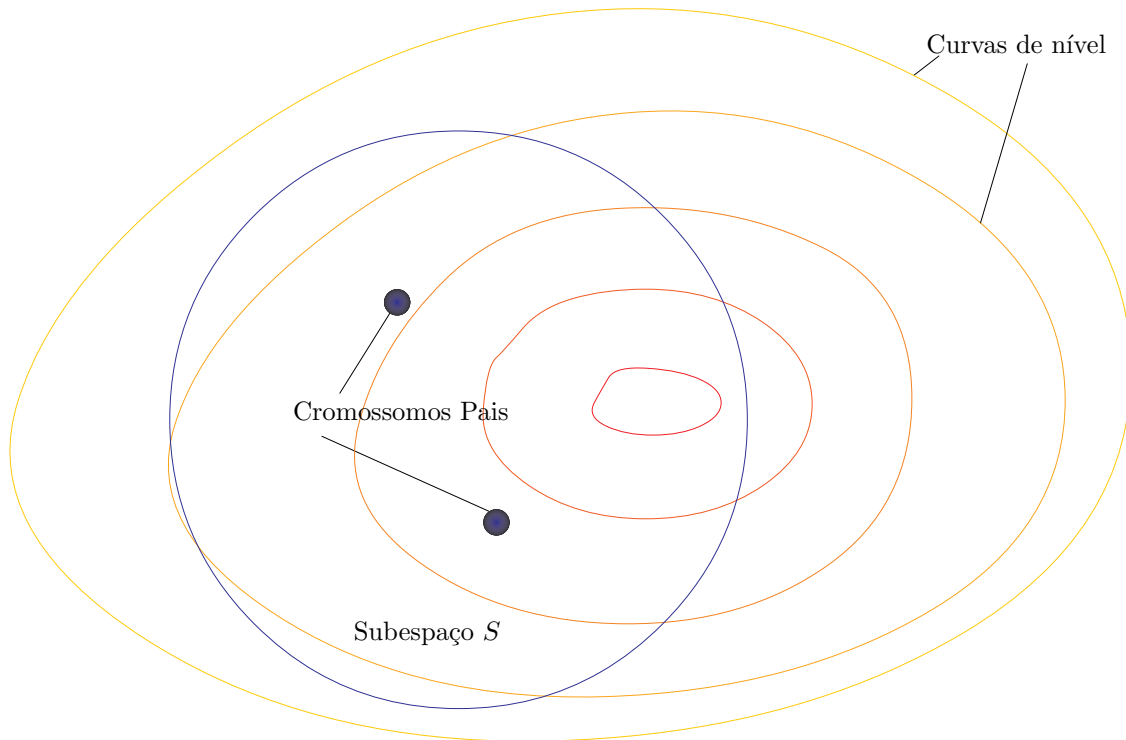


Figura 1: Curvas de nível

O subespaço  $S$  é então definido como o interior de uma hipersfera centrada no ponto médio entre os cromossomos pais, dado por:  $Ct = (C^1 + C^2)/2$ . Esta hipersfera tem seu raio igual à distância entre os vetores pais:  $R = \text{norma}(C^2 - C^1)$ . Se considerarmos um vetor unitário  $v(\theta)$ , formando um ângulo  $\theta$  com a reta que passa pelos cromossomos pais  $r$ , essa hipersfera pode ser determinada variando o ângulo  $\theta$ .

Dessa forma um herdeiro  $H$  pertence ao subespaço  $S$  se:  $\text{norma}(H - Ct) \leq Rv$ .

Consideremos a título de exemplo, dois cromossomos pais,  $C^1$  e  $C^2$ , escolhidos ao acaso e pertencentes ao espaço  $R^2$ , bem como números aleatórios  $\alpha$  gerados a partir de uma distribuição retangular de probabilidades. Foram gerados 1500 herdeiros  $H$  para os cromossomos  $C^1$  e  $C^2$  com base no método proposto, sendo o resultado ilustrado pela Figura 2.

