

**MÉTODO DE IDENTIFICAÇÃO DE TRANSIENTES COM ABORDAGEM  
POSSIBILÍSTICA, OTIMIZADO POR ALGORITMO GENÉTICO**

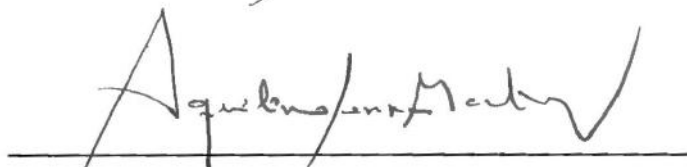
**José Carlos Soares de Almeida**

TESE SUBMETIDA AO CORPO DOCENTE DA COORDENAÇÃO DOS PROGRAMAS DE PÓS-GRADUAÇÃO DE ENGENHARIA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO COMO PARTE DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS PARA A OBTENÇÃO DO GRAU DE MESTRE EM CIÊNCIAS EM ENGENHARIA NUCLEAR.


Aprovada por:



Prof. Roberto Schirru, D.Sc.



Prof. Aquilino Senra Martinez, D.Sc.



Dr. Cláudio Márcio Nascimento Abreu Pereira, D.Sc.

RIO DE JANEIRO, RJ, - BRASIL

FEVEREIRO DE 2001

ALMEIDA, JOSÉ CARLOS SOARES DE

Método de Identificação de Transientes  
com Abordagem Possibilística, Otimizado por  
Algoritmo Genético [Rio de Janeiro] 2001

VIII, 81 p. 29,7 cm (COPPE/UFRJ, M.Sc.,  
Engenharia Nuclear, 2001)

Tese - Universidade Federal do Rio de  
Janeiro, COPPE

1. Inteligência Artificial

I. COPPE/UFRJ II. Título (série)

AO MEU PAI

ALFREDO DE ALMEIDA (IN MEMORIAM)

À MINHA MÃE

EDÉSIA SOARES DE ALMEIDA

À MINHA ESPOSA

MARIA DA CONCEIÇÃO VICENTE DE ALMEIDA

ÀS MINHAS FILHAS

VÍVIAN VICENTE DE ALMEIDA e THAÍS VICENTE DE ALMEIDA

## AGRADECIMENTOS

Ao Meu Orientador, Dr. Roberto Schirru, pelo estímulo e apoio dados à realização deste trabalho.

Ao amigo Cláudio M N A Pereira, pela inestimável colaboração em todas as fases do trabalho, nas idéias e discussões sobre o tema da Tese, na elaboração dos programas de computador e nas revisões do texto.

Ao amigo Mauro Vitor de Oliveira pelo apoio e colaboração com idéias e discussões sobre o tema da Tese.

Ao amigo Antônio Carlos Mol pela solidariedade, estímulo e colaboração com idéias e discussões sobre o tema da Tese, bem como na elaboração do texto.

Ao amigo Marco Aurélio Pinheiro pelo estímulo e colaboração.

Ao amigo Luiz Carlos Reina pelo estímulo e colaboração.

Ao amigo Gilson Paulo da Silveira pelo estímulo, fraternidade e amizade de todos os dias.

Aos demais colegas, do IEN e da COPPE, que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

À minha esposa pelo seu amor e pela força nas horas difíceis.

Às minhas filhas, que por terem me escolhido para caminharmos juntos nesta jornada, dão sentido e finalidade à minha vida.

Resumo da Tese apresentada à COPPE/UFRJ como parte dos requisitos necessários para a obtenção do grau de Mestre em Ciências (M.Sc.)

MÉTODO DE IDENTIFICAÇÃO DE TRANSIENTES COM ABORDAGEM  
POSSIBILÍSTICA, OTIMIZADO POR ALGORITMO GENÉTICO

José Carlos Soares de Almeida

Fevereiro/2001

Orientador: Roberto Schirru

Programa: Engenharia Nuclear

Este trabalho desenvolve um método de identificação de transientes com abordagem possibilística, utilizando algoritmo genético para otimização do número de centróides das classes que representam os transientes. A idéia básica do método é otimizar a partição do espaço de busca, gerando um número mínimo de subclasses, definidas como subconjuntos das classes dentro de uma partição, cujos centróides consigam distinguir as classes com o máximo de acertos nas classificações. A interpretação das subclasses como conjuntos nebulosos e a abordagem possibilística forneceram uma heurística para o estabelecimento de zonas de influência dos centróides, possibilitando a obtenção da resposta “não sei” para transientes desconhecidos, isto é, não pertencentes ao conjunto de treinamento.

Abstract of Thesis presented to COPPE/UFRJ as a partial fulfillment of the requirements for the degree of Master of Science (M.Sc.)

METHOD OF TRANSIENT IDENTIFICATION BASED ON A  
POSSIBILISTIC APPROACH, OPTIMIZED BY GENETIC ALGORITHM

José Carlos Soares de Almeida

February/2001

Advisor: Roberto Schirru

Department: Nuclear Engineering

This work develops a method for transient identification based on a possibilistic approach, optimized by Genetic Algorithm to optimize the number of the centroids of the classes that represent the transients. The basic idea of the proposed method is to optimize the partition of the search space, generating subsets in the classes, within a partition, defined as subclasses, whose centroids are able to distinguish the classes with the maximum correct classifications. The interpretation of the subclasses as fuzzy sets and the possibilistic approach provided a heuristic to establish influence zones of the centroids, allowing to achieve the “don’t know” answer for unknown transients, that is, outside the training set.

## ÍNDICE

1. INTRODUÇÃO	1
2. MÉTODO DO CONJUNTO MÍNIMO DE CENTRÓIDES	9
2.1. Um Método de Classificação Simples	9
2.2. Conceitos Básicos sobre Algoritmos Genéticos	14
2.3. Método do Conjunto Mínimo de Centróides	15
2.4. Considerações sobre o Método CMC	19
3. MÉTODO DE CLASSIFICAÇÃO POSSIBILÍSTICA	22
3.1. Conceitos básicos da Teoria dos Conjuntos Nebulosos	22
3.2. Acumulação de evidência	31
4. APLICAÇÃO DO MCP NA IDENTIFICAÇÃO DE TRANSIENTES	34
4.1. Testes de verificação do MCP	35
4.1.1. Testes com os cenários de referência	37
4.1.2. Testes com transientes simulados para uma usina nuclear	42
4.1.2.1. Fase de treinamento	42
4.1.2.2. Fase de operação	45
5. CONCLUSÕES	57
5.1. Conclusões	57
5.2. Sugestões para trabalhos futuros	59
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	61
ANEXO A - FUNDAMENTOS DE ALGORITMOS GENÉTICOS	64

# CAPÍTULO 1

## INTRODUÇÃO

Uma central nuclear é um sistema altamente complexo, composto por muitos subsistemas e milhares de componentes que devem funcionar com a máxima segurança possível, tendo em vista as danosas conseqüências que podem advir para a população em caso de acidente. Para operar este sistema de forma segura e eficaz, condições inseguras devem ser identificadas rapidamente com a menor incerteza possível e informadas com clareza ao operador, auxiliando-o na tomada de decisão para a execução dos procedimentos adequados. Se uma condição insegura é identificada erradamente então ações corretivas inadequadas podem ser executadas, levando a resultados que podem ser catastróficos. Estas condições inseguras se apresentam sob a forma de transientes nos sinais de monitoração e controle da usina, com padrões típicos de evolução temporal. Durante um transiente, o operador se vê diante de uma grande quantidade de instrumentos, cujas leituras variam continuamente no tempo. A circunstância de, provavelmente, estar ocorrendo uma condição insegura somada à própria dinâmica do evento acabam levando o operador a um estado de tensão nervosa que influencia negativamente no seu processo de tomada de decisão, aumentando consideravelmente as chances de ser efetuado um diagnóstico errado.

Considerando que um sistema de identificação de transientes não deve substituir o operador mas sim auxiliá-lo; seu objetivo final é, então, aumentar o tempo disponível para que sejam tomadas as ações corretivas apropriadas (JEONG, E.,



FURUTA K.,KONDO S.,1996). Para tanto, este sistema tem que ser rápido e prover uma resposta correta (a melhor possível), a despeito da relativa insuficiência de informações disponíveis. Adicionalmente, a identificação deve ser robusta com relação a ruído nos dados. Tendo em vista que uma central nuclear é uma instalação de segurança crítica, é desejável, também, neste caso, que o sistema de identificação de transientes seja capaz de fornecer uma resposta “*não sei*” para transientes desconhecidos, isto é, não pertencentes ao conjunto de aprendizado, pois uma identificação errada pode acarretar graves conseqüências, tanto para o pessoal de operação quanto para a população nas proximidades da usina.

Assumindo que as variáveis de processo mostradas pelos instrumentos de monitoração evoluem com dependências temporais características durante o transiente causado por uma determinada falha ou acidente, estas séries constituem padrões que podem ser utilizados para identificar o transiente. Considerando que o número de variáveis monitoradas em um instalação nuclear é relativamente alto, tem-se que os padrões gerados pela amostragem destas variáveis são bastante complexos, tornando extremamente difícil seu reconhecimento pelo operador. Esta é uma forte motivação para o crescente número de trabalhos publicados recentemente sobre o problema da identificação de transientes utilizando técnicas de inteligência artificial (IA). Estas técnicas conseguem contornar bem o problema da complexidade do espaço de busca, não necessitando das condições de continuidade e existência de derivadas normalmente exigidas pelos métodos clássicos. Seguindo então esta tendência, diversos pesquisadores começaram a utilizar sistemas especialistas (SE), redes neurais artificiais (RNA), lógica nebulosa (LN) e algoritmos genéticos (AG) para resolver problemas de identificação de transientes.

Com relação à classificação de transientes em centrais nucleares, diversos trabalhos podem ser citados. Entre os primeiros a utilizar RNAs para diagnósticos de falhas estão BARTLETT e UHRIG (1992) com o trabalho “Nuclear Power Plant Diagnostics Using an Artificial Neural Network”. Este trabalho foi posteriormente aperfeiçoado por BASU e BARTLETT (1993) por meio de uma arquitetura modular composta de duas RNAs utilizadas para identificar 27 transientes de um reator BWR, usando 97 variáveis de processo da planta. A primeira RNA é usada para determinar se a planta está em uma condição de operação normal, ou não, enquanto a segunda RNA efetua a classificação final. Uma limitação deste modelo é que a classificação baseia-se nos valores assumidos pela variáveis escolhidas em um único instante de tempo, isto é, não é levada em consideração a evolução temporal das variáveis observadas. Esta escolha foi feita para manter a solução simples, mas isto também significou um aumento no número de variáveis que foram necessárias para alcançar uma classificação satisfatória (no caso, 97 variáveis).

Outra contribuição importante foi feita por BARTAL, LIN e UHRIG (1995) que reconheceram a necessidade do classificador ser capaz de prover uma resposta “não sei” quando apresentado a um novo transiente que não estava contido na base de conhecimento acumulado. Eles desenvolveram um classificador baseado em redes neurais probabilísticas que foi utilizado para classificar 72 cenários de 13 diferentes tipos de transientes, a partir dos valores observados de 76 variáveis ao longo do tempo. Eles também introduziram um mecanismo denominado acumulação de evidência mediante o qual resultados de classificações obtidos em instantes anteriores são usados como suporte de evidência para a classificação final. O classificador continua

trabalhando em instantes de tempo independentes, mas a classificação final é computada usando uma votação majoritária dos valores obtidos em cada instante de tempo.

FURUKAWA, UEDA E KITAMURA (1995) propuseram um método de classificação de eventos baseado em um classificador independente para cada variável observada. O classificador recebe em sua entrada a série temporal completa da variável selecionada e produz na saída a melhor classificação parcial possível em conjuntos de classes (isto é, um evento é incluído em uma das superclasses que são separáveis a partir da informação trazida por uma simples variável). A interseção dos conjuntos de classes (superclasses) gerada por todos os classificadores produz a classificação final. Este método tem a vantagem de ser muito robusto, já que a classificação final é baseada em múltiplos classificadores independentes. A dificuldade ocorre nos casos para os quais a função discriminação (critério de classificação) venha a ser muito complexa e seja necessária uma análise da interação entre duas ou mais variáveis.

JEONG, FURUTA E KONDO (1995) propuseram um modo alternativo para identificação de transientes usando o que eles chamaram de “adaptive template matching” (casamento de molde adaptativo) que utiliza informações ocorridas no passado. Este método usa redes neurais do tipo “feedforward” (sem realimentações internas) para aproximar as trajetórias contínuas que representam os transientes no espaço de estado das variáveis, em vez de usar um número finito de padrões de treinamento das referidas trajetórias. O algoritmo permite não só identificar transientes diferentes, como avaliar vários transientes do mesmo tipo com diferentes níveis de severidade.

ROVERSO (1999) desenvolveu três métodos para classificação de eventos dinâmicos representados por séries temporais. Os dois primeiros utilizam algoritmos de

agrupamento de padrões (“clustering”), baseados em conjuntos nebulosos, e redes neurais artificiais que conseguem avaliar as distâncias das amostras às classes do conjunto de treinamento, no caso, Funções de Base Radial (“RBF–Radial Basis Functions”) e Mapas de Kohonen. No terceiro método, foi usado um tipo especial de RNA recorrente (com realimentações internas) –o Classificador de Elman– que tem capacidade de lidar diretamente com séries temporais, dispensando a etapa de agrupamento dos padrões. Os resultados obtidos pelos três métodos foram comparados e o Classificador de Elman apresentou o melhor desempenho.

ALVES (1993) utilizou um conjunto de RNA, do tipo “backpropagation”, para análise de algumas variáveis da usina, previamente escolhidas, de tal forma a poder identificar os transientes rapidamente. No caso de ocorrência de um evento que não seja reconhecido pelo sistema, um sistema especialista, com interface amigável, faz perguntas aos operadores procurando obter informações adicionais sobre as condições da usina e, assim, poder completar o diagnóstico.

ALVARENGA (1997) desenvolveu um sistema de diagnóstico para acidentes em centrais nucleares utilizando uma combinação de redes neurais artificiais, algoritmos genéticos e lógica nebulosa. Redes neurais do tipo AVQ (“Adaptive Vector Quantization”) serviram para gerar os protótipos (centróides) das classes representativas dos acidentes postulados. Estes centróides foram utilizados para particionar os eixos das variáveis em conjuntos nebulosos e estabelecer as zonas de influência de cada acidente. Posteriormente, foi utilizado um algoritmo genético para posicionar estes centróides no eixo do tempo, de modo a obter uma partição ótima do espaço de busca e, assim, chegar a uma classificação final mais consistente e com incerteza mínima.

