Dimensionamento de Populações de Algoritmos Evolutivos Celulares

Texto por: Carlos M. Fernandes, Nuno Fachada
Trabalho científico descrito: Fernandes, C.M., Fachada, N., Laredo, J.L.J., Merelo, J.J. & Rosa, A.C. (2020). Population sizing of cellular evolutionary algorithms. Swarm and Evolutionary Computation, 58, 100721. https://doi.org/10.1016/j.swevo.2020.100721

Os algoritmos evolutivos (AE) são uma classe de algoritmos de otimização que usa uma população de soluções candidatas (indivíduos) e estratégias darwinistas de seleção e recombinação para procurar uma solução ótima ou satisfatória para um determinado problema computacional. Os algoritmos evolutivos celulares (AECs) são um caso particular dos AEs e caracterizam-se por terem a população estruturada num grafo cujos vértices são os indivíduos e as arestas as recombinações permitidas. Quando não existem restrições de reprodução e a todos os indivíduos é permitido o cruzamento com qualquer outro indivíduo da população, diz-se que o AE é panmítico (de panmixia, cruzamento aleatório).

Por via de regra, os AECs, quando comparados com AEs panmíticos, apresentam maiores tempos de aquisição. Neste contexto, entende-se tempo de aquisição como o número de gerações (ou iterações) até à convergência, isto é, entre o início do processo evolutivo e o momento em que população é constituída exclusivamente por cópias exatas de uma única solução.

Estudos anteriores concluíram também que os AECs encontram a solução ótima com mais frequência. No entanto, a maior parte desses estudos não tem em conta a dimensão da população, não obstante ser esse um dos fatores com maior impacto na precisão e na velocidade de convergência dos algoritmos baseados em populações de soluções.

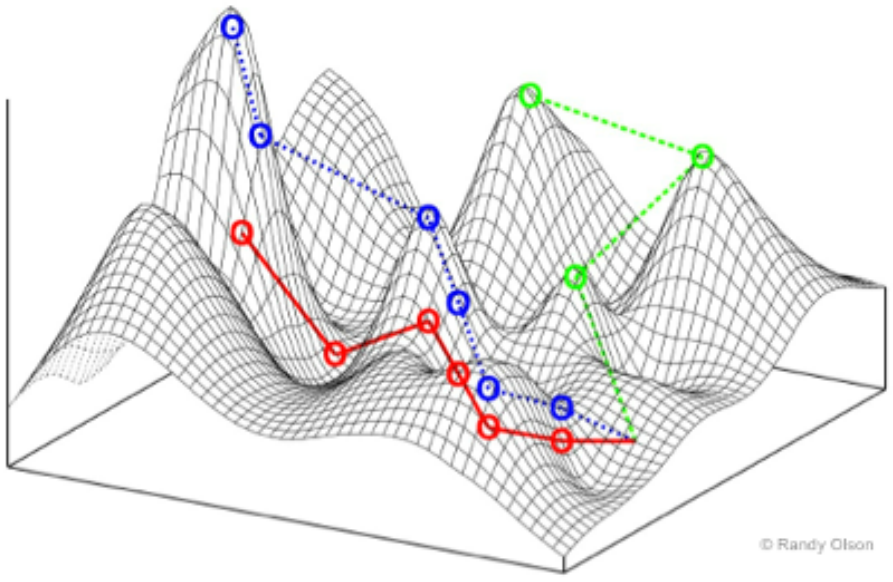


Figura 1. Exemplo de paisagem de um problema em 3D na qual uma população de soluções evolve em busca da solução óptima. Imagem original de Randy Olson (CC BY-SA 3.0).