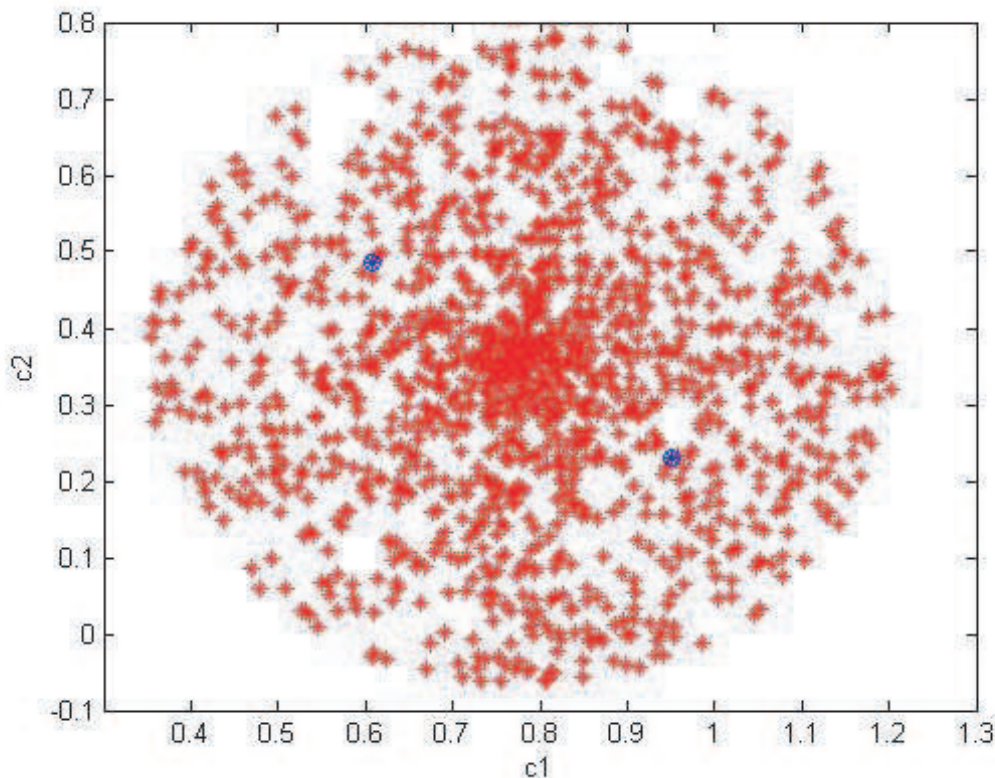


Figura 2: Reprodução matricial, exemplo de aplicação. pontos vermelhos representam os herdeiros  $H$ , gerados a partir dos cromossomos pais em azul

Este método de reprodução traz resultados semelhantes aos métodos BLX- $\alpha$  e de linha estendida, quanto à expansão da população, porém, gera herdeiros pertencentes a um subespaço  $S$  diferente, escolhido com base na continuidade do espaço de busca e da função objetivo, na tentativa de aumentar a eficiência do algoritmo através de uma melhor exploração do espaço de busca.

#### 4 EXEMPLOS E COMPARAÇÕES

Uma das principais áreas de aplicação dos algoritmos genéticos é a otimização de funções, na qual esses algoritmos representam uma relevante ferramenta, principalmente em situações onde pouco se conhece a respeito da função objetivo, sendo impossível determinar suas derivadas.

A título de exemplo, será considerada neste trabalho apenas a função de Rosenbrock, sendo um trabalho mais detalhado encontrado em (Berci, 2008), onde são analisadas outras funções e cenários de aplicação diversos, obtendo uma série de resultados que comprovam as conclusões expostas neste documento.

A característica estocástica dos algoritmos genéticos dificulta a análise da sua eficiência, dado que será encontrado um resultado diferente a cada execução do método para o mesmo problema. Dessa forma, torna-se necessário introduzir um método de inferência estatística, analisando não apenas resultados pontuais, mais sim a média e a variância obtidos de uma série de  $n_r$  repetições do algoritmo.