PEREIRA, SCHIRRU e MARTINEZ (1998) desenvolveram um sistema que apresenta uma nova metodologia para identificação de transientes, usando algoritmo genético para otimizar um sistema de classificação baseado em medidas diretas de distâncias euclidianas. É interessante notar que neste método não são utilizadas RNA como normalmente tem sido observado na literatura. A idéia deste método, denominado pelos autores como método do *Conjunto Mínimo de Centróides* (CMC), é particionar o espaço de busca utilizando um AG, de modo a encontrar subconjuntos das classes, definidos como subclasses, cujos centróides representem as classes com o máximo de classificações corretas possível, considerando um ou mais centróides por classe.

Na presente Tese, é desenvolvido um método de identificação de eventos, a partir do método CMC, substituindo-se o critério de classificação baseado em medidas diretas de distâncias euclidianas por outro baseado em medidas de pertinências possibilísticas, um conceito da Teoria dos Conjuntos Nebulosos, que fornece uma heurística para a avaliação das zonas de influência dos centróides, levando a um processo de identificação mais consistente que o método CMC e possibilitando o estabelecimento de um limiar para a obtenção de classificações “*não sei*” para transientes desconhecidos (não treinados). A identificação do transiente em curso é efetuada com base na acumulação de evidência das classificações efetuadas em instantes anteriores.

Para apresentar o método proposto, seus fundamentos teóricos e os resultados obtidos, este trabalho foi organizado em cinco capítulos e um anexo, descritos sumariamente a seguir.

O presente capítulo trata da introdução ao tema da identificação de transientes em centrais nucleares. São apresentados os objetivos básicos de um sistema de identificação, sendo ressaltada a complexidade do domínio do problema que tem levado à utilização de técnicas de inteligência artificial para a sua solução. Em seguida, é feita uma breve revisão bibliográfica de trabalhos relacionados ao tema e, por fim, é apresentado o objetivo desta Tese.

O capítulo 2 trata da descrição detalhada do método do Conjunto Mínimo de Centróides (CMC). Inicialmente, são introduzidas as definições matemáticas de um método de classificação simples, denominado MCS. Em seguida, são apresentados alguns problemas inerentes ao MCS que motivaram o desenvolvimento do método CMC. Então, para facilitar o entendimento da utilização do algoritmo genético no método CMC, é feita uma breve descrição dos conceitos básicos deste método de otimização e, por último, são feitas considerações sobre a validação e os problemas característicos do método CMC.

O capítulo 3 descreve o método proposto nesta Tese que, doravante, será referenciado como Método de Classificação Possibilística (MCP). Inicialmente, são apresentados os conceitos básicos da Teoria dos Conjuntos Nebulosos. É introduzida a noção de tipicidade de uma amostra ou, equivalentemente, o grau de compatibilidade da amostra com a propriedade representada por um dado conjunto nebuloso. Como primeira tentativa para solução do problema da classificação de amostras, é introduzida uma função pertinência definida por Zimmerman e Zysno (1985), sendo ressaltadas as dificuldades apresentadas por esta função para a solução do problema do estabelecimento de um limiar de discriminação para a resposta “não sei”. É, então, introduzido o conceito de pertinência possibilística (possibilidade) para solucionar estas

dificuldades. Na parte final deste capítulo, é definida matematicamente a idéia de acumulação de evidência utilizada na identificação dos transientes.

O capítulo 4 apresenta os resultados obtidos nos testes de verificação do MCP. Estes testes foram realizados em duas fases distintas. Na primeira, foram analisados dois cenários hipotéticos, de fácil verificação, constituído, cada um, por dois transientes representados por apenas uma variável dependente do tempo. Na segunda, o MCP foi aplicado na identificação de cinco transientes pertencentes ao conjunto de acidentes postulados no projeto da central nuclear ANGRA-II, tipo PWR, sendo três utilizados para aprendizado e posterior identificação, inclusive com superposição de ruído, e os outros dois, não pertencentes ao conjunto de aprendizado, usados para a verificação da capacidade do método de fornecer a resposta “*não sei*” para transientes desconhecidos.

O capítulo 5 apresenta as conclusões finais e sugestões para trabalhos futuros.

O Anexo A apresenta os fundamentos dos Algoritmos Genéticos.

## CAPÍTULO 2

### MÉTODO DO CONJUNTO MÍNIMO DE CENTRÓIDES

#### 2.1- Um Método de Classificação Simples

O método mais simples para se classificar uma amostra em uma determinada classe do domínio de discurso consiste em representar cada classe por um protótipo (o centróide, por exemplo) e, por meio de uma métrica, comparar as distâncias da amostra em análise aos protótipos das classes. A menor distância indicará a classe que a amostra pertence. Este método de classificação, doravante denominado de Método de Classificação Simples (MCS), tem a vantagem da simplicidade, mas apresenta algumas dificuldades que motivaram o desenvolvimento do Método do Conjunto Mínimo de Centróides (CMC), mencionado anteriormente.

O MCS utiliza a distância Euclidiana como métrica e o centróide da classe como protótipo. Assim, se  $\beta_j = \{\bar{p}_1^j, \bar{p}_2^j, \dots, \bar{p}_i^j, \dots, \bar{p}_m^j\}$  é uma classe representada por  $m$  padrões  $n$ -dimensionais,  $\bar{p}_i^j = (x_{1p_i}^j, x_{2p_i}^j, \dots, x_{np_i}^j)$   $1 \leq i \leq m$ , onde  $x_{lp_i}^j$  é a coordenada  $l$  do padrão  $\bar{p}_i^j$  da classe  $j$ , então seu centróide,  $\bar{c}^j = (x_{1c}^j, x_{2c}^j, \dots, x_{nc}^j)$ , é dado por

$$\bar{c}^j = \left( \frac{x_{1p_1}^j + x_{1p_2}^j + \dots + x_{1p_m}^j}{m}, \frac{x_{2p_1}^j + x_{2p_2}^j + \dots + x_{2p_m}^j}{m}, \dots, \frac{x_{np_1}^j + x_{np_2}^j + \dots + x_{np_m}^j}{m} \right) \quad (2.1)$$

e a distância Euclidiana,  $d(\bar{a}, \bar{c}^j)$ , entre uma amostra  $\bar{a} = (x_{1a}, x_{2a}, \dots, x_{na})$  e o centróide  $\bar{c}^j$  da classe  $\beta_j$ , por



$$d(\bar{a}, \bar{c}^j) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_{ia} - x_{ic}^j)^2} \quad (2.2)$$

onde,  $x_{ic}^j = \frac{x_{ip_1}^j + x_{ip_2}^j + \dots + x_{ip_m}^j}{m}$ ,  $1 \leq i \leq n$ , é a  $i$ -ésima coordenada do centróide da classe  $\beta_j$

Uma amostra  $\bar{a}$  será classificada na classe  $\beta_j$  se

$$d(\bar{a}, \bar{c}^j) < d(\bar{a}, \bar{c}^k) \quad \forall k \neq j, \quad k = 1 \text{ até Número de Classes.} \quad (2.3)$$

A seguir são apresentados alguns exemplos simples, de fácil visualização, que procuram mostrar graficamente o funcionamento do MCS e alguns dos problemas referidos acima.

A Fig 2.1 mostra um exemplo de classificação de amostras em um espaço bidimensional gerado pelas variáveis  $v_1, v_2$ .

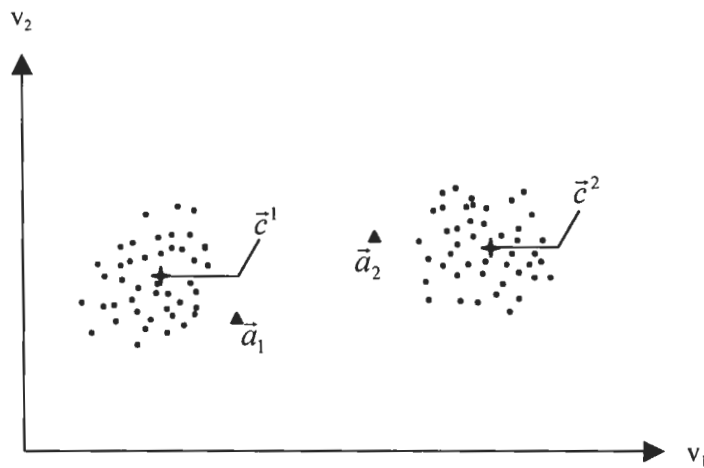


Fig 2.1- Exemplo de classificação de amostras no espaço  $\mathfrak{R}^2$ . Os pontos  $\bar{c}^1$ ,  $\bar{c}^2$  são os centróides das classes  $\beta_1$  e  $\beta_2$ , respectivamente, e  $\bar{a}_1$ ,  $\bar{a}_2$  duas amostras.

Neste exemplo, é possível perceber, visualmente, que a amostra  $\bar{a}_1$  pertence à classe  $\beta_1$  e a amostra  $\bar{a}_2$  à classe  $\beta_2$ . Evidentemente, para os casos de domínios com mais de três dimensões, não será mais possível uma percepção visual da classificação.

A Fig 2.2 mostra um exemplo de classes representadas por séries temporais.

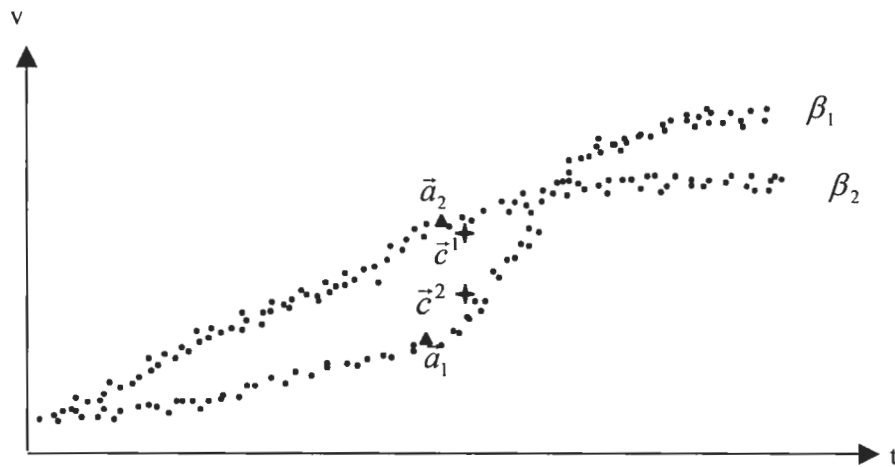


Fig 2.2- Exemplo de classificação de eventos representados por séries temporais. Os pontos  $\bar{c}^1$  e  $\bar{c}^2$  são os centróides das classes  $\beta_1$  e  $\beta_2$ , respectivamente.

Pela aplicação do MCS, tem-se que  $\bar{a}_1 \in \beta_2$  e  $\bar{a}_2 \in \beta_1$ . Entretanto, pode-se verificar, visualmente, que  $\bar{a}_1$  está mais próxima da classe  $\beta_1$  e  $\bar{a}_2$  da classe  $\beta_2$ .

Outro exemplo, hipotético, no qual este método de classificação é incapaz de classificar qualquer amostra está mostrado na Fig 2.3.

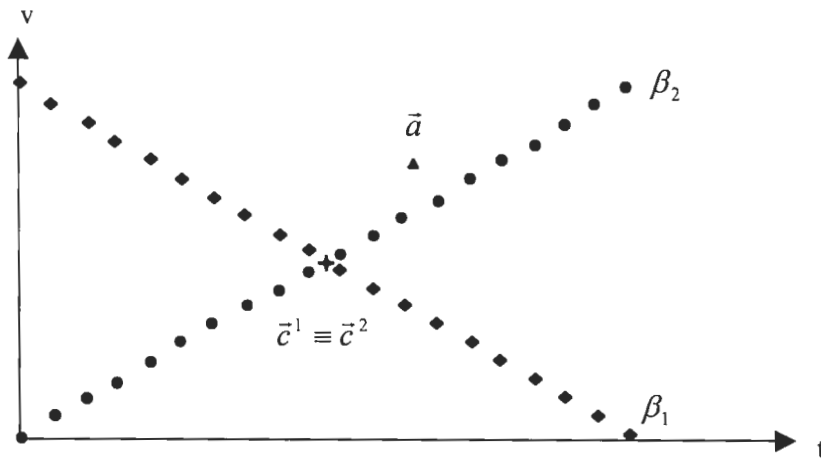


Fig 2.3- Exemplo de duas classes com centróides coincidentes.

Visualmente, verifica-se que é extremamente fácil classificar uma amostra. Entretanto, devido à simetria das classes, os centróides são coincidentes e o MCS não consegue distinguir uma classe da outra. Neste caso, se as classes fossem divididas em subclasses, de tal forma que os centróides das subclasses se tornassem distintos, a dificuldade de classificação seria removida. Uma forma de se conseguir isto, neste exemplo, é dividir cada classe em duas subclasses através de uma linha vertical passando pelo ponto médio do intervalo, no eixo do tempo, conforme mostrado na

Fig 2.4.

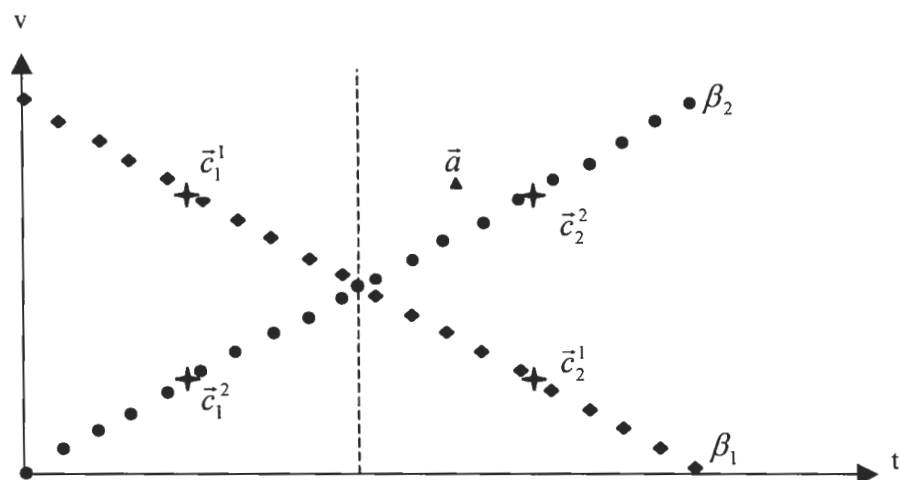


Fig 2.4: Exemplo de partição de classes em subclasses. Os pontos  $\bar{c}_1^1$ ,  $\bar{c}_2^1$ ,  $\bar{c}_1^2$  e  $\bar{c}_2^2$  são os centróides das subclasses das classes  $\beta_1$  e  $\beta_2$ , respectivamente.