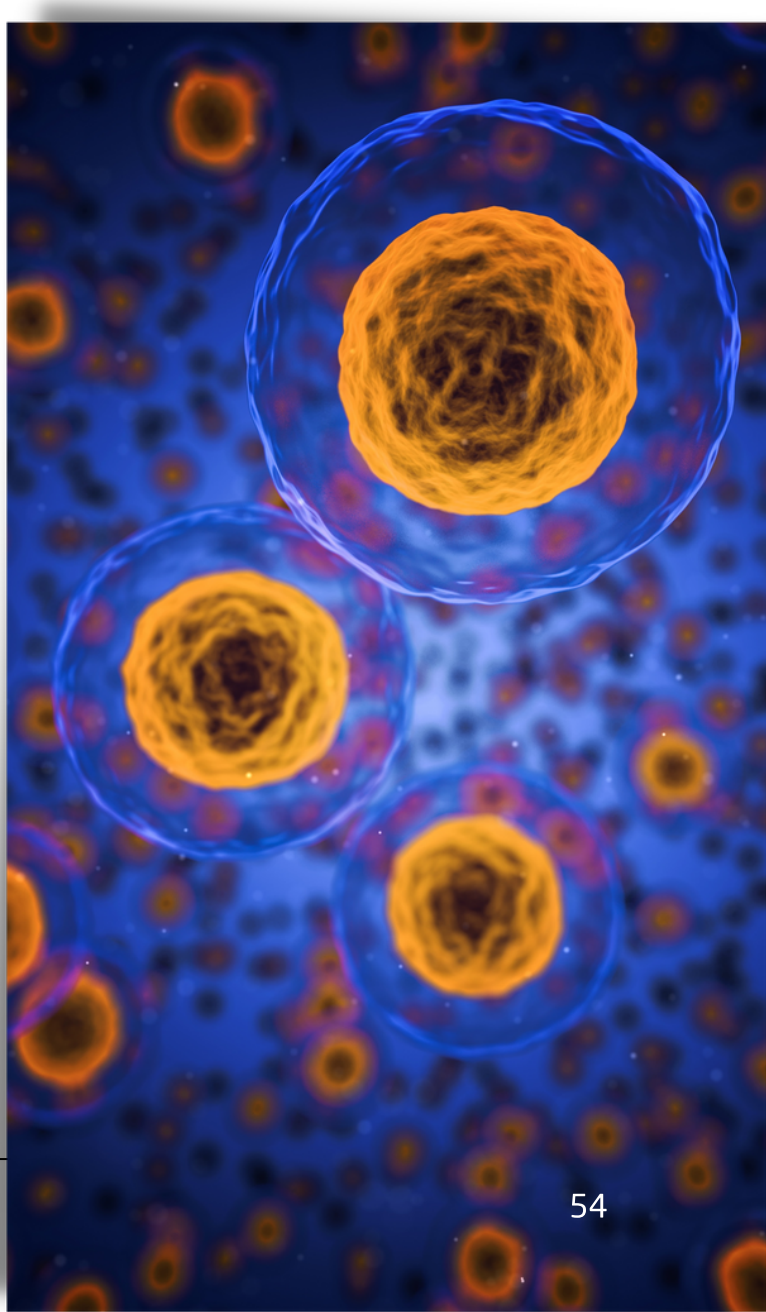
Este artigo propõe estimativas para a dimensão ótima da população de AECs (aquela que maximiza o desempenho do algoritmo) estruturadas em grafos regulares e aleatórios com diferentes valores médios para os graus de ligação. Foram testadas diversas parametrizações dos algoritmos num conjunto de problemas com nível de dificuldade regulável. Os resultados e a análise estatística demonstram a importância de configurar os algoritmos com populações de dimensão apropriada ao problema em causa.

Com vista a entender melhor os mecanismos que operam por trás das configurações mais eficientes, foi feito um estudo genealógico dos algoritmos e avaliado o impacto de cada indivíduo na população ao longo do processo evolutivo. Mais concretamente, os tempos de aquisição de eventos (TAEs) foram medidos e a sua distribuição determinada. Entende-se por TAE de um individuo i na geração t como o número de descendentes desse indivíduo presentes nessa mesma geração.

As distribuições de TAEs confirmam os resultados obtidos por Whitacre et al. [1]: os AECs impõem um desvio nas «caudas» das distribuições e os TAEs elevados (i.e., valores próximos da dimensão da população) ocorrem com menos frequência quando o grau médio dos grafos é menor.

No entanto, nem todas as conclusões obtidas por Whitacre et al. [1] foram confirmadas pelo presente estudo. Os TAEs foram sujeitos a uma análise estatística mais rigorosa e verificou-se que, ao contrário do que é afirmado pelos investigadores em questão, não se pode inferir uma lei de potências na distribuição de TAEs: em geral, tanto uma lei de potências como uma distribuição log-normal (1) adaptam-se aos dados com igual probabilidade. Um dos resultados mais significativos deste estudo refere-se à relação entre os limites superiores dos TAEs e a dimensão ótima da população: nos problemas com paisagens de aptidão decetivas, os TAEs têm como limite superior precisamente a dimensão de população ótima determinada para o respetivo algoritmo e problema. Um estudo mais abrangente é necessário para confirmar a universalidade desta regra, mas, a verificar-se, os TAEs poderiam ser usados para determinar as dimensões das populações, em detrimento de outros métodos com maior custo computacional.

(1) A distribuição log-normal é uma distribuição de probabilidade contínua na qual o logaritmo da variável aleatória é normalmente distribuído.

Referências

[1] J.M. Whitacre, R.A. Sarker, Q. Pham, Making and breaking power laws in evolutionary algorithms, Memet. Comput. 1 (2) (2009) 125–137.