A fim de realizar as comparações necessárias para comprovar a eficiência do método proposto, consideremos o

Berci, César D. e Bottura, Celso P. Reprodução Matricial Para Algoritmos Genéticos com Codificação Real. **Complexus** - Instituto Superior de Engenharia Arquitetura e Design - CEUNSP, Salto-SP, ano.01, n.02, p.1-11, Setembro de 2010. Disponível em: [www.engenho.info](http://www.engenho.info)

**P.8**

seguinte conjunto de parâmetros, utilizados na implementação dos algoritmos genéticos utilizados nos exemplos discutidos neste documento:

- $N = 10$  - Dimensão do problema.
- $n_r = 100$  - Número de repetições do processo evolutivo.
- $n_g = 20$  - Número de gerações por repetição.
- $n_p = 100$  - Tamanho da população (número de indivíduos).

Como o ótimo global dessa função é  $x^* = [1, 1, \dots, 1]^T$ , foi escolhido convenientemente um intervalo inicial  $J = [-0.5I, 1.5I]$  contendo esse ponto como condição inicial para a população, que é inicializada aleatoriamente utilizando uma distribuição uniforme de probabilidade.

Serão avaliadas aqui 3 variações do mesmo algoritmo genético, onde é alterado apenas no método de reprodução. O algoritmo l.e. utiliza reprodução por Linha Estendida, o m. utiliza reprodução matricial, e por fim o blx, utiliza reprodução BLX 0,25. O gráfico mostrado na Figura 3 ilustra os valores médios da função, obtidos por cada uma das variações propostas.

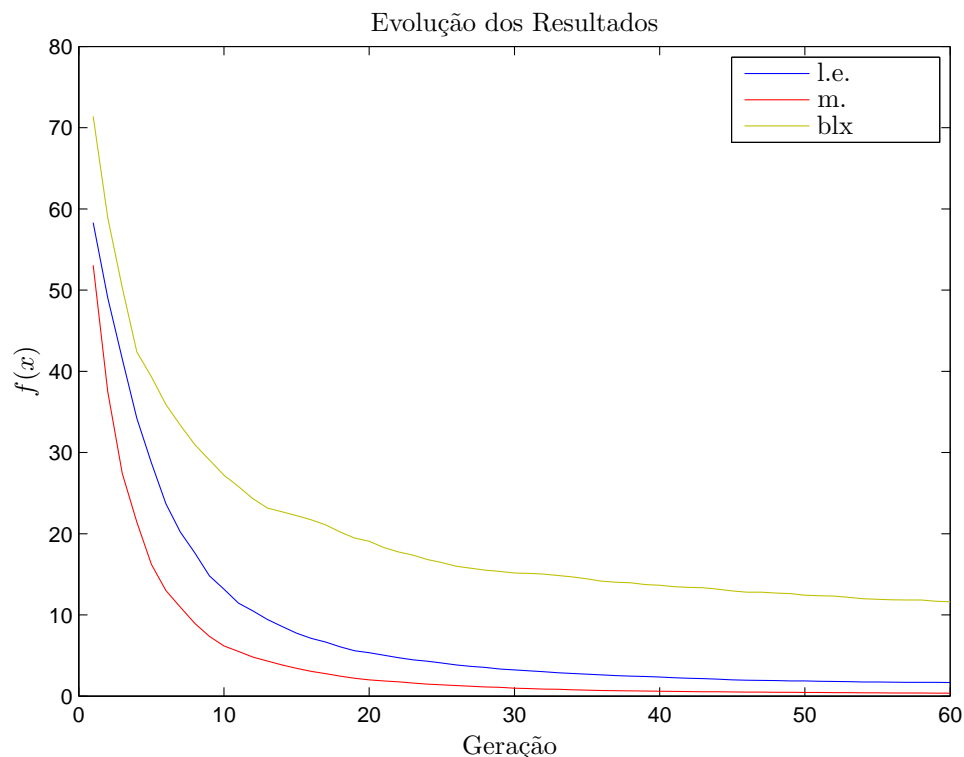


Figura 3: Valor médio da função Rosenbrock obtido por cada uma das variações propostas após 100 repetições

