

## Implementação de algoritmo híbrido para otimização de funções bidimensionais

## Implementation of hybrid algorithm for optimizing bidimensional functions

### RESUMO

**Fernando dos Santos Freitas**  
[fernandofreitas@alunos.utfpr.edu.br](mailto:fernandofreitas@alunos.utfpr.edu.br)  
Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Apucarana, Paraná, Brasil

**Gisely Luzia Ströher**  
[gisely@utfpr.edu.br](mailto:gisely@utfpr.edu.br)  
Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Apucarana, Paraná, Brasil

**Gylles Ricardo Ströher**  
[gyllesrs@utfpr.edu.br](mailto:gyllesrs@utfpr.edu.br)  
Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Apucarana, Paraná, Brasil

O presente trabalho tem como objetivo implementar um algoritmo híbrido para otimização de funções bidimensionais a partir do sequenciamento de dois tipos de metodologias, não determinísticas e subsequentemente determinística. Na primeira fase o algoritmo proposto utiliza operações procedentes de algoritmos genéticos (AG) e na segunda fase operações do algoritmo Simplex de Nelder e Mead. O Algoritmo Genético provê uma área promissora em que se encontra o mínimo global e na sequência o Simplex é iniciado a fim de identificar o ponto exato, ou o mais preciso possível, em que o mínimo global se encontra. O algoritmo híbrido proposto foi extensivamente testado usando funções Benchmark. Os testes foram realizados variando diversos parâmetros do AG com o objetivo de identificar qual combinação de parâmetros provê os melhores resultados de otimização global em um menor tempo de processamento.

**PALAVRAS-CHAVE:** Otimização. Algoritmo genético. Simplex.

**Recebido:** 19 ago. 2019.

**Aprovado:** 01 out. 2019.

**Direito autoral:** Este trabalho está licenciado sob os termos da Licença Creative Commons-Atribuição 4.0 Internacional.



### ABSTRACT

The present work aims to implement a hybrid algorithm to optimize two-dimensional functions by sequencing two types of methodologies, non-deterministic and subsequently deterministic. In the first phase the proposed algorithm uses Genetic Algorithm (GA) and in the second phase the Nelder and Mead Simplex algorithm. The Genetic Algorithm provides a promising area where the global minimum is found and then Simplex is started to identify the exact, or as accurate as possible, point where the global minimum is. The proposed hybrid algorithm has been extensively tested using Benchmark functions. The tests were performed by varying several GA parameters in order to identify which combination of parameters provides the best overall optimization results in the shortest processing time.

**KEYWORDS:** Optimization. Genetic Algorithm. Simplex.

## INTRODUÇÃO

Os algoritmos genéticos (AG) são uma classe de algoritmos que utilizam técnicas inspiradas na biologia evolutiva como hereditariedade, mutação, seleção e recombinação. Algoritmos genéticos se baseiam em uma população de possíveis soluções e além disso, podem ser implementados sem a necessidade de conhecimento prévio do problema. Necessita-se apenas de uma forma adequada de representação e avaliação das possíveis soluções do problema a ser tratado (LIMA, 2008).

A lenta convergência do AG antes de fornecer uma solução precisa é um inconveniente bem conhecido. Esta limitação, muitas vezes impede que os AG sejam realmente de interesse prático para muitas aplicações. Para contornar tal limitação, vários métodos híbridos têm sido propostos na literatura, combinando um AG com algum algoritmo clássico de *hill-climbing*, basicamente o papel dedicado ao AG ainda é localizar alguma região promissora dentro do amplo espaço de solução, enquanto o algoritmo de otimização clássico permite alcançar, com precisão e rapidez, a melhor solução situada naquela região (CHELOUAH, 2003).

O Simplex por sua vez sempre irá precisar de uma estiva inicial próxima o suficiente do valor mínimo verdadeiro, portanto, a sua utilização isolada não seria eficiente, ou até ineficaz para funções de diversos mínimos locais.

No presente trabalho, para contornar as limitações que ambos os algoritmos apresentam quando utilizados isoladamente, propõe-se um método híbrido combinando o algoritmo genético com o algoritmo Simplex de Nelder e Mead. O algoritmo híbrido proposto visa determinar o mínimo global de funções bidimensionais multimodais na qual o AG tem a função de encontrar uma área promissora e o Simplex na sequência visa a determinar do ponto exato, ou o mais próximo possível em que o mínimo se encontra.