Um algoritmo simples para classificação de amostras, implementado de acordo com a idéia apresentada na Fig 2.4, está mostrado a seguir em forma de pseudocódigo.

### Algoritmo de Classificação por Distâncias

```

DMIN ←  $d(\bar{a}, \bar{c}_1^1)$ ;           {DMIN: distância mínima}

Para j de 1 até NC;           {NC: número de classes}
  Para i de 1 até NSCC;       {NSCC: n° de subclasses por classe}
    Se  $d(\bar{a}, \bar{c}_i^j) < \text{DMIN}$    { $\bar{c}_i^j$ : centróide da subclasse  $i$  da classe  $j$ }
      então
        DMIN ←  $d(\bar{a}, \bar{c}_i^j)$ ;
        Classe ← j;
      Fim Se;
    Fim Para;
  Fim Para;
Fim Para;

```

Nestes exemplos, foi fácil visualizar o conjunto ótimo de centróides porque cada classe é representada apenas por uma única variável. No entanto, em situações reais, como na identificação de transientes em centrais nucleares, o número de variáveis utilizado para representar cada classe (transiente) é grande, gerando padrões complexos, multidimensionais, o que torna a visualização dos melhores centróides para a classificação das amostras extremamente difícil, ou até mesmo impossível. Além disso,

classes “próximas”, ou que apresentem peculiaridades como aquelas mostradas nas Fig 2.2 e 2.3, podem levar o MCS a efetuar classificações erradas. Como encontrar, então, o melhor conjunto de centróides (subclasses) tal que o MCS possa distinguir as classes e classificar os padrões corretamente? De outra forma, como transformar o problema real, complexo, em um número mínimo de problemas simples que possam ser resolvidos por um método simples como o MCS? Considerando que o problema real apresenta uma espaço de busca complexo, sobre o qual não se tem um conhecimento prévio, este é um caso típico de otimização para a aplicação de algoritmo genético que é uma técnica de busca cega do ótimo global.

## **2.2– Conceitos Básicos sobre Algoritmos Genéticos**

Para facilitar o entendimento do processo utilizado no método CMC para otimização do número de subclasses, será apresentada a seguir um breve descrição dos fundamentos dos algoritmos genéticos (AG), sendo deixada para o Anexo A uma descrição mais detalhada desta técnica de otimização.

Os algoritmos genéticos são algoritmos de busca do ótimo global inspirados nos mecanismos da seleção natural das espécies e em alguns conceitos da Genética. São utilizadas metáforas dos processos de reprodução, cruzamento e mutação– os operadores genéticos– que atuam sobre uma população de pontos do espaço de busca (os indivíduos), normalmente representados simbolicamente por estruturas codificadas em seqüências de dígitos binários – os genótipos ou cromossomos – que contêm as informações sobre as características típicas dos indivíduos da população. Estas características estão diretamente relacionadas à adaptabilidade do indivíduo ao meio e

influenciarão na sua sobrevivência. A atuação dos operadores genéticos sobre os indivíduos é feita de tal forma que os mais adaptados tenham mais chances de serem selecionados para reprodução, podendo transmitir suas características para seus descendentes. Assim, ao longo das gerações sucessivas, a tendência é que os mais adaptados predominem nas novas populações e os menos adaptados sejam extintos.

Em Genética, fenótipo são as características de um indivíduo decorrentes da interação do meio com seu genótipo. Assim, para saber-se que características terá um indivíduo é necessário decodificar as informações contidas no seu genótipo e observar como o meio vai atuar sobre elas. Nos algoritmos genéticos, o genótipo de cada indivíduo é decodificado no seu fenótipo, sendo, em seguida, avaliado por meio de um valor (adequação ou “fitness”) que lhe é atribuído por uma função-objetivo e que ditará sua adaptabilidade ao meio. O mecanismo da seleção natural é simulado pela reprodução de indivíduos de acordo com o valor da sua adequação, isto é, indivíduos com valores maiores têm uma probabilidade maior de gerarem um ou mais descendentes para a próxima geração, ou seja, os mais adaptados sobrevivem.

### **2.3- Método do Conjunto Mínimo de Centróides**

O Método do Conjunto Mínimo de Centróides (CMC) consiste em encontrar um conjunto com o número mínimo de subclasses por classe, cujos centróides (das subclasses), utilizados para classificação das amostras (Fig 2.5), consigam distinguir as classes com o máximo de acertos. O método CMC utiliza um algoritmo genético que procura encontrar o número mínimo de partições do eixo do tempo (e suas localizações)

que gerarão as subclasses. A idéia básica deste método é, então, encontrar as regiões do espaço de busca onde a classificação baseada na medida direta de distâncias euclidianas funciona bem.

No método CMC, as partições são codificadas nos genótipos do AG. A codificação é realizada da seguinte forma: uma partição é constituída por um grupo de dígitos “1” ou “0” justapostos, sem alternância. O genótipo é, então, uma seqüência de dígitos binários cujo tamanho é igual ao número de padrões das classes do conjunto de treinamento.

A Fig 2.5 mostra um exemplo hipotético de duas classes, divididas em duas subclasses, e o genótipo correspondente. O instante  $t_5$  é a coordenada de tempo dos centróides  $\bar{c}_1^1$  (subclasse 1 da classe  $\beta_1$ ) e  $\bar{c}_2^1$  (subclasse 1 da classe  $\beta_2$ ), e  $t_{14}$  dos centróides  $\bar{c}_1^2$  (subclasse 1 da classe  $\beta_2$ ) e  $\bar{c}_2^2$  (subclasse 2 da classe  $\beta_2$ ).

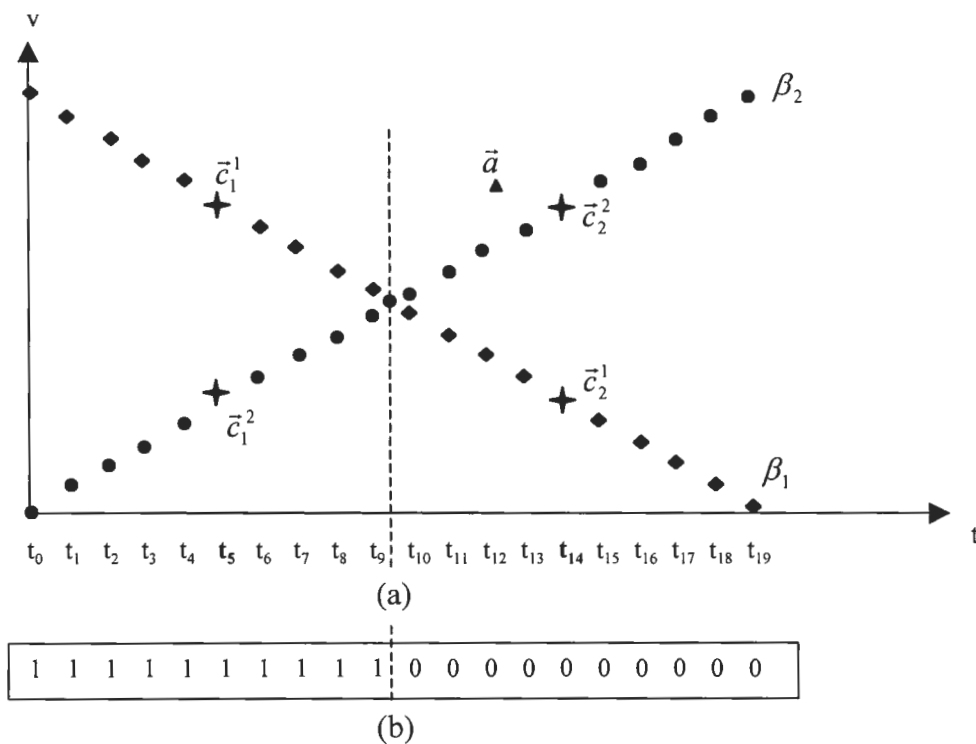


Fig 2.5- (a) Exemplo de duas classes divididas em duas subclasses. (b) Codificação do genótipo correspondente a esta partição.

O algoritmo genético inicia com uma população de partições do eixo do tempo geradas randomicamente. Assim, no início, tem-se indivíduos (partições) que representam trinta, quarenta ou mais subclasses (num máximo de sessenta para os transientes analisados nesta Tese), cujos centróides calculados pelo MCS, são passados para o algoritmo de classificação do método CMC que classifica, então, os padrões do conjunto de treinamento, retornando ao AG o número de classificações corretas para o cálculo da “fitness” (desempenho) que guia a busca do ótimo. O processo é repetido até que o desempenho seja considerado satisfatório, ou um critério de convergência seja atendido. Neste momento, encerra-se a fase de treinamento, tendo sido encontrado o número mínimo de centróides (subclasses) que serão utilizados pelo método CMC na fase de operação.

Foi mencionado acima que o AG é guiado pelo número de acertos nas classificações dos padrões de treinamento, denominado de desempenho. Assim, a função-objetivo deve premiar este desempenho. Por outro lado, o número de centróides deve ser o menor possível, mas suficiente para a classificação. Uma função-objetivo, usada no método CMC, que contempla esses dois critérios está mostrada na equação (2.4).

$$f = k_A \cdot A - k_C \cdot C ; \quad (2.4)$$

onde,  $k_A$  é o fator de ponderação para o número de classificações corretas  $A$ , e  $k_C$  é o fator de ponderação para o número de centróides  $C$ .

Estes fatores são escolhidos empiricamente e ajustados experimentalmente, de acordo com a importância relativa de cada variável da função-objetivo



A Fig 2.6 mostra, esquematicamente, as fases de treinamento e operação do método CMC.

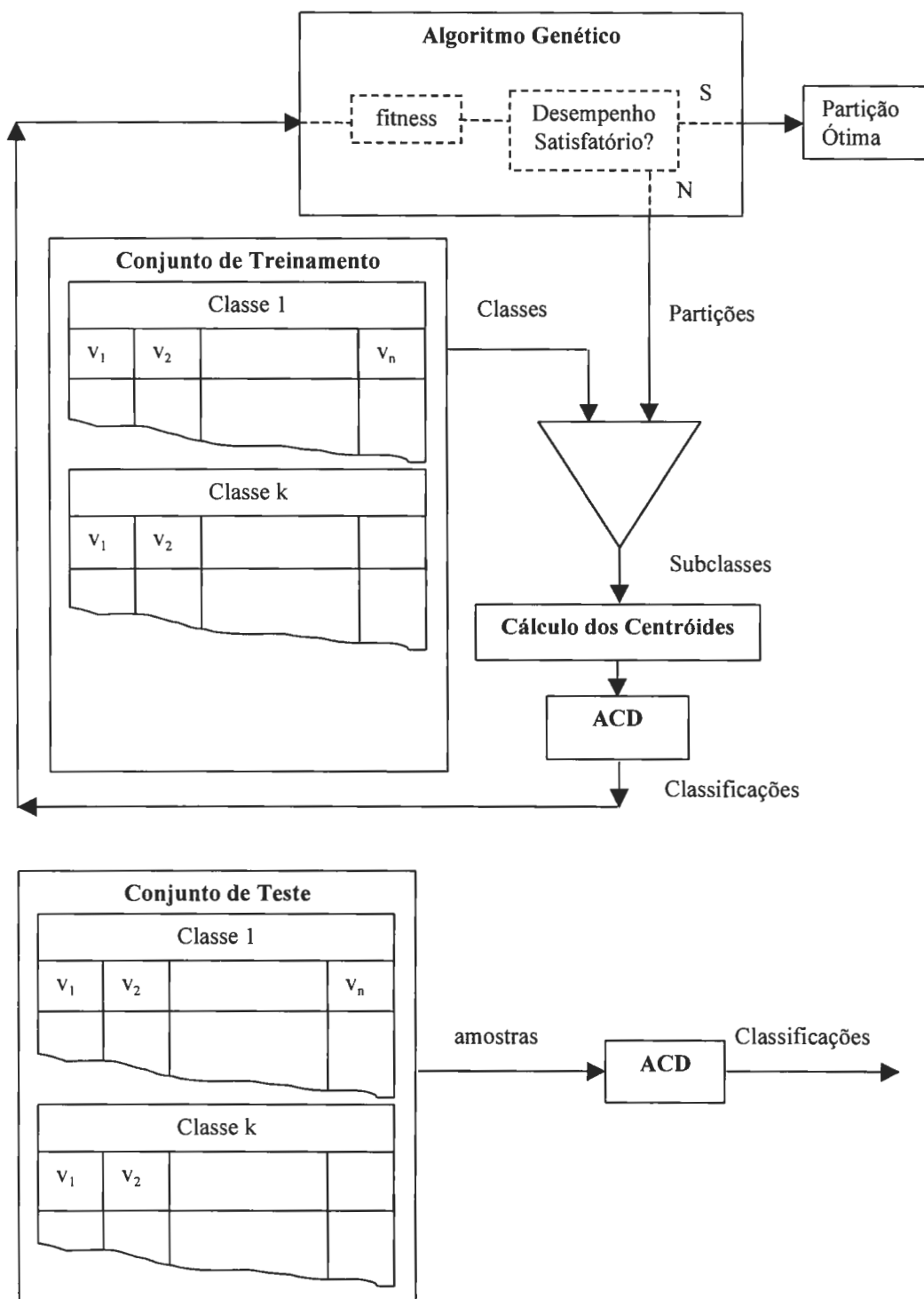


Fig 2.6- Diagrama esquemático do método CMC: (a) fase de treinamento; (b) fase de operação.

## 2.4- Considerações sobre o Método CMC

Os testes de verificação do método CMC foram efetuados em duas fases distintas. Na primeira, foram idealizados três exemplos simples, com cada classe representada por apenas uma variável, sendo os melhores centróides (das subclasses) bem conhecidos. O objetivo desta fase foi testar a precisão do método, pois os exemplos, por serem teóricos, podem ser considerados como referências. Conforme relatam os autores do método, o resultado obtido nesta fase foi excelente, tendo sido obtido um percentual de acertos de 100% em dois dos três testes, e 98% no terceiro.