É possível notar na análise da Figura 3 que o desempenho do método de reprodução matricial, apresentado neste documento, é bastante superior ao dos outros métodos de reprodução avaliados. Atribui-se esse resultado a melhor exploração do espaço de busca quanto utilizado o método matricial de reprodução, tendo em vista que trata-se de uma função contínua e estritamente concava.

Outra característica fundamental na análise do desenvolvimento das variações propostas é a avaliação da população como um todo e não apenas do melhor indivíduo, o que é feito por meio da Figura 3. Essa avaliação é realizada através da diversidade da população, estimada com base na variância  $\sigma^2$  observada nos valores da função calculados para todos os indivíduos da população.

A diversidade da população em um algoritmo genético, ou outro algoritmo similar, representa as diferenças entre os indivíduos, podendo, no caso em questão, ser estimada por uma métrica da distancia entre os cromossomos, sendo a grandeza aqui escolhida uma, entre inúmeras possibilidades, a variância citada.

O gráfico mostrado na Figura 4, mostra o valor médio obtido para a diversidade da população em cada geração, plotado em uma escala natural.

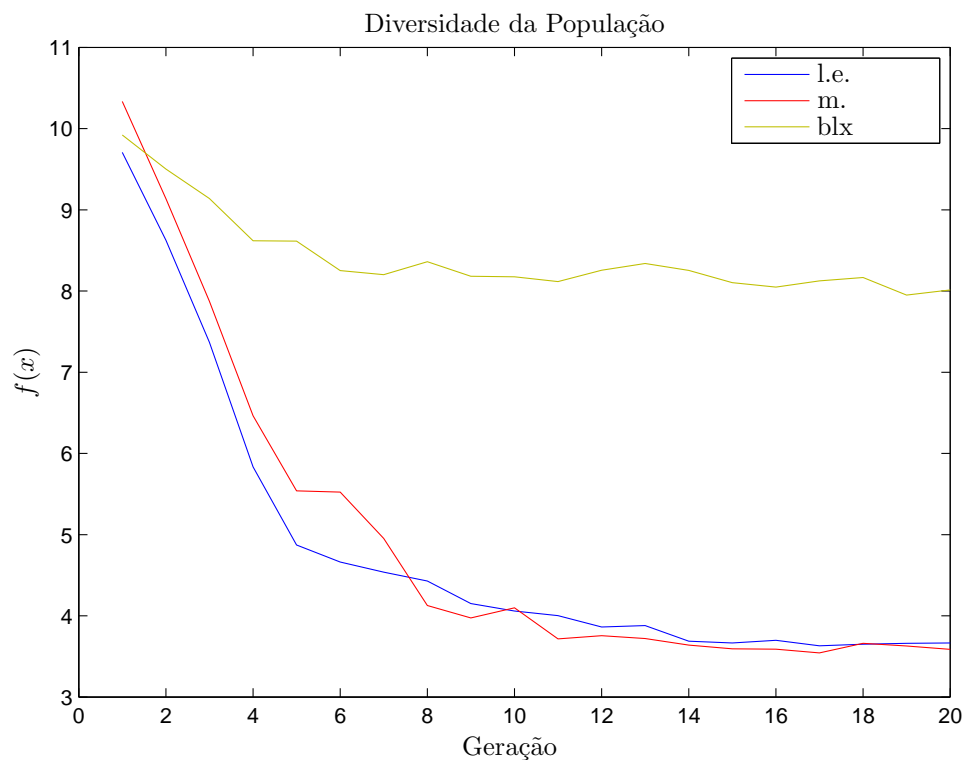


Figura 4: Diversidade média da população, estimada pela variância do valor da função Rosenbrock para cada cromossomo da população

É fácil perceber que o operador de reprodução matricial, assim como a reprodução de linha estendida, apresentam uma redução bastante acentuada na diversidade da população durante a evolução do algoritmo. Essa redução pode causar uma convergência prematura do método em algumas situações, o que não aconteceu no exemplo proposto. No caso do operador de reprodução matricial, essa diminuição da diversidade aumentou a taxa de convergência do algoritmo genético, tendo em vista que esse é o método que obteve o melhor resultado dentre as variações analisadas.