## METODOLOGIA

### Descrição Do Método Híbrido De Otimização

As principais características dos métodos utilizados no AG foram os seguintes: geração da população inicial, operadores de seleção: torneio, roleta e amostragem estocástica uniforme. Operadores de recombinação (*crossover*): um ponto, dois pontos, uniforme e baseado em maioria. Operador de mutação e elitismo. Para maiores informações a respeito dos métodos utilizados o leitor pode consultar a referência Linden (2012).

Após o AG definir uma área promissora onde se encontra o mínimo global, o Simplex é iniciado afim de identificar o ponto mínimo no qual ele não encontraria sem o auxílio do AG. O algoritmo Simplex pertence a uma classe mais geral de algoritmos de pesquisa direta e que não faz uso de derivadas, portanto trata-se de uma técnica de otimização não linear, baseada no método de otimização livre de derivada, *Derivative-Free Optimization* (DFO) (GOMES, 2017).

## CRITÉRIO DE PARADA

O processo iterativo realizado pelo algoritmo genético só é interrompido quando atingir o número máximo de gerações definido ou uma precisão relacionada as coordenadas dos indivíduos,  $\rho_{abs}$ , dada pela Eq. (1) é atingida.

$$\frac{1}{N^{\circ}_{ind}} \sum_i^{N^{\circ}_{ind}} \|Ind_i - MelhorInd\| \leq \rho_{abs} \quad (1)$$

Para exemplificar, é calculado a distância entre os indivíduos da geração atual,  $ind$ , com o melhor ponto encontrado até o momento,  $MelhorInd$ , sendo que, a iteração é interrompida caso esse valor dê menor que  $\rho_{abs}$ .

A iteração realizada pelo Simplex só é interrompida quando pelo menos um dos dois critérios de parada são atingidos. O primeiro critério de parada é satisfeito quando o algoritmo atingir o número de iterações máximas estipulado inicialmente,  $k$ , o que em geral acaba não acontecendo. O outro critério de parada, normalmente o que é satisfeito primeiro, está relacionado ao cálculo do desvio padrão dos vértices  $n + 1$  avaliados na função objetivo. As interações são interrompidas se o cálculo do desvio padrão, Eq. (2), for menor que um erro pré-definido,  $Er$ .

$$\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n+1} (f_i - \bar{f})^2}{n+1}} \leq Er \quad (2)$$

em que  $f_i$  é o valor dos  $n + 1$  vértices de um Simplex avaliados na função objetivo,  $n$  é o número de variáveis da função objetivo e  $\bar{f}$  é a média aritmética dos vértices.

## RESULTADOS E DISCUSSÕES

A fim de determinar a eficiência do algoritmo híbrido, várias funções bidimensionais *Benchmark* foram testadas. Uma vez que o algoritmo genético não é método determinístico, cada vez que o programa for executado um novo histórico de gerações pode ser obtido, assim seguindo a recomendação de CHELOUAH e SIARRY (2003), cada função foi testada cem vezes. Os testes foram realizados variando diversos operadores do AG com o objetivo de identificar qual combinação de parâmetros provê os melhores resultados de otimização global em um menor tempo de processamento.

Para avaliar a eficiência do Algoritmo Híbrido, AH, foram avaliados os seguintes critérios obtidos a partir de 100 minimizações por função: taxa de minimizações bem-sucedidas (T.M.B.), média do número de avaliações da função objetivo (M.FOBJ), média entre o melhor ponto encontrado com o ótimo global conhecido (M.GL) e o tempo médio de processamento (T.M.P).

Quando os critérios de paradas do AG e na sequência do Simplex são atingidos o AH fornece as coordenadas de um ponto e o valor da função objetivo avaliado nesse ponto  $FOBJ_{AH}$ . O resultado é então comparado com o mínimo analítico conhecido da função  $FOBJ_{ANAL}$ , para o julgamento do resultado obtido ser dado como bem-sucedido optou-se em utilizar o requisito apresentado em CHELOUAH e SIARRY (2003), dada pela Eq. (3).

$$|FOBJ_{AH} - FOBJ_{ANAL}| < \varepsilon_{rel} |FOBJ_{INIT}| + \varepsilon_{abs} \quad (3)$$

em que  $\varepsilon_{rel} = 10^{-4}$ ,  $\varepsilon_{abs} = 10^{-6}$  e  $FOBJ_{INIT}$  é a média do valor da função objetivo calculada em cem pontos selecionados aleatoriamente antes que o algoritmo seja executado.