Devido ao sucesso ocorrido na primeira fase, na segunda, o escopo de aplicação do método foi estendido para um caso real, envolvendo três transientes postulados para uma usina nuclear, representado cada um por 15 variáveis que, por hipótese, são assumidas como necessárias e suficientes para o reconhecimento destes transientes. Foram comparados os resultados de três métodos de identificação: o MCS, o CMC e o método baseado em redes neurais tipo AVQ (Adaptive Vector Quantization), desenvolvido por Alvarenga (1997). Os resultados obtidos, mais uma vez, foram considerados muito bons, conforme quadro comparativo mostrado na tabela 2.1.

Tabela 2.1: Quadro comparativo de três métodos de identificação de transientes.

<b>Método</b>	<b>Acertos/Total</b>	<b>Nº de Partições</b>
MCS	82% (144/180)	1
CMC	95% (171/180)	3
RNA AVQ	86% (155/180)	–

Observa-se que o método CMC apresenta grande eficiência na classificação de padrões, melhorando bastante o desempenho do MCS. Além disso, tem a seu favor a simplicidade da classificação com centróides simples e distâncias Euclidianas (o AVQ também utiliza centróides, mas calculados como uma média ponderada da distribuição espacial dos padrões, por meio de distâncias cossênicas). Outra vantagem do método CMC é que o AG trabalha somente com o eixo do tempo, significando que aumentar o número de variáveis que representam cada classe não aumenta, necessariamente, a complexidade para o AG, ou seja, seu custo computacional é baixo.

Não obstante todas estas vantagens apresentadas pelo método CMC, a classificação baseada apenas na distância da amostra aos centróides, sem levar em conta as zonas de influência destes, fornece resultados incorretos para amostras que se situem muito distantes de todos os centróides. Por não haver um limiar de discriminação para as distâncias, mesmo que uma amostra não pertença a qualquer classe do conjunto de treinamento, ainda assim ela será incluída em alguma dessas classes pelo algoritmo de classificação. O estabelecimento de tal limiar, entretanto, não é trivial, constituindo-se num problema de solução empírica, com algum grau de subjetividade, ou seja, é um conceito vago. Admitindo-se que este limiar tenha sido estabelecido de alguma forma, a classificação de uma amostra se transforma na questão de saber se ela pertence mais a uma ou a outra classe do espaço de busca. De outra forma, a classificação apresenta uma incerteza determinística, isto é, não probabilística, pois não se trata de saber qual a probabilidade de uma amostra pertencer a uma determinada classe, mas em que extensão ela pertence. Modernamente, conceitos dessa natureza que apresentam um caráter vago, com incerteza determinística, encontram um tratamento adequado pela aplicação da Teoria dos Conjuntos Nebulosos.

No capítulo 3, é apresentado um método de classificação, que se aproxima mais da cognição humana, baseado em conceitos da Teoria dos Conjuntos Nebulosos, visando solucionar os problemas do método CMC mencionados acima.

## CAPÍTULO 3

### MÉTODO DE CLASSIFICAÇÃO POSSIBILÍSTICA

No capítulo 2, foi visto que o método CMC não leva em consideração as zonas de influência dos centróides o que ocasiona respostas inconsistentes em determinadas situações. Um modo de contornar esta dificuldade, que será utilizado nesta Tese, consiste em interpretar as subclasses como conjuntos nebulosos que induzem possibilidades para a classificação das amostras.

#### 3.1- Conceitos básicos da Teoria dos Conjuntos Nebulosos

Na Teoria Clássica dos Conjuntos, tem-se os conjuntos clássicos que são coleções de elementos distintos, com fronteiras bem definidas e, por esta razão, são também conhecidos como conjuntos rígidos. Os elementos de todos os conjuntos sob consideração em uma dada situação pertencem a um conjunto invariável, constante, conhecido como conjunto universo, universo ou universo de discurso, que será denotado por  $X$ . Para um conjunto clássico  $A \subset X$ , tem-se a seguinte condição de pertinência para um elemento qualquer  $x \in X$ : ou  $x \in A$  ou  $x \notin A$ , que pode ser formalmente descrita por meio da função característica de  $A$ , definida como

$$\gamma_A(x) = \begin{cases} 1 & \text{se } x \in A \\ 0 & \text{se } x \notin A \end{cases} \quad (3.1)$$

que também pode ser escrita como

$$\gamma_A(x): X \rightarrow \{0,1\} \quad (3.2)$$

significando que a função  $\gamma_A(x)$  mapea cada elemento do universo de discurso no conjunto binário  $\{0,1\}$ .

Em 1965, L. A. ZADEH introduziu o conceito de conjuntos nebulosos, para os quais uma definição mais flexível de pertinência é possível. Em conjuntos nebulosos, muitos graus de pertinência são permitidos. O grau de pertinência em um conjunto é indicado por um número entre 0 e 1. Assim, com os conjuntos nebulosos temos uma generalização da função característica,  $\gamma_A(x)$ , que passa a se chamar função pertinência,  $\mu_A(x)$ , definida como

$$\mu_A(x): X \rightarrow [0,1] \quad (3.3)$$

A função pertinência mapea cada elemento do universo de discurso no intervalo  $[0,1]$ . Estas funções são uma ferramenta simples e versátil para representar noções subjetivas que apresentam um caráter vago como, por exemplo, temperatura alta, números pequenos, pessoas altas ou, como no caso que nos interessa neste trabalho, a zona de influência do centróide de uma classe.

Existem diversas formas de definir uma função pertinência. ZIMMERMANN e ZYSNO (1985) mostraram através de estudos empíricos que um bom modelo de função pertinência para representar classes nebulosas é dado pela equação 3.4. Esta função pertinência servirá de ponto de partida para o método de classificação desenvolvido nesta Tese.

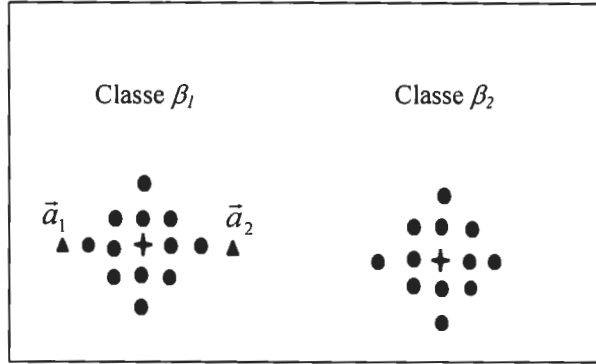
Estes pesquisadores definiram a pertinência de um elemento,  $\vec{x}$ , em uma classe, como uma função da distância entre o elemento e um protótipo da classe (o centróide, por exemplo)

$$\mu(\vec{x}) = \frac{1}{1 + d(\vec{x}, \vec{x}_0)} \quad (3.4)$$

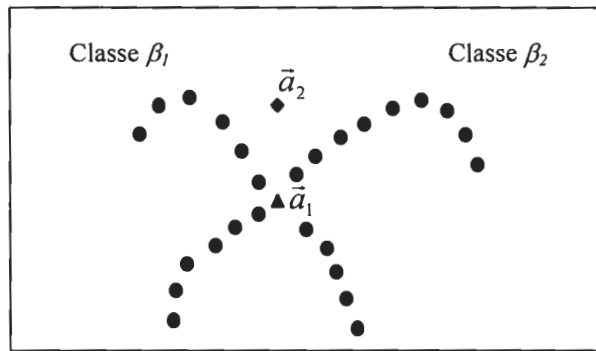
onde  $\vec{x}$  é um ponto no domínio de discurso e  $\vec{x}_0$  é um protótipo da classe.

A função pertinência dada pela equação (3.4) gera pertinências absolutas (não relativas), no sentido de que elas não dependem dos valores das pertinências do ponto  $\vec{x}$  nas outras classes definidas sobre domínio de discurso. Em decorrência desta propriedade, é possível distinguir se uma amostra é mais típica de uma classe que de outra, o que é desejável para os objetivos desta Tese. As situações mostradas na Fig. 3.1 ilustram, de forma simples, esta noção de typicalidade.

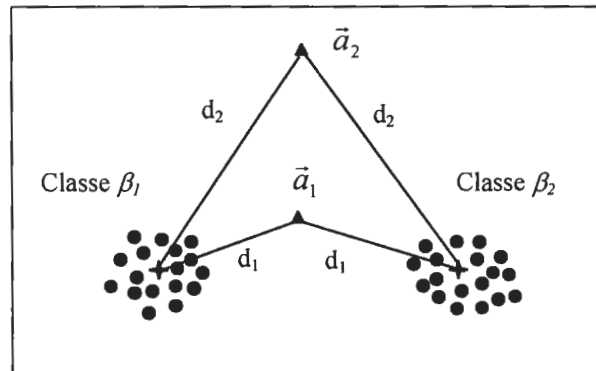
Na Fig. 3.1(a), verifica-se que as amostras  $\vec{a}_1$  e  $\vec{a}_2$  devem ser classificadas na classe  $\beta_1$ , e que ambas são igualmente típicas dessa classe, pois são equidistantes do seu centróide. A Fig. 3.1(b) apresenta duas classes que se interceptam. Aqui, é fácil concluir que a amostra  $\vec{a}_1$  é mais típica de ambas as classes que a amostra  $\vec{a}_2$ , e será classificada em uma ou outra classe, dependendo dos valores das suas pertinências em cada classe. Na Fig. 3.1(c), as amostras  $\vec{a}_1$  e  $\vec{a}_2$  são equidistantes dos centróides das classes  $\beta_1$  e  $\beta_2$ . Visualmente, percebe-se que a amostra  $\vec{a}_1$  apresenta uma possibilidade maior de pertencer a uma das duas classes, embora pela utilização da função-pertinência dada pela equação (3.4) não seja possível distinguir em que classe deverá ser incluída.



(a)



(b)



(c)

Fig. 3.1: (a) Exemplo de amostras igualmente típicas de uma classe ( $\beta_1$ ). (b) Exemplo de amostras com tipicalidades diferentes em ambas as classes, sendo a amostra  $\vec{a}_1$  mais típica que a amostra  $\vec{a}_2$ . (c) Exemplo de amostras igualmente típicas em ambas as classes, sendo a amostra  $\vec{a}_1$  mais típica que a amostra  $\vec{a}_2$ .



Com relação às situações mostradas na Fig. 3.1, pode-se verificar que a função-pertinência dada pela equação (3.4) consegue representar a typicalidade das amostras, mas não resolve o problema das amostras equidistantes dos centróides. Além disso, não apresenta uma forma adequada para o estabelecimento de um limiar de classificação. Dependendo do valor de pertinência escolhido para o limiar, pode ocorrer que pontos muito distantes do centróide, que deveriam ser classificados como desconhecidos (“não sei”), sejam classificados em uma determinada classe, ou pontos da própria classe apresentarem pertinências menores que o limiar estabelecido. Uma forma de se contornar esta dificuldade é utilizar o conceito de pertinência possibilística (ou possibilidade), que também é uma pertinência absoluta, introduzindo mais um parâmetro da classe que represente sua abrangência ou, equivalentemente, a sua zona de influência. Com isto, a pertinência de um ponto indica o grau de compatibilidade deste ponto com a classe, levando em conta o espaço ocupado pela classe. Aproveitando a forma da função pertinência dada pela equação (3.4), pode-se definir uma função pertinência com esta característica, conforme mostrado na equação (3.5), onde  $\eta$  é o parâmetro relacionado com o espaço ocupado pela classe, e  $\bar{c}$  é o centróide da classe.

$$\mu(\bar{x}) = \frac{1}{1 + \frac{d(\bar{x}, \bar{c})}{\eta}} \quad (3.5)$$

Esta função pertinência define uma distribuição de possibilidades, no senso que ela pode ser vista como uma restrição nebulosa (vaga) agindo como uma fronteira elástica sobre os valores que podem ser atribuídos a uma variável que toma valores no domínio de discurso (TSOUKALAS, L. H., UHRIG, E., 1997). O valor da pertinência do ponto  $\bar{x}$  é a possibilidade do ponto  $\bar{x}$ , induzida pela distribuição de possibilidades

representada pela classe. Assim, possibilidades são números pertencentes ao intervalo  $[0,1]$  e distribuições de possibilidades são conjuntos nebulosos.

Uma vez que a métrica utilizada na função pertinência dada pela equação 3.5 é a distância euclidiana, que pondera todas as direções igualmente, as subclasses serão modeladas como conjuntos nebulosos esféricos no espaço  $\mathfrak{R}^n$ . Como toda modelagem nebulosa parte de hipóteses subjetivas, definiu-se o limiar de discriminação para classificação das amostras nas subclasses como sendo igual a 0,5; isto é, pontos com pertinências maiores ou igual a 0,5 são incluídos na subclasse, e aqueles com pertinências menores que 0,5 são classificados como “não sei”. Assim, para que todos os pontos de uma subclasse apresentem pertinências maiores ou iguais a 0,5; o valor de  $\eta$  deve ser igual à distância do ponto da subclasse mais afastado do centróide ( $d_{\max} = \eta$ ).

A Fig. 3.3, ilustra graficamente como funciona a classificação possibilística.

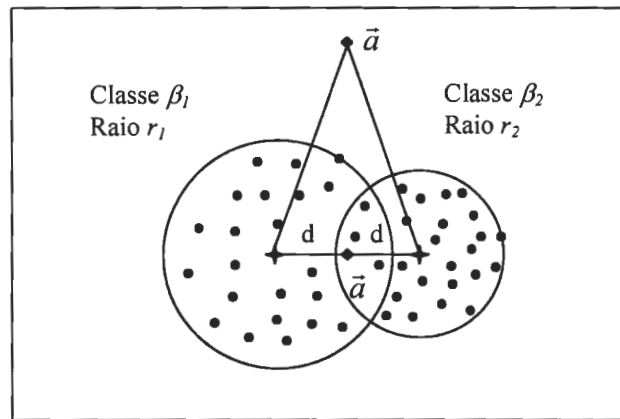


Fig. 3.3: Exemplo de duas classes de tamanhos diferentes, ilustrando o conceito de possibilidade.