Geralmente, quando se tenta aumentar a taxa de convergência de um algoritmo genético, seja reduzindo a taxa de mutação ou pela escolha apropriada dos operadores, é observada a redução também da diversidade da população, que em alguns casos pode se tornar um problema, devendo assim, ser respeitado um compromisso claro existente

entre a diversidade da população e a taxa de convergência.

Uma alta preservação da diversidade é constatada no método BLX 0.25, porém, este não encontra bons resultados o que indica que apesar de preservar a capacidade exploratória do algoritmo, este apresenta uma taxa de convergência muito pequena, prejudicando sua eficiência.

## 5 CONCLUSÕES

Os métodos de reprodução (sobre codificação real) aplicados na implementação de algoritmos genéticos, são em geral ferramentas numéricas capazes de gerar herdeiros (pontos) em um espaço de busca com base em regras probabilísticas aplicadas aos pais (outros pontos).

Neste documento é apresentado um método de reprodução baseado em uma definição empírica de um subespaço onde estimasse ser mais conveniente posicionar os herdeiros, considerando um espaço de busca sobre uma função contínua. O algoritmo de reprodução é então desenvolvido para reproduzir estatisticamente este espaço e implementá-lo na reprodução dos indivíduos.

O problema de minimização da função de Rosenbrock apresentado neste documento, comprova a eficiência do método de reprodução matricial, que obteve um resultado consideravelmente superior a outros métodos de reprodução encontrados na literatura.

Observa-se uma alta taxa de convergência quando utilizando o método matricial, porém, não se obtém ganho significativo com relação a preservação da diversidade, que permanece comparável aquela observada para o método linha estendida, porém, a maior taxa de convergência do método proposto o torna superior na aplicação proposta.

Dessa forma, mostra-se que o método de reprodução aqui apresentado representa uma importante ferramenta para implementação de algoritmos genéticos, obtendo bons resultados e elevada taxa de convergência, alcançando um considerável ganho de eficiência para o exemplo de aplicação discutido.

## REFERÊNCIAS

- Berci, C. D. (2008). *Observadores inteligentes de estado: Propostas*, Master's thesis, Universidade Estadual de Campinas.
- Brun, A. L. (2007). *Algoritmos Genéticos*, Apostila EPAC - Encontro Paranaense de Computação, Brasil.
- Eshelman, L. and Schaffer, J. (1993). Real-coded genetic algorithm and interval schemata, *Foundation of Genetic Algorithms 2* pp. 375–382.
- Goldberg, D. E. (1989). *Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning*, Addison-Wesley.
- Herrera, F., Lozano, M. and Verdegay, J. L. (1998). Taking real-coded genetic algorithms: Operators and tools for behavior analysis, *Artificial Intelligence Review* **12**.
- Holland, J. (1975). *Adaptation in natural and artificial systems*, University of Michigan Press .
- Mühlenbein, H. and Schlierkamp-Voosen, D. (1993). Predictive models for the breeder genetic algorithm i. continuous parameter optimization, *Evolutionary Computation* **1**: 25–49.
- Michalewicz, Z. (1992). *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Springer-Verlag, New York.
- Radcliffe, N. (1991). Equivalent class analysis of genetic algorithms, *Complex Systems* **5**: 183–205.
- Wright, A. H. (1991). Genetic algorithms for real parameter optimization, *Department of Computer Science University of Montana* pp. 205–220.