

5. Conclusões

Um novo algoritmo inspirado na física quântica com representação mista binário-real do espaço de soluções, o AEIQ-BR, foi desenvolvido. Este algoritmo pertence à classe de algoritmos evolutivos para otimização, e contribui para o desenvolvimento deste campo da ciência ao unificar estudos de dois pesquisadores, Han e Kin [8] e Abs da Cruz [2]. O primeiro tendo desenvolvido o algoritmo AEIQ-B, e o segundo o algoritmo AEIQ-R. Desta forma, o algoritmo AEIQ-BR puramente se caracteriza por um novo tipo de algoritmo evolutivo. Podendo ser aplicado em qualquer problema de otimização onde se tem um objetivo central e algumas variáveis de controle. Mas, sobretudo, utilizado em problemas onde o espaço de soluções tem uma alta dimensionalidade.

Esta “inspiração” na física quântica acarretará numa representação probabilística do espaço de soluções em um cromossoma, que com forte atuação da metodologia de algoritmos genéticos tradicionais, soluções candidatas obtidas poderiam ser tratadas analiticamente. Esta representação probabilística traria uma capacidade ímpar ao algoritmo AEIQ-BR de se apresentar como um otimizador global, com alta capacidade de exploração e aproveitamento do espaço de busca, sendo estas últimas características controláveis pelo usuário. Conceitos da física quântica como *interferência* poderia ser analogamente entendida através dos operadores quânticos de cruzamento C_Q e velocidade de atualização q . E, embora não se tenha comprovado empiricamente, existem evidências na literatura para acreditar que o algoritmo AEIQ-BR se apresentaria mais rápido computacionalmente que outros algoritmos evolutivos tradicionais, por exigir poucos indivíduos populacionais, conforme se observa em Abs da Cruz [2].

Para avaliar a capacidade do algoritmo AEIQ-BR, o ambiente de neuroevolução foi introduzido por se tratar de um tipo de problema de difícil otimização, com grande dimensionalidade. Desta aplicação do algoritmo AEIQ-BR à neuroevolução surgiu o algoritmo NEIQ-BR numa extensão ao modelo de Abs da Cruz, o NEIQ-R. Nesta ocasião, objetivos combinatórios e numéricos foram modelados simultaneamente através do algoritmo NEIQ-BR como: otimização de topologia na camada de entrada e intermediária; otimização de pesos; e otimização de funções de ativação. É importante dizer que dentre todos os artigos de neuroevolução

pesquisados – quinze no total – nenhum prometia a otimização de todas estas decisões conjuntamente. Dois otimizavam a camada de entrada, nove a camada escondida, todos os pesos, e dois as funções de ativação.

Introduziu-se um total de oito casos de classificação para verificar a eficácia do algoritmo NEIQ-BR. Conclui-se que o algoritmo é robusto o suficiente, ao ponto que variações na configuração, desde que respeitada alguma consonância, produzirão resultados consistentes, estatisticamente iguais entre estratégias. Isto nos traz um senso de controle e segurança em se aplicar e replicar experimentos em bases de dados as mais diversas. Gráficos de evolução refletem os níveis de dificuldade encontrados em se otimizar cada um dos problemas, como também os reflexos de se optar por um equilíbrio/desequilíbrio de exploração e aproveitamento. A escolha da curva ROC foi a única decisão nas estratégias que se mostrou estatisticamente eficiente, mesmo assim, ao nível de significância estatística de 10% (não usual em publicações científicas) para o teste *t*, produzindo resultados melhores que as demais funções de aptidão.

Comparativamente com outros autores, foi satisfatório identificar que o algoritmo NEIQ-BR conseguiu produzir resultados estatisticamente superiores a 44% dos modelos de outros autores, onde a verificação era viável. Concluí-se que os casos onde não houve uma “vitória” acontecem na maioria em bases de dados onde o nível de dificuldade é menor, como é o caso da única derrota, para o banco de dados Wine Data. Neste, o modelo de Dy e Brodley [40] conseguiu uma acurácia de 100%, enquanto que nesta dissertação com o modelo NEIQ-BR, 98,9% de acerto. Na análise comparativa da distribuição dos resultados em MPPCE de todas as estratégias por problema, contra a distribuição dos resultados de diversos outros autores, verificou-se que a metodologia aqui estudada é capaz de produzir resultados estatisticamente iguais. Isto causaria certo conforto a um programador que substituísse seu algoritmo tradicional pelo NEIQ-BR, e que não se apresentasse inicialmente como um experiente usuário, e que, no entanto, não buscase ousadias em termos de configurações iniciais.

5.1. Trabalhos Futuros

Características de resultados apresentados por outros usuários de algoritmos neuroevolutivos duramente criticados por Paz e Kamath [19] foram extensiva-

mente abordadas nesta dissertação como: teste em diferentes bancos de dados; separação de grupos de teste e treinamento; e utilização de testes estatísticos para elucidação de diferenças estatísticas.