Os resultados obtidos variando os operadores genéticos já mencionados são apresentados nas Tabelas 1 a 8. Vale ressaltar que variações do tempo de processamento podem ocorrer pois o mesmo depende fortemente da capacidade de processamento do computador utilizado. As condições para o tempo de processamento que serão apresentados foram obtidas em um microcomputador com a seguinte configuração de

hardware: *Windows 7 Ultimate*, processador Intel® Core™ i3-2310M CPU @ 2.10 GHz, memória (RAM) de 4 GB, sistema operacional de 64 Bits.

Tabela 1 – Torneio/ Dois pontos/ Mutação de 2,5%.

Função teste	T.M.B. (%)	M.OBJ.	M.GL.	T.M.P. (s)
RC	100	37	3.7191e-07	0.09
ES	90	388	9.6047e-09	4.02
GP	100	75	9.4281e-09	0.31
B2	98	422	8.9496e-09	5.95
R2	100	66	1.1844e-08	0.13
Z2	100	38	1.4429e-08	0.14

Tabela 2 – Roleta/ Dois pontos/ Mutação de 2,5%.

Função teste	TMB (%)	M.OBJ	M.GL	T.M.P (s)
RC	100	42	3.7199e-07	0.004
ES	96	496	1.5547e-08	4.93
GP	96	53	1.5037e-08	0.19
B2	92	498	1.2512e-08	7.23
R2	100	176	1.5113e-08	2.35
Z2	100	317	8.8484e-09	4.16

Tabela 3 – Amostragem Estocástica Uniforme/ Dois pontos/ Mutação de 2,5%.

Função teste	TMB (%)	M.OBJ	M.GL	T.M.P (s)
RC	100	40	3.7160e-07	0.004
ES	96	463	1.1670e-08	3.50
GP	98	62	1.1134e-08	0.22
B2	81	492	1.1537e-08	3.77
R2	100	94	1.5956e-08	0.48
Z2	100	267	1.2879e-08	2.00

Tabela 4 – Torneio/ Um ponto/ Mutação de 2,5%.

Função teste	TMB (%)	M.OBJ	M.GL	T.M.P (s)
RC	100	39	3.7127e-07	0.085
ES	95	383	1.4582e-08	3.43
GP	99	70	9.4616e-09	0.27
B2	98	444	1.2547e-08	6.57
R2	99	64	1.1700e-08	0.19
Z2	100	37	1.2717e-08	0.17

Tabela 5 – Torneio/ Uniforme/ Mutação de 2,5%.

Função teste	TMB (%)	M.OBJ	M.GL	T.M.P (s)
RC	98	40	3.6806e-07	0.1
ES	91	425	1.0615e-08	5.01
GP	100	80	9.7534e-09	0.8
B2	93	436	1.0269e-08	6.64
R2	100	68	1.0423e-08	0.08
Z2	100	38	1.1902e-08	0.066

Tabela 6 – Torneio/ baseado em Maioria/ Mutação de 2,5%.

Função teste	TMB (%)	M.OBJ	M.GL	T.M.P (s)
RC	99	40	3.6986e-07	0.11
ES	92	470	1.2615e-08	9.89
GP	94	46	1.2941e-08	0.12
B2	92	423	1.0828e-08	7.97
R2	100	68	1.3403e-08	0.12
Z2	100	38	1.0105e-08	0.12

Tabela 7 – Torneio/ Dois pontos/ Mutação de 5%.

Função teste	TMB (%)	M.OBJ	M.GL	T.M.P (s)
RC	100	40	3.6991e-07	0.11
ES	78	208	1.3576e-08	2.3
GP	97	49	1.1849e-08	0.18
B2	80	267	1.2256e-08	2.5
R2	100	68	1.3053e-08	0.16
Z2	100	37	1.0655e-08	0.06

Tabela 8 – Torneio/ Dois pontos/ Mutação de 0%.