As pertinências possibilísticas da amostra  $\bar{a}$  nas classes  $\beta_1$  e  $\beta_2$  são dadas, respectivamente, por

$$\Pi(\bar{a} \text{ é } \beta_1) = \mu_{\beta_1}(\bar{a}) = \frac{1}{1 + \frac{d}{\eta_1}} \quad (3.6)$$

$$\Pi(\bar{a} \text{ é } \beta_2) = \mu_{\beta_2}(\bar{a}) = \frac{1}{1 + \frac{d}{\eta_2}} \quad (3.7)$$

onde  $\Pi(\bar{a} \text{ é } \beta)$  significa a possibilidade da amostra  $\bar{a}$  induzida pela classe  $\beta$ .

Como a classe  $\beta_1$  é maior que a classe  $\beta_2$  ( $r_1 > r_2$ ), tem-se  $\eta_1 > \eta_2$  e, portanto,  $\mu_{\beta_1}(\bar{a}) > \mu_{\beta_2}(\bar{a})$ . Ou seja, a possibilidade da amostra  $\bar{a}$  pertencer à classe  $\beta_1$  é maior que de pertencer à classe  $\beta_2$ .

A seguir, é descrito um algoritmo, em formato de pseudocódigo, que efetua classificações possibilísticas baseado na definição de pertinência possibilística dada pela equação (3.6) e no limiar de discriminação adotado como  $\mu_\beta = 0,5$ .

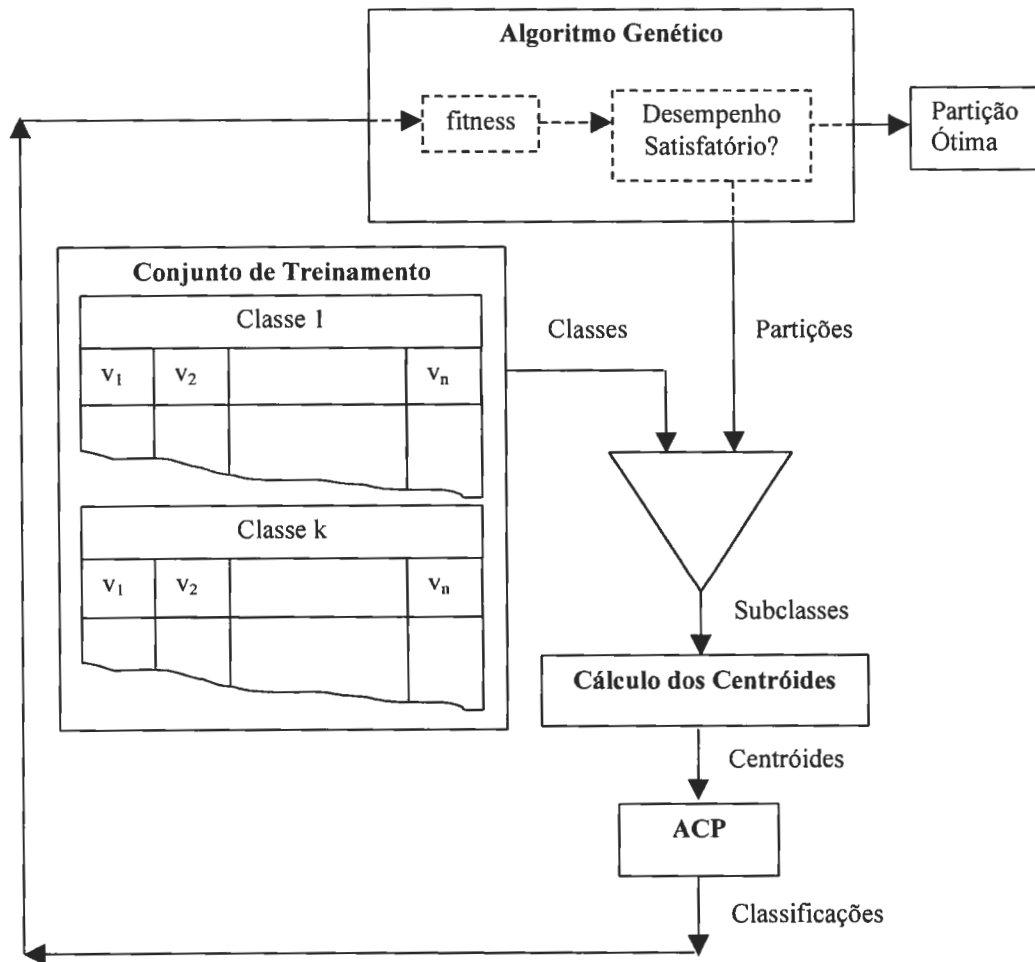
## Algoritmo de Classificação Possibilística (ACP)

```
MP ← 0 ;                                {inicializa variável Maior Pertinência}
CL ← 0 ;                                {inicializa variável que indica a classe}

Para j de 1 até NC ;                    {NC: número de classes}
  Para i de 1 até NSCC ;                {NSCC: número de subclasses por classe}
    Calcula  $\mu$  ;                       {chama função que calcula pertinência}
    Se ( $\mu > MP$ ) Então
      MP ←  $\mu$  ;
      CL ← j ;
    Fim Se ;
  Fim Para ;
Fim Para ;

Se (MP < 0,5) Então
  Classe ← "Não sei" ;
Senão
  Classe ← CL ;
Fim Se ;
```

O método proposto, de classificação possibilística com conjunto mínimo de centróides (MCP), é constituído, então, pela substituição do algoritmo de classificação por distâncias (ACD), do método CMC, pelo algoritmo de classificação possibilística (ACP), conforme mostrado na Fig. 3.4.



(a)

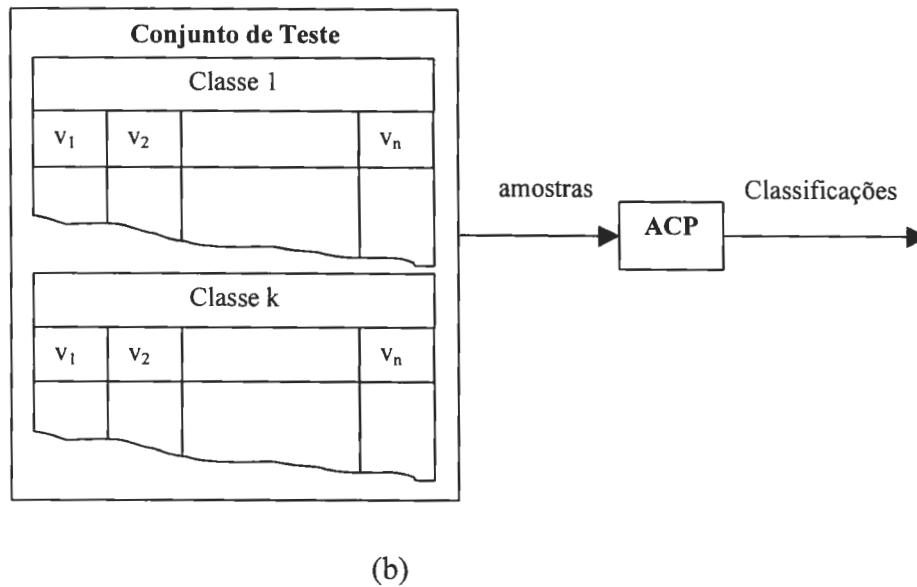


Fig. 3.4: Diagrama esquemático do Método de Classificação Possibilística. (a) fase de treinamento. (b) fase de operação.

### 3.2- Acumulação de evidência

O modo mais natural do operador efetuar a identificação de um transiente é tomar a decisão após algum tempo de acumulação de evidência pela observação dos resultados das classificações passadas. Entretanto, o sistema de classificação mostrado na Fig. 3.4 faz classificações pontuais que dependem somente do instante presente, podendo efetuar classificações incorretas intermitentes ao longo do período de análise que podem confundir o operador. É melhor, então, que a acumulação de evidência seja efetuada pelo próprio método de identificação, liberando o operador desta atividade, diminuindo, assim, sua tensão emocional. Uma definição possível para um índice de acumulação de evidência é descrita a seguir.

Seja um transiente que iniciou no instante  $t_0$  e está sendo analisado no instante  $t_j$ . Define-se uma função decisão como

$$d_{\beta_k}(i) = \begin{cases} 1 & \text{se a amostra pertence à classe } \beta_k \\ 0 & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (3.8)$$

e um índice de acumulação de evidência como

$$E_{\beta_k}(i) = \sum_{j=0}^{j=i} w_i(j) d_{\beta_k}(j) \quad (3.9)$$

onde:

- $E_{\beta_k}(i)$  é o índice de acumulação de evidência adotado;
- $i$  representa o instante presente;
- $j$  representa os instantes passados;
- $w_i(j)$  representa o peso, no instante  $i$ , da decisão tomada no instante  $j$ .

Os pesos na equação (3.9) podem ser escolhidos de diversas maneiras. No problema da identificação de transientes, uma escolha possível é considerar todas as decisões anteriores igualmente importantes, o que significa dizer que os pesos  $w_i(j)$  são constantes ao longo do período de análise. Por razões de simplicidade, neste trabalho, foi escolhido  $w_i(j)=1$ .

Definindo-se um índice relativo de acumulação de evidência, calculado em relação ao tempo transcorrido até o instante presente, para cada evento, de acordo com a equação (3.10)

$$ER_{\beta_k}(i) = \frac{\sum_{j=0}^{j=i} w_i(j) d_{\beta_k}(j)}{i + 1} \quad (3.10)$$

onde  $ER_{\beta_k}(i)$  é a acumulação de evidência para a classe  $\beta_k$  até o instante  $i$ , torna-se possível discriminar, visualmente, a classe vencedora, facilitando a decisão do operador.

A Fig 3.5 apresenta as classificações instantâneas e a respectiva acumulação de evidência ocorrida para um exemplo hipotético de um cenário composto de quatro classes. O gráfico da Fig 3.5(b) mostra que a classe  $\beta_3$  é a vencedora, sendo este diagnóstico possível de ser efetuado antes do fim do período de simulação, através da observação das tendências de acumulação de evidência das classificações de cada evento.

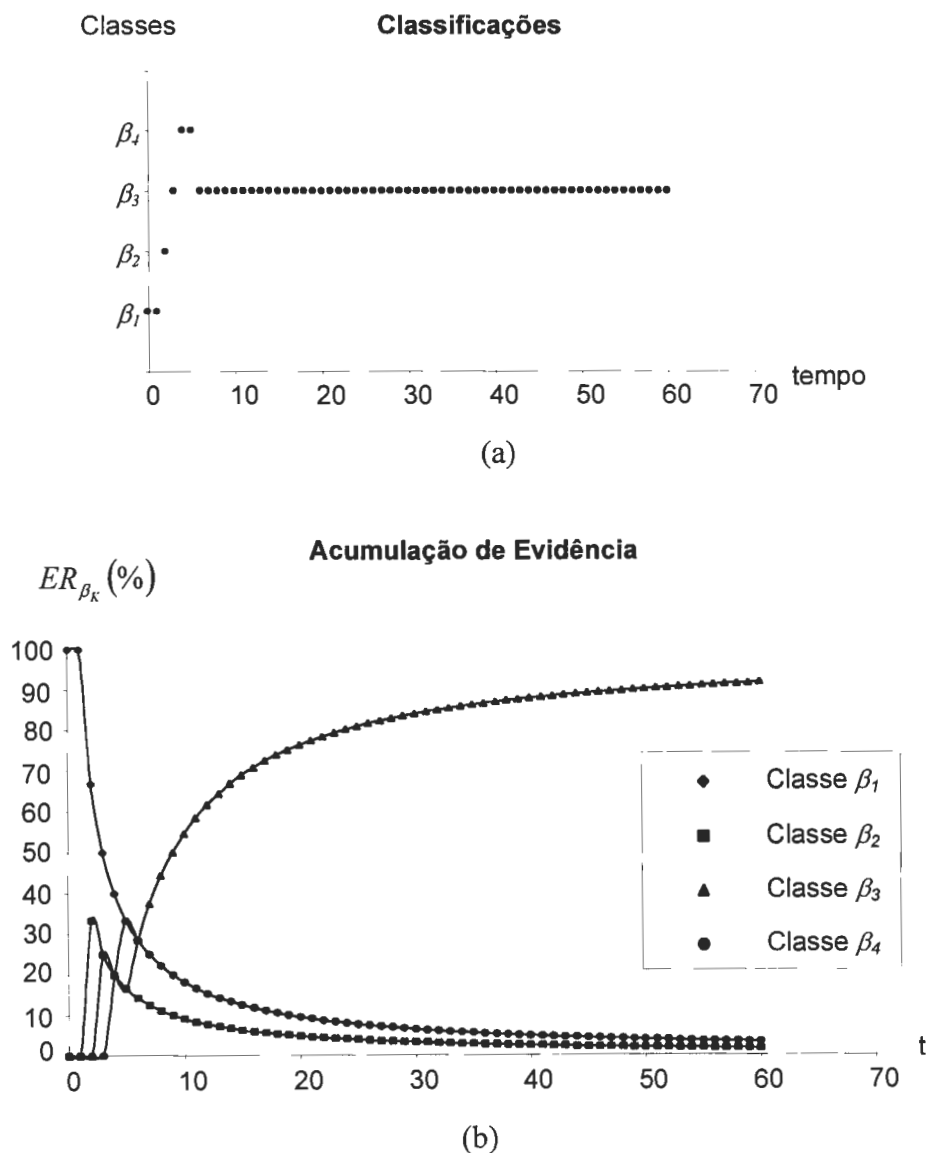


Fig 3.5- (a) Classificações instantâneas de um transiente hipotético. (b) Acumulação de evidência.



## CAPÍTULO 4

### APLICAÇÃO DO MCP NA IDENTIFICAÇÃO DE TRANSIENTES

O MCP foi implementado utilizando o programa GENESIS (“Genetic Search Implementation System”), desenvolvido por Grefenstette (1990) para otimização, usando técnicas genéticas de busca. Para utilizar este código computacional, é necessário escrever um procedimento referente à função de avaliação, *eval* (do GENESIS), que recebe as estruturas que codificam geneticamente os elementos do espaço de busca (cromossomos) e retorna, para o GENESIS, um valor que mede o desempenho de cada estrutura. Assim, para implementar a função *eval*, foi escrito um procedimento em linguagem C que determina e retorna o desempenho de cada estrutura, medido em função do número de identificações corretas e do número de centróides de cada partição.