No entanto, esta dissertação carece de uma abordagem mais empírica do *tempo de processamento*, ou *custo computacional*, exigido pelo algoritmo NEIQ-BR. Esta abordagem viabilizaria a comparação com outras metodologias mais comumente utilizadas em neuroevolução, como exemplo algoritmos genéticos. Como explicado, isto não foi um objetivo central desta dissertação uma vez que ambos os algoritmos precursores – AEIQ-B e AEIQ-R – apresentaram um eficiente tempo de convergência comparativamente com outros algoritmos.

Outra sugestão diz respeito a mudanças no próprio funcionamento do algoritmo AEIQ-BR. Quando se atualizou os genes quânticos reais de um indivíduo, em termos de centro de variação μ e amplitude σ , esta velocidade de atuação era feita através de um número aleatório λ , constante a cada geração. Entendendo que existe o parâmetro θ , cujo principal objetivo é especificar a velocidade de atualização de um gene quântico binário α e β , compreende-se ser necessário também existir um parâmetro que forneça a este usuário um controle da velocidade de atualização dos genes quânticos reais. Neste sentido, seria interessante que para estudos futuros λ fosse parametrizado também. Para alguns pesquisadores isto poderia se apresentar como um ponto negativo, visto que o algoritmo já dispõe de excessivos parâmetros para serem ajustados. Contudo, entende-se este ponto como sendo de alguma vantagem para que experimentos possam ser replicados e controlados com uma maior constância e facilidade.

Sobre especificamente o parâmetro de amplitude σ , vimos que a atualização é feita através de um decaimento exponencial com velocidade de atualização dada pela amplitude presente em $(x^t_{ij})_r$, de todos os indivíduos na população $B(t)$. Uma forma de atualização a ser testada no futuro deverá considerar também a concentração de todos os indivíduos na população $B(t)$ em todo este domínio da amplitude de variação, *probabilisticamente*. Desta forma, acreditar-se-á numa maior eficiência na atualização deste parâmetro.

Sobre os tipos de problemas abordados por redes neurais, optou-se nesta dissertação por modelar casos essencialmente de classificação. Obteve-se pela tabela 2.5 que estudos neuroevolutivos são de interesse para aplicação em casos

de outra natureza como controle e previsão, devendo ser avaliados através do algoritmo AEIQ-BR em estudos futuros. Observem que uma simples alteração na camada de saída da topologia da rede modelada pelo algoritmo NEIQ-BR, para somente um neurônio com alguma função de ativação que não fosse restrita ao domínio 0 até 1, viabilizaria o estudos de casos de previsão de séries temporais. Porém, isto não foi considerado nesta dissertação por motivos de escalabilidade de texto e discussão conduzida.

Os casos benchmark e reais aqui sugeridos não ultrapassam um total de 3.000 registros. Problemas do mundo real geralmente se apresentam com maior quantidade de padrões disponíveis. Sabe-se que o tempo de processamento de um experimento esta intrinsecamente associada com a quantidade de registros utilizados para evolução. Sobre isto, novas maneiras de se particionar o banco de dados, bem como a aplicação em bases de dados maiores devem ser estudadas. De curto prazo, pode-se sugerir que seja codificada no cromossoma a seleção dos padrões de entrada de um caso qualquer para grupo de treinamento e teste. Neste caso, estaríamos interessados em descobrir um grupo de treinamento mínimo que apresentaria um bom mix de características para generalização. Embora esta última abordagem não tenha sido considerada por nenhum dos autores de estudos neuro-evolutivos selecionados, Yao [28] aponta como sendo viável esta codificação no cromossoma.

Uma análise omitida nesta dissertação foi uma verificação mais apurada da dependência e impacto da configuração dos parâmetros nos resultados finais otimizados. Testes estatísticos para cada variação de parâmetros não foram feitos considerando uma dependência entre parâmetros, ou seja, a significância dos resultados obtidos para qualquer variação conjunta de parâmetros. Isto porque não se tratava da simples aplicação destes testes, mas sim de ter-se todo um conjunto de experimentos com variações planejadas conjuntamente, e mais rigorosamente individualmente por parâmetro. Isto exigiria algum tempo de processamento, tamanho eram a quantidade de problemas abordados e o número de registros de cada um. Adicionalmente, seria recomendado que se buscasse algum apoio numa área da estatística denominada “Planejamento de Experimentos”, onde ter-se-ia todo um ferramental mais embasado teoricamente, justamente para se verificar impactos nos resultados, com base na variação conjunta ou individual de diversos parâmetros.

Outro assunto não abordado nesta dissertação foi a implantação de soluções vencedoras no passo inicial do algoritmo NEIQ-BR. Isto poderia ser feito facilmente substituindo qualquer indivíduo de N_Q por indivíduos vencedores de experimentos anteriores, desde que TI – o número máximo de neurônios permitido na camada intermediária – permaneça constante entre experimentos, o que impactaria numa mesma dimensionalidade entre experimentos para representação dos indivíduos. Com isto, esperar-se-ia que em experimentos seguintes os resultados fossem superiores, já que o melhor indivíduo do passo anterior seria exposto a um maior conjunto de características desde o passo inicial.