Função teste	TMB (%)	M.OBJ	M.GL	T.M.P (s)
RC	100	40	3.7185e-07	0.09
ES	70	126	1.0347e-08	1.8
GP	88	127	1.0759e-08	0.1
B2	76	54	1.4743e-08	0.33
R2	100	68	1.7287e-08	0.1
Z2	100	44	1.1922e-08	0.24

As Tabelas 1 a 3 apresentam resultados obtidos variando-se o método de seleção onde observa-se que os valores obtidos entre elas tiveram pequenas variações, todavia, ao analisar algumas funções específicas, como por exemplo a função B2 observa-se uma pequena variação nos valores da T.M.B. em que o melhor resultado esteve presente no método de seleção torneio apresentado na Tabela 1.

Fixando-se o torneio, avaliou-se, na sequência, os operadores genéticos de *crossover*, um ponto, dois pontos, uniforme e baseado em maioria cujos os resultados são sumarizados nas Tabelas 1, 4, 5 e 6, respectivamente. Os resultados obtidos pelos diferentes métodos sinalizam que os operadores de *crossover* avaliados não influenciaram significativamente o desempenho do A.H., sendo que a influência mais aparente foi com relação as T.M.B. que teve maiores taxas para o operador de dois pontos apresentado na Tabela 1.

Por fim, variou-se a probabilidade de mutação. Os testes realizados até então foram com 2,5% de mutação, e nas Tabelas 7 e 8, utilizou-se 5% e 0% de mutação respectivamente. Como já era esperado, quando não houve mutação os resultados de T.M.B. foram os piores já obtidos, isso se deve ao fato de que, segundo LINDEN (2012), quando a probabilidade de mutação for baixo demais, o AG agir de forma extremamente

parcimoniosa e a população não terá diversidade depois de um certo número de gerações, estagnando bem rápido devido à convergência genética.

Enquanto que para a probabilidade de mutação de 5%, os resultados também não foram tão satisfatórios quanto para a mutação de 2,5%, sendo a melhor para todas as funções analisadas. Uma taxa probabilidade de mutação muito alta o AG apresenta um comportamento similar a um algoritmo aleatório (*random walk*) e perderá suas características interessantes.

Por fim, comparou-se os melhores resultados das minimizações para cinco diferentes funções de duas variáveis apresentada pelo AH com o de outros de algoritmos otimização disponíveis na literatura, listados na tabela 9.

Tabela 9 – Outros métodos presentes na literatura utilizados para comparação

MÉTODO	REFERÊNCIA
Continuous hybrid algorithm (CHA)	<i>Chelouah and Siarry, 2003</i>
Continuous Genetic Algorithm (CGA)	<i>Chelouah and Siarry, 2000</i>
Enhanced Continuous Tabu Search (ECTS)	<i>Chelouah and Siarry, 2000</i>
Enhanced Simulated Annealing (ESA)	<i>Siarry et al., 1997</i>
Continuous Reactive Tabu Search (CRTS min.) minimum	<i>Battiti and Tecchiolli, 1996</i>
Continuous Reactive Tabu Search (CRTS ave.) average	<i>Battiti and Tecchiolli, 1996</i>
Taboo Search (TS)	<i>Cvijovic and Klinowski, 1995</i>
INTEROPT	<i>Bilbro and Snyder, 1991</i>

Os resultados disponíveis para a média do número de avaliações da função objetivo, M.OBJ., para os diferentes métodos são apresentados na Tabela 10, M.OBJ. é um parâmetro importantíssimo para avaliação do desempenho de um algoritmo de otimização, pois em muitos casos a função a ser otimizada pode demandar significativo tempo de processamento, como no caso de determinações de propriedades físicas em problemas inversos de engenharia. Se faz importante comentar que a diferença entre o CRTS min. e o CRTS ave. indicados na Tabela 10 é que para o primeiro o algoritmo faz uso do valor mínimo da FOBJ. entre os vizinhos considerados, já o CRTS ave. o algoritmo usa o valor médio da FOBJ.