Para determinar este desempenho, é necessário atribuir valores aos fatores de ponderação  $k_A$  e  $k_C$  da função-objetivo dada pela equação (2.4). Conforme mencionado no capítulo 2, os fatores de ponderação desta equação são ajustados de acordo com a importância relativa das variáveis  $A$  (acertos) e  $C$  (partições). Como o MCP é um método de diagnóstico de acidentes para uma central nuclear, a importância do número de classificações corretas deve ser bem maior que a do número de partições encontradas para realizar o diagnóstico, ou seja, o algoritmo de classificação deve ser guiado fortemente pelo número de acertos e moderadamente pelo número de partições.

Com base nestas considerações, procurou-se adotar uma condição de contorno para a função-objetivo bastante conservadora, de forma que a situação extrema: 100% de acertos ( $A_{\max}$ ) com 100% de partição do eixo do tempo (cada instante sendo uma partição, no caso,  $C=61$ ) se sobreponha à situação mais próxima a esta em termos de acertos, porém com o

menor número possível de partições (que gera um alto valor de desempenho), ou seja, um acerto a menos que o máximo ( $A_{\max} - 1$ ) com somente uma partição (no caso,  $C=1$ ).

Tomando então equação (2.4) e considerando que o importante para função-objetivo é a razão entre os coeficientes  $k_A$  e  $k_C$ , fazendo  $k_A = 1$  ter-se-á

$$f = A - k_C \cdot C \quad (4.1)$$

Então, para atender a condição de contorno estabelecida, tem-se

$$A_{\max} - k_C \cdot 61 > A_{\max} - 1 - k_C \cdot 1$$

$$60 \cdot k_C < 1$$

$$k_C < \frac{1}{60}$$

$$\therefore k_C < 0,01666\dots \quad (4.2)$$

#### 4.1-Testes de verificação do MCP

Os testes de verificação do MCP foram divididos em duas etapas.

Na primeira etapa, foram realizados ensaios com dois cenários, hipotéticos e simples, referidos como cenários de referência, cujos resultados esperados podem ser verificados por simples inspeção visual. Foram utilizados cenários compostos por apenas dois transientes, sendo cada transiente representado por apenas uma variável em função do tempo. O objetivo, nesta etapa, foi verificar a robustez da convergência do método. Para tanto, foram realizados diversos ensaios com diferentes populações iniciais. Aqui, é oportuno lembrar que, por

trabalhar somente com partições do eixo do tempo, o número de variáveis utilizadas não altera o número de combinações binárias possíveis que representam as soluções-candidatas. Por este motivo, pôde-se utilizar transientes representados por apenas uma variável, sendo os resultados aplicáveis a um número qualquer de variáveis.

Na segunda etapa, dividida em duas fases: treinamento e operação, o MCP foi aplicado na identificação de transientes pertencentes ao conjunto de acidentes postulados para a central nuclear ANGRA-II, tipo PWR, gerados por simulação computacional, operando a uma potência de 100%.

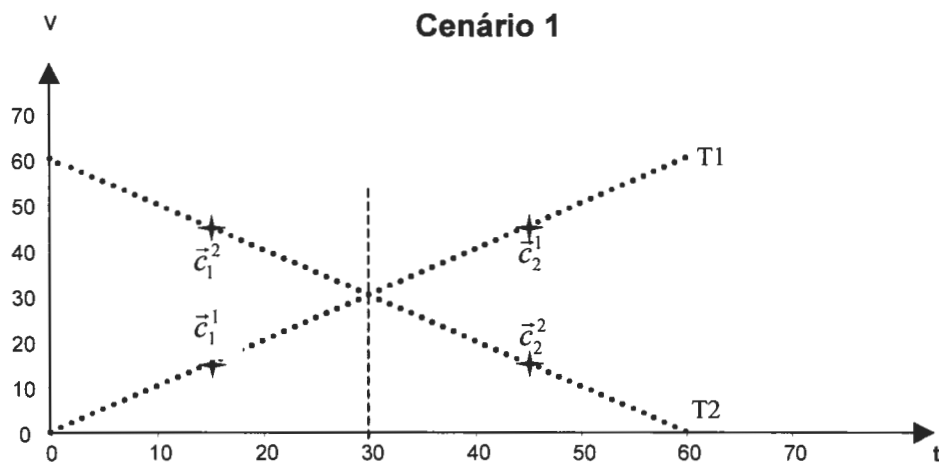
O objetivo da fase de treinamento é a geração do conjunto de centróides representativos das subclasses dos transientes escolhidos. Este treinamento, do tipo supervisionado, consistiu na apresentação dos transientes, com suas respectivas classificações, ao algoritmo de classificação possibilística, sendo efetuada a contagem do número de classificações corretas para o cálculo do desempenho (“fitness”) de cada solução candidata.

Na fase de operação, o conjunto de centróides obtido na fase de treinamento é utilizado para efetuar as classificações instantâneas das amostras que seriam fornecidas pela instrumentação da usina, geradas a intervalos regulares de 1s. Visto que as classificações são efetuadas seqüencialmente no tempo, torna-se necessário determinar a origem do eixo do tempo para início do processo de classificação. Na literatura, são encontradas diversas maneiras de detectar o início de um transiente que marca esta origem (BARTAL, LIN, UHRIG, 1994, ALVARENGA 1997, ROVERSO 1999). Nesta Tese, foi assumido, por hipótese, que o início do transiente é bem conhecido.

Na fase de operação foram realizados testes para verificar a precisão, a robustez ao ruído e a capacidade do método de fornecer classificações “*não sei*” para transientes desconhecidos (não treinados).

#### 4.1.1- Testes com os cenários de referência

A Fig. 3.1 apresenta os cenários de referência testados e as respectivas partições, teoricamente esperadas em cada caso.



(a)

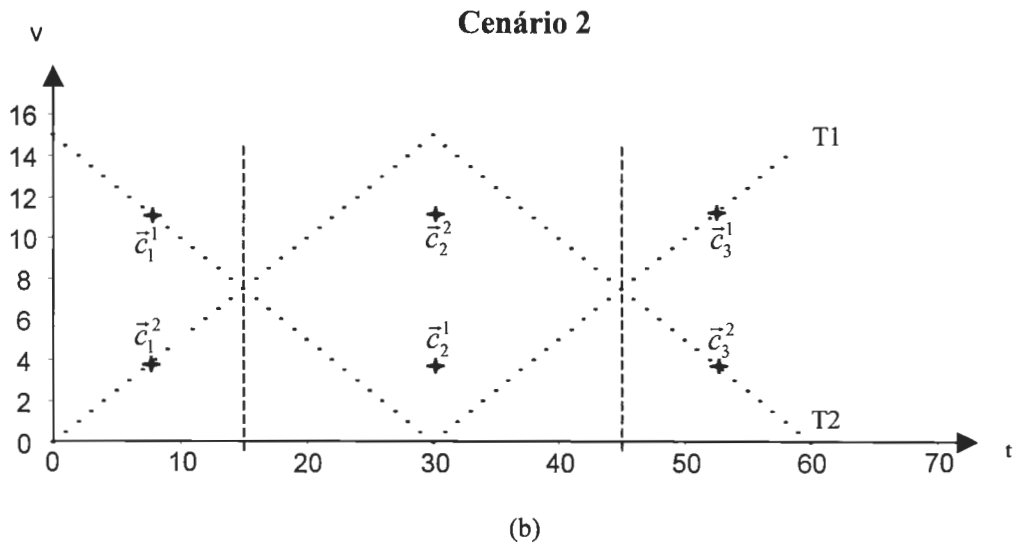


Fig. 3.1: Partições esperadas para os cenários de referência: (a) duas partições; (b) três partições.

Foram realizados diversos experimentos com os cenários de referência, fazendo  $k_A=1$  e  $k_C = 0,015$  (atendendo à condição de contorno estabelecida) e variando tamanho da população, taxa de cruzamento e taxa de mutação, visando verificar a robustez do processo de convergência do AG para diferentes populações iniciais. Estas diferentes populações iniciais são obtidas alterando-se o valor do parâmetro *semente de randomização* do GENESIS. Para cada semente, o programa GENESIS efetua uma distribuição randômica da população inicial pelo espaço de busca. Todos os parâmetros citados acima e outros não mencionados podem ser alterados no arquivo “Setup” do GENESIS.

Vale ressaltar que, para os cenários de referência, só foram feitos testes relativos à fase treinamento porque o objetivo, nesta etapa, foi verificar a robustez da convergência do método, não havendo sentido prático em realizar testes de operação com estes cenários hipotéticos.

As tabelas 4.1 e 4.2 mostram os resultados obtidos em dez experimentos para uma população de 2000 indivíduos, usando valores típicos, normalmente encontrados na literatura, para as taxas de cruzamento e de mutação.

Tabela 4.1- Resultados obtidos para o cenário 1 de referência

<b>Experimento</b>	<b>Taxa de Cruzamento</b>	<b>Taxa de Mutação</b>	<b>Semente de Randomização</b>	<b>Número de Centróides</b>	<b>Acertos/ Total</b>
1	0,6	0,005	123	2	121/122
2	0,6	0,005	1234	2	121/122
3	0,6	0,005	321	2	121/122
4	0,6	0,01	123	2	121/122
5	0,6	0,01	1234	3	121/122
6	0,6	0,01	321	2	121/122
7	0,8	0,005	123	2	121/122
8	0,8	0,005	1234	2	121/122
9	0,8	0,005	321	2	121/122
10	0,8	0,01	123	2	121/122
11	0,8	0,01	1234	2	121/122
12	0,8	0,01	321	3	121/122

Tabela 4.2- Resultados obtidos para o cenário 2 de referência

<b>Experimento</b>	<b>Taxa de Cruzamento</b>	<b>Taxa de Mutação</b>	<b>Semente de Randomização</b>	<b>Número de Centróides</b>	<b>Acertos/ Total</b>
1	0,6	0,005	123	3	120/122
2	0,6	0,005	1234	3	120/122
3	0,6	0,005	321	3	120/122
4	0,6	0,01	123	3	120/122
5	0,6	0,01	1234	3	120/122
6	0,6	0,01	321	3	120/122
7	0,8	0,005	123	3	120/122
8	0,8	0,005	1234	3	120/122
9	0,8	0,005	321	3	120/122
10	0,8	0,01	123	3	120/122
11	0,8	0,01	1234	4	120/122
12	0,8	0,01	321	3	120/122

As tabelas 4.3 e 4.4 apresentam uma comparação entre os valores das coordenadas dos centróides obtidas pelo MCP e os valores teóricos esperados.

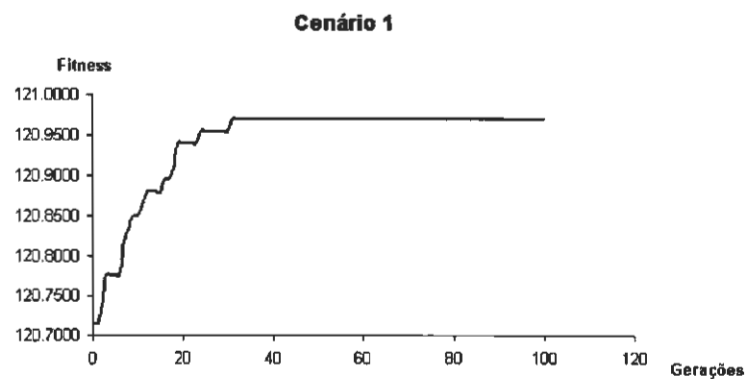
Tabela 4.3- Cenário 1 - Coordenadas dos centróides dos cenários de referência.

Variável	Transiente 1				Transiente 2			
	MCP		Teórico		MCP		Teórico	
	$\bar{c}_1^1$	$\bar{c}_2^1$	$\bar{c}_1^1$	$\bar{c}_2^1$	$\bar{c}_1^2$	$\bar{c}_2^2$	$\bar{c}_1^2$	$\bar{c}_2^2$
Tempo	15,00	45,50	15,00	45,00	15,00	45,50	15,00	45,00
v	15,00	45,50	15,00	45,00	45,00	14,50	45,00	15,00

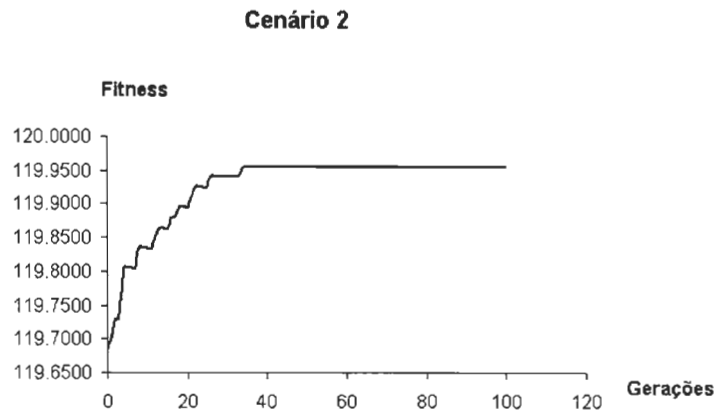
Tabela 4.4- Cenário 2 - Coordenadas dos centróides dos cenários de referência.

Variável	Transiente 1						Transiente 2					
	MCP			Teórico			MCP			Teórico		
	$\bar{c}_1^1$	$\bar{c}_2^1$	$\bar{c}_3^1$	$\bar{c}_1^1$	$\bar{c}_2^1$	$\bar{c}_3^1$	$\bar{c}_1^2$	$\bar{c}_2^2$	$\bar{c}_3^2$	$\bar{c}_1^2$	$\bar{c}_2^2$	$\bar{c}_3^2$
Tempo	7,50	30,00	52,50	7,50	30,00	52,50	7,50	30,00	52,50	7,50	30,00	52,50
v	11,25	3,62	11,25	11,25	3,75	11,25	3,75	11,38	3,75	3,75	11,25	3,75

A Fig. 3.2 mostra o comportamento da “fitness” do AG (GENESIS) ao longo das gerações, para cada cenário de referência.



(a)



(b)

Fig. 3.2: Comportamento da “fitness” dos cenários de referência ao longo das gerações

Os resultados obtidos com os cenários de referência indicam que o método proposto apresenta grande robustez na obtenção do conjunto mínimo de centróides (tabela 4.2), fornecendo valores para as coordenadas dos centróides que, praticamente, não apresentam discrepância em relação aos valores teóricos esperados (tabelas 4.3 e 4.4). O desempenho do método com relação ao índice de acertos nas classificações realizadas também mostrou-se bastante elevado, tendo sido de 99% para o cenário 1 e 98,4% para o cenário 2.



#### **4.1.2- Testes com transientes simulados para uma usina nuclear**

Para os testes com transientes simulados para uma usina nuclear, foram escolhidos cinco transientes do conjunto de acidentes postulados para a central nuclear ANGRA-II, operando a uma potência de 100%: (a) perda de alimentação elétrica externa (“BLACKOUT”); (b) perda de refrigerante do sistema primário (“LOCA”); (c) ruptura de tubos do gerador de vapor (“SGTR”); (d) isolamento da água de alimentação principal e auxiliar sem SCRAM (“MEFWISEM”); (e) desligamento do reator (“TRIPREA”) por TRIP da turbina. Os três primeiros foram utilizados como conjunto de treinamento para obtenção da partição ótima do eixo do tempo (centróides classificadores), e os dois últimos como transientes desconhecidos para a verificação de classificações “não sei”.

##### **4.1.2.1- Fase de treinamento**

Para geração do conjunto mínimo de centróides foram utilizadas as variáveis de processo consideradas como as que mais contribuem para a caracterização dos acidentes postulados (ALVARENGA, 1997), sem superposição de ruído. A tabela 4.5 mostra as variáveis escolhidas.

Tabela 4.5- Variáveis de processo utilizadas no cenário real.

Número	Variável de processo	Unidade
1	Vazão no núcleo	%
2	Temperatura na perna quente	°C
3	Temperatura na perna fria	°C
4	Vazão no núcleo	Kg/s
5	Nível no gerador de vapor – Faixa larga	%
6	Nível no gerador de vapor – Faixa estreita	%
7	Pressão no gerador de vapor	Mpa
8	Vazão de água de alimentação	Kg/s
9	Vazão de vapor	Kg/s
10	Vazão na ruptura	Kg/s
11	Vazão no circuito primário	Kg/s
12	Pressão no sistema primário	Mpa
13	Potência térmica	%
14	Potência Nuclear	%
15	Margem de sub-resfriamento	°C
16	Nível do pressurizador	%
17	Temperatura média no primário	°C

Os principais parâmetros genéticos utilizados no AG nesta fase foram: (a) tamanho da população=2000; (b) taxa de cruzamento=0,6; (c) taxa de mutação=0,01.

Foram obtidos 6 centróides, com um índice de acertos de 98,4% (180 acertos em 183 classificações) no reconhecimento dos padrões. A tabela 4.6. mostra as coordenadas destes centróides (projeções nos eixos das variáveis) e os raios de pertinência 0,5 (parâmetro  $\eta$ ) das distribuições de possibilidades representadas pelas subclasses.

Tabela 4.6 - Centróides e parâmetro  $\eta$  dos transientes treinados.

(a) Transiente 1: Perda de alimentação elétrica externa (BLACKOUT)

Variáveis	Centróides das 6 Subclasses do Transiente 1 Encontradas pelo MCP					
	$\bar{c}_1^1$	$\bar{c}_2^1$	$\bar{c}_3^1$	$\bar{c}_4^1$	$\bar{c}_5^1$	$\bar{c}_6^1$
Tempo	1,0000	3,5000	7,0000	15,0000	33,5000	53,5000
Vazão no núcleo	103,8197	93,3222	71,7340	46,6444	25,8703	16,9672
Temp. perna quente	324,9373	321,5100	305,7382	297,0988	297,0194	298,6225
Temp. perna fria	291,4890	291,5735	291,6892	292,0962	292,5765	292,2083
Vazão no núcleo	50828,3008	50264,6016	49096,8203	48866,5977	49638,4531	51068,0547
Nível no G.V. F. L.	50,0094	47,1611	27,1771	2,1662	0,6466	0,7361
Nível no G.V. F. E.	62,6409	62,1958	60,9447	55,0598	56,7254	58,7036
Pressão no G.V.	6,8945	7,0328	7,5213	7,6634	7,8042	7,9083
Vazão água de alim.	527,7761	80,6868	77,9038	77,0693	76,3756	75,8647
Vazão de vapor	528,0073	209,7463	18,4408	2,7237	3,4408	1,1572
Vazão na ruptura	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Vazão no circ. prim.	103,8197	93,3222	71,7340	46,6444	25,8703	16,9672
Pressão sist. prim.	15,7968	15,2307	14,6666	14,5224	14,6504	14,5282
Potência térmica	99,9931	10,7778	7,5350	5,1096	3,8950	3,4598
Potência nuclear	99,9931	10,7792	7,5353	5,1097	3,8950	3,4598
Margem sub-resfr.	21,3964	41,0255	45,2620	43,9952	42,7099	40,2934
Nível do pressuriz.	46,0219	39,7782	33,7249	32,0456	32,2131	31,8519
Temp. med. no prim.	308,2050	297,1005	293,3286	293,6748	294,9038	295,8793
Parâmetro $\eta$	1,0677	263,1874	532,2214	107,7880	860,5490	493,4348

(b) Transiente 2: Acidente de Perda de Refrigerante (LOCA)

Variáveis	Centróides das 6 Subclasses do Transiente 2 Encontradas pelo MCP					
	$\bar{c}_1^2$	$\bar{c}_2^2$	$\bar{c}_3^2$	$\bar{c}_4^2$	$\bar{c}_5^2$	$\bar{c}_6^2$
Tempo	1,0000	3,5000	7,0000	15,0000	33,5000	53,5000
Vazão no núcleo	103,8197	103,8615	103,8050	103,6681	103,4012	103,1829
Temp. perna quente	324,9373	325,0245	325,4800	325,7468	326,1396	326,3376
Temp. perna fria	291,4890	291,5065	291,6432	292,0627	292,8081	293,2849
Vazão no núcleo	50828,3008	50827,1484	50808,4961	50689,5664	50475,5547	50483,8086
Nível no G.V. F. L.	50,0094	50,0351	50,0486	49,4169	47,7809	47,1562
Nível no G.V. F. E.	62,6409	62,6144	62,5783	62,4443	62,1983	62,1140
Pressão no G.V.	6,8945	6,8968	6,9150	6,9624	7,0386	7,0873
Vazão água de alim.	527,7761	527,4830	524,6226	519,8726	528,7733	530,8651
Vazão de vapor	528,0073	529,1270	530,5372	530,1909	528,9238	527,9578
Vazão na ruptura	0,0000	228,1675	227,2304	224,9131	219,7931	214,2119
Vazão no circ. prim.	103,8197	103,8615	103,8050	103,6681	103,4012	103,1829
Pressão sist. prim.	15,7968	15,7426	15,6225	15,3334	14,6964	14,0008
Potência térmica	99,9931	99,8620	99,6900	99,2679	98,2205	97,1716
Potência nuclear	99,9931	99,8621	99,6900	99,2681	98,2206	97,1719
Margem sub-resfr.	21,3964	20,7227	19,8838	18,2337	14,4304	10,3940
Nível do pressuriz.	46,0219	45,4727	44,1286	40,8875	33,7759	26,3384
Temp. med. no prim.	308,2050	308,4165	308,5520	308,7871	309,3761	309,7412
Parâmetro $\eta$	1,0677	0,9839	19,9273	88,7518	109,7223	13,1481

(c) Transiente 3: Ruptura de tubos do gerador de vapor (SGTR).

Variáveis	Centróides das 6 Subclasses do Transiente 3 Encontradas pelo MCP					
	$\bar{c}_1^3$	$\bar{c}_2^3$	$\bar{c}_3^3$	$\bar{c}_4^3$	$\bar{c}_5^3$	$\bar{c}_6^3$
Tempo	1,0000	3,5000	7,0000	15,0000	33,5000	53,5000
Vazão no núcleo	103,8187	103,8630	103,8064	103,6576	103,3660	103,1367
Temp. perna quente	324,9377	325,0045	325,3804	325,7047	326,2019	326,4167
Temp. perna fria	291,4973	291,5140	291,6738	292,2177	293,2403	293,9421
Vazão no núcleo	50418,1055	50686,7969	51315,1172	52721,8984	55958,0859	59364,3633
Nível no G.V. F. L.	50,0070	49,7577	49,3898	48,9327	48,6011	48,8439
Nível no G.V. F. E.	62,5215	62,5284	62,5712	62,6494	62,8798	63,1724
Pressão no G.V.	6,8944	6,9072	6,9383	7,0027	7,1080	7,1807
Vazão água de alim.	527,6613	525,9310	522,2502	518,3350	519,3899	509,5795
Vazão de vapor	527,8823	531,6170	531,6204	530,9682	529,1454	527,7479
Vazão na ruptura	0,0000	178,1980	176,9358	174,1077	168,1474	161,9913
Vazão no circ. prim.	103,8187	103,8630	103,8064	103,6576	103,3660	103,1367
Pressão sist. prim.	15,7970	15,7546	15,6686	15,4738	15,0381	14,5602
Potência térmica	100,0163	99,9246	99,7566	99,3931	97,6743	96,0075
Potência nuclear	100,0163	99,9245	99,7566	99,3929	97,6744	96,0076
Margem sub-resfr.	21,3925	20,8568	20,1863	18,9339	16,1702	13,4017
Nível do pressuriz.	46,0241	45,6110	44,6628	42,4527	37,4938	32,0528
Temp. med. no prim.	308,2080	308,3785	308,5234	308,8540	309,6180	310,1017
Parâmetro $\eta$	1,0613	89,9092	358,2313	873,9173	2191,1299	1061,7937

O genótipo correspondente às partições geradas pelo MCP está mostrado na Fig 3.3.

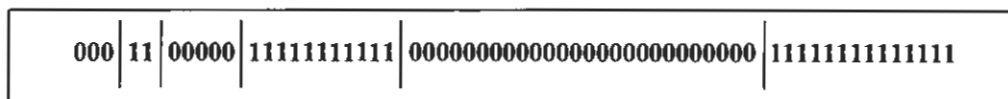


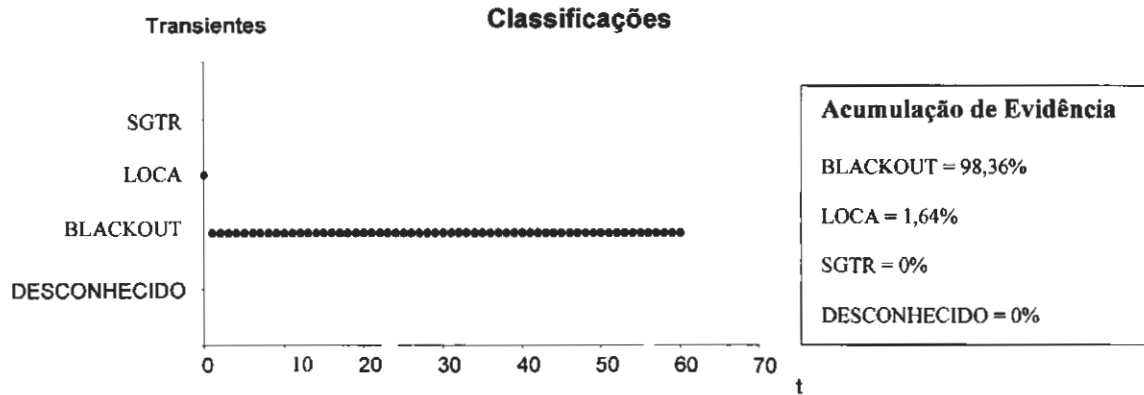
Fig 3.3- Genótipo obtido para os três transientes escolhidos do conjunto de acidentes postulados para ANGRA-II.

#### 4.1.2.2- Fase de operação

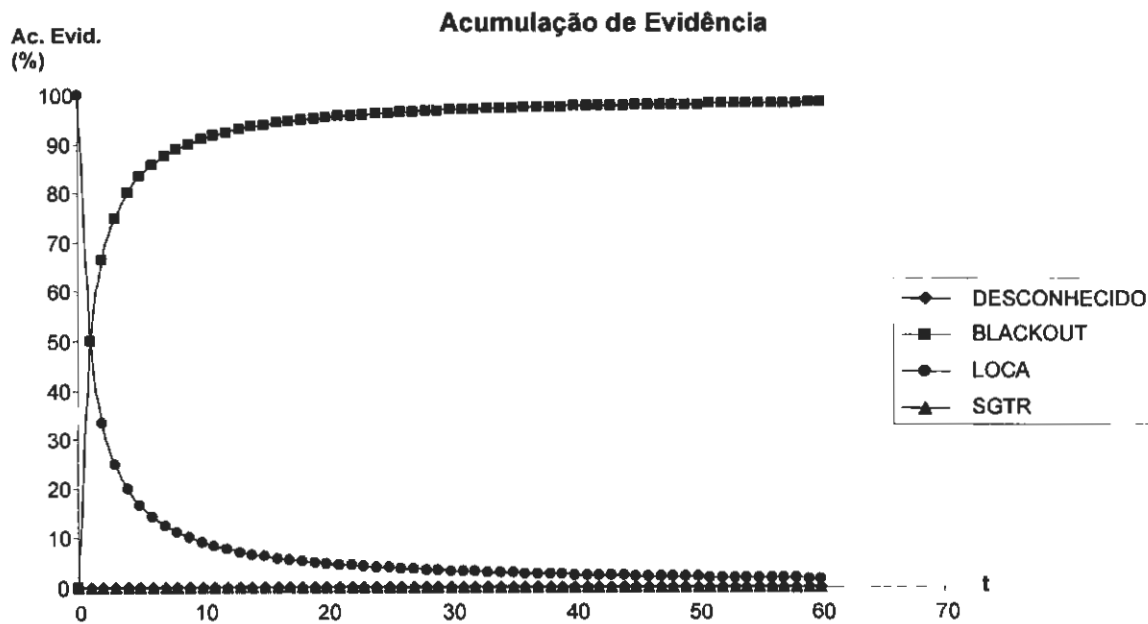
Inicialmente foram efetuados testes para verificação da precisão do método na identificação dos transientes do conjunto de treinamento (“BLACKOUT”, “LOCA” e “SGTR”) sem superposição de ruído. As Fig. 3.4 a 3.6 mostram as classificações instantâneas obtidas e a acumulação de evidência ocorrida para estes transientes ao longo do período de simulação, e a tabela 4.7 apresenta uma comparação entre o método CMC e o MCP.

Tabela 4.7: Comparação entre os métodos CMC e MCP.

Método	Acertos/Total	Nº de Partições
CMC	95% (171/180)	3
MCP	98% (178/180)	6



(a)



(b)

Fig 3.4- Identificação do transiente BLACKOUT sem ruído.

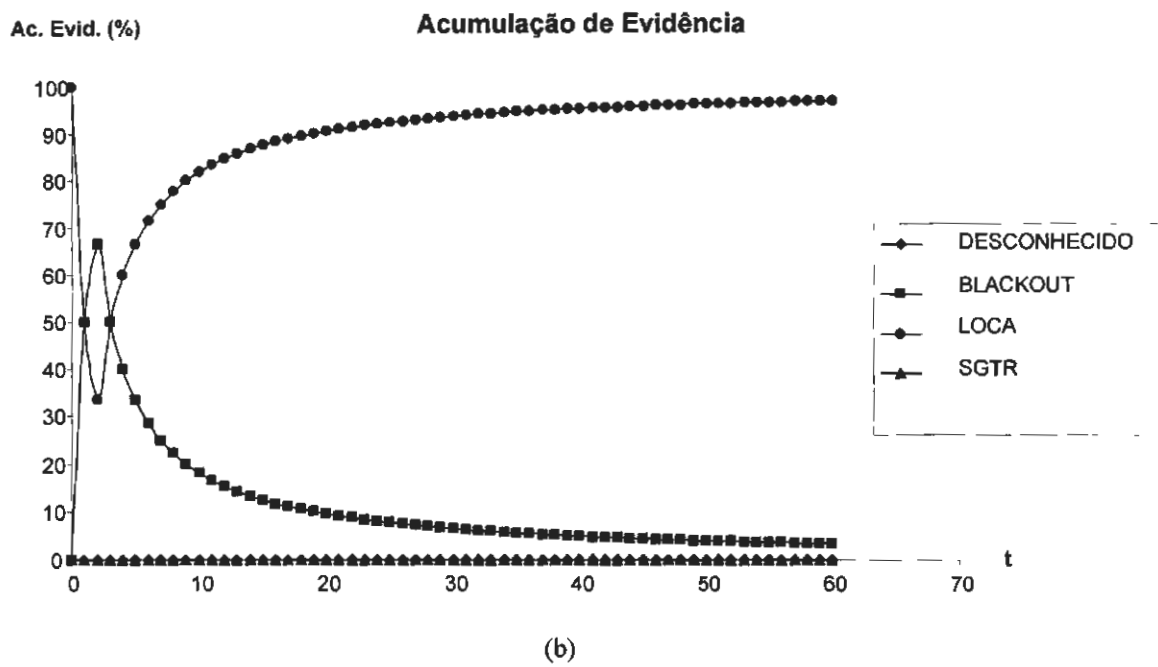
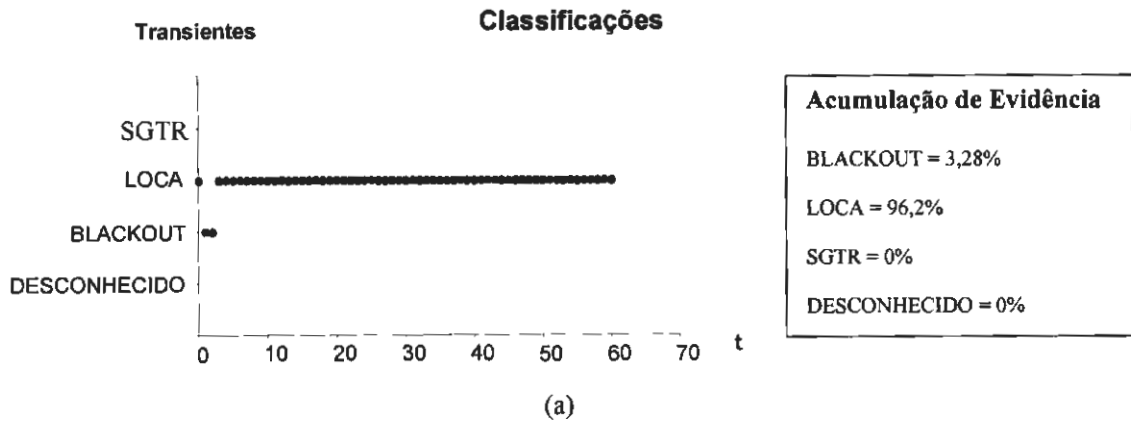


Fig 3.5- Identificação do transiente LOCA sem ruído.

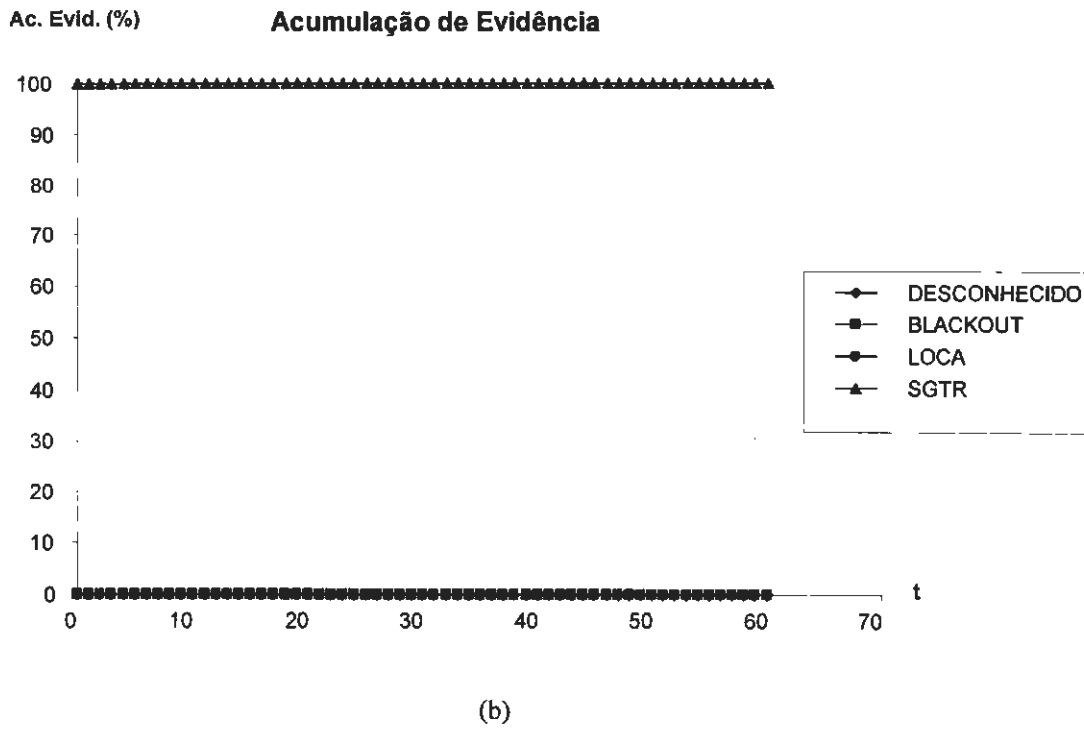
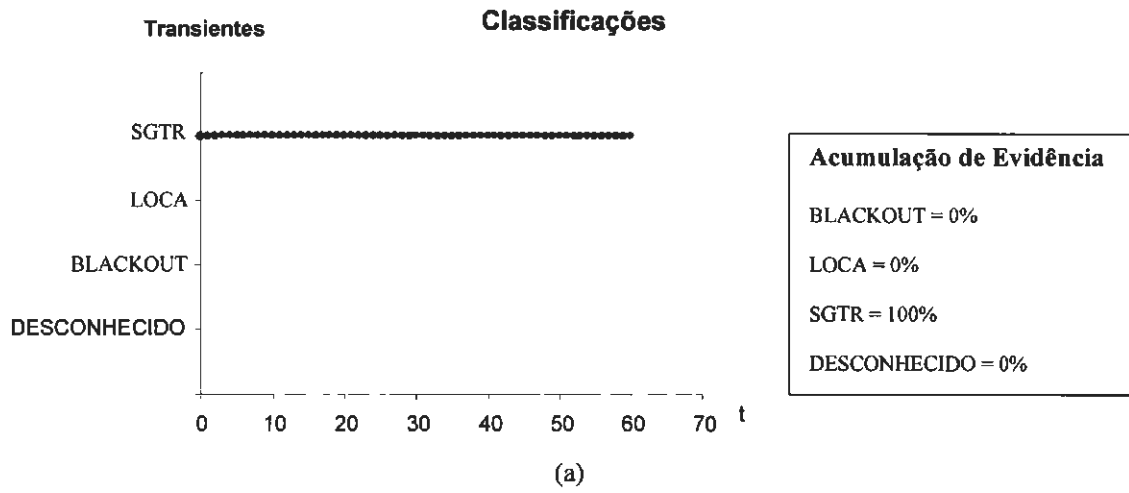


Fig 3.6- Identificação do transiente SGTR sem ruído.

Para verificação da robustez ao ruído, foram realizados testes com superposição de ruído gaussiano, de média zero e desvios padrões de 1% e 2% relativos à amplitude máxima de cada variável. Os resultados obtidos estão mostrados nas Fig. 3.7 a 3.12.

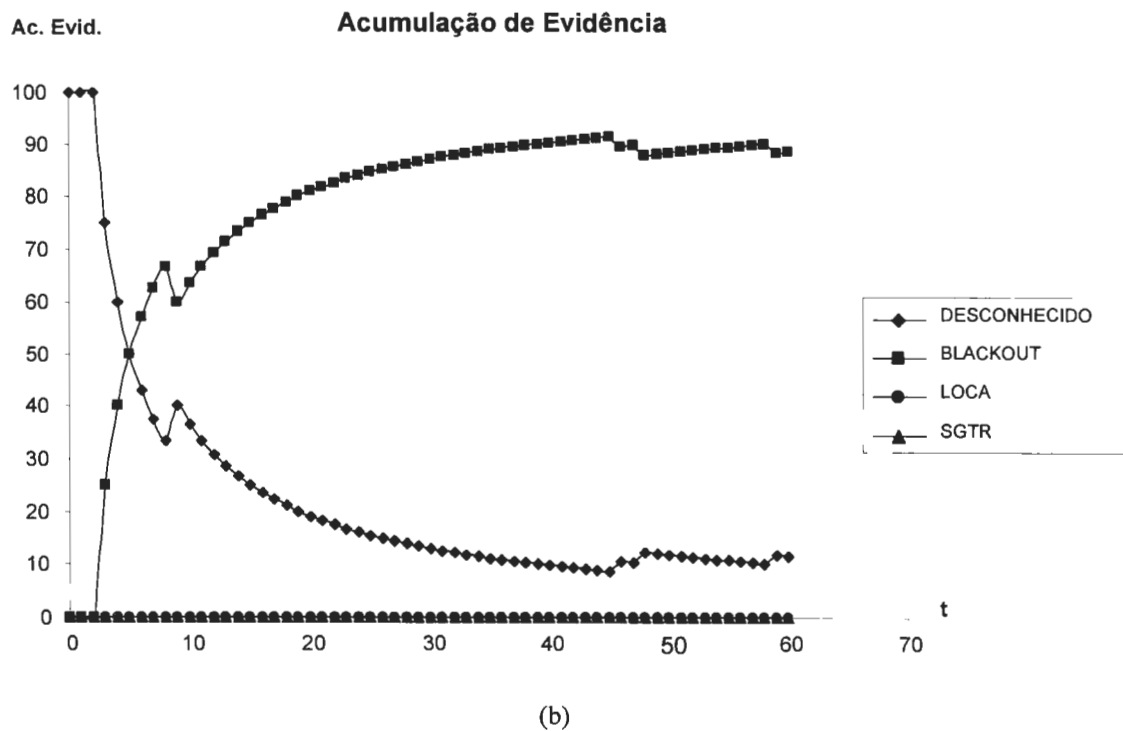
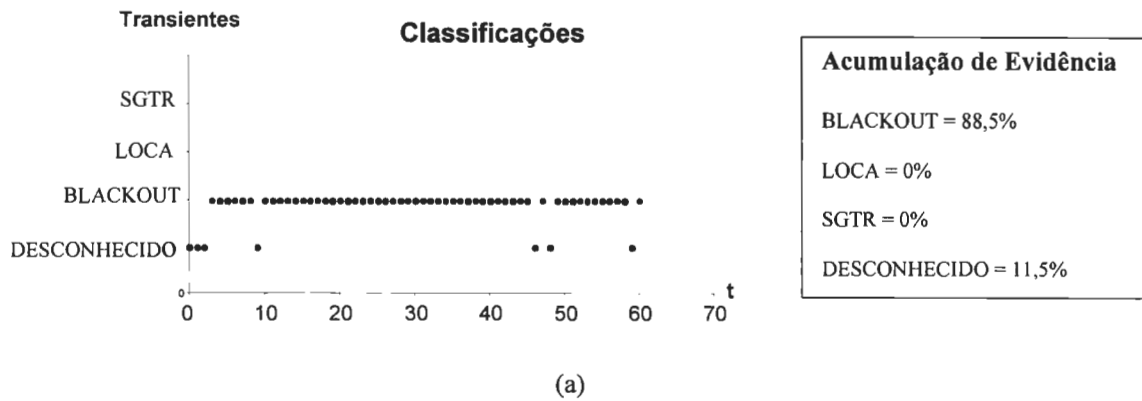
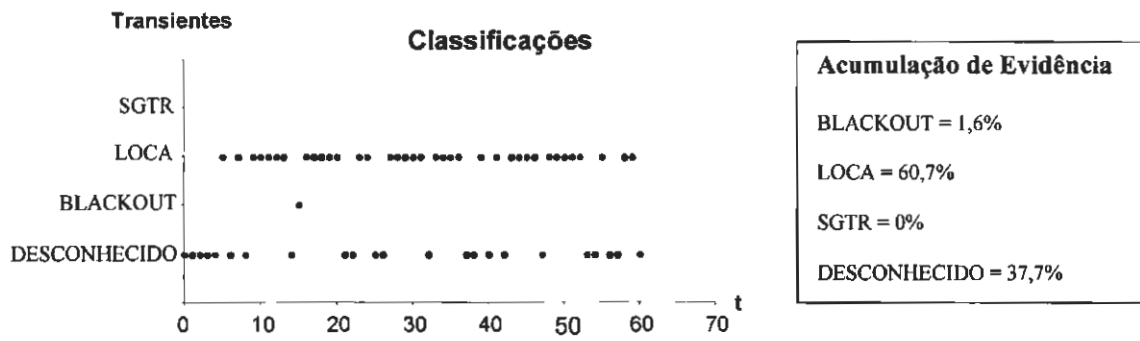