Como mostrado na Tabela 10, para as funções de duas variáveis avaliadas, os resultados obtidos para a média do número de avaliações da função objetivo, M.FOBJ., superaram as expectativas, sendo melhores que os presentes na literatura para a maioria dos casos, exceto para a função B2, mas ainda assim os resultados eram esperados devido ao fato de que, para esta função, o mínimo global se encontra em um vale muito estreito com relação ao domínio de busca, o mesmo ocorre para a função *Easom*. Uma possível solução para esse problema seria aumentar o tamanho da população inicial ou aumentar o número de gerações.

Tabela 10 – Média do número de avaliações da função objetivo obtidos para diversos métodos para funções de duas variáveis

Função	Método								
	A.H	CHA	CGA	ECTS	ESA	CRTS min.	CRTS ave.	TS	INTEROPT
RC	37	295(-87%)	620(-94%)	245(-85%)	-	41(-10%)	38(-3%)	492(-92%)	4172(-99%)
GP	75	259(-71%)	410(-81%)	231(-67%)	783(-90%)	171(-56%)	248(-69%)	486(-84%)	6375(-99%)
B2	422	132(+68%)	320(+24%)	210(+50%)	-	-	-	-	-
R2	66	459(-85%)	960(-93%)	480(-86%)	796(-91%)	-	-	-	-
Z2	38	215(-82%)	620(-93%)	195(-80%)	15820(-99%)	-	-	-	-

O algoritmo CHA proposto por Chelouah e Siarry está baseado em métodos similares aos deste trabalho, entretanto precisou no geral de mais iterações para encontrar o mínimo global, se faz importante frisar que o CHA não é restrito a funções de duas variáveis independentes, podendo ser aplicado para funções  $n$  dimensionais.

Os valores entre parênteses que estão apresentados na tabela 10 representam a porcentagem em que a M.FOBJ do AH teve de redução ou de aumento comparado aos valores obtidos dos outros métodos para a mesma função. É possível observar que, como por exemplo a função Z2, o AH obteve um alto desempenho reduzindo, para o pior caso, 80% o valor da média do número de avaliações da função objetivo. Já para as outras funções a redução da M.FOBJ também foi consideravelmente satisfatória, com exceção da função R2 em que houve um aumento de 68% para o pior caso.

No contexto geral o AH proposto no presente trabalho apresentou resultados satisfatórios mostrando na maioria das vezes desempenho semelhante ou melhor que outros métodos computacionais disponíveis na literatura, reduzindo entre 3% a 99% o número de vezes em que o algoritmo passa pela F.OBJ, conseqüentemente convergindo para o resultado final com um menor tempo de processamento.

## CONCLUSÃO

No presente trabalho desenvolveu-se um algoritmo híbrido, AH, para otimização global de funções bidimensionais em que o mesmo foi testado com algumas funções Benchmark. Para todas as funções testadas o algoritmo conseguiu determinar corretamente o ponto de mínimo global. Dentre as várias combinações de parâmetros do algoritmo genético a que apresentou os melhores resultados foi o método de seleção torneio e o crossover de dois pontos com uma probabilidade de mutação de 2,5%. Após a identificação da área promissora pelo AG, o Simplex de Nelder e Mead apresentou rápida convergência na determinação do ponto de mínimo global. O AH apresentou resultados satisfatórios e melhores que os disponíveis na literatura para a maioria das funções testadas, com exceção da função B2 devido ao seu domínio de busca ser muito grande e o AH precisar de mais iterações para encontrar o mínimo global.

## REFERÊNCIAS

CHELOUAH, Rachid; SIARRY, Patrick. Genetic and Nelder–Mead algorithms hybridized for a more accurate global optimization of continuous multimimima functions. *European Journal of Operational Research*, v. 148, n. 2, p. 335-348, 2003.

GOMES, F. I. F. N. et al. Estratégia híbrida de otimização sem derivadas para a inversão completa da forma da onda. *Holos*, v. 33, n. 2, p. 2-34, 2017.

LIMA, Ednaldo Oliveira. Algoritmo genético híbrido aplicado à otimização de funções. Trabalho de conclusão de curso, UFES, 2008.

LINDEN, Ricardo. Algoritmos genéticos. 3 Ed. Rio de Janeiro: Editora Ciência Moderna Ltda., 2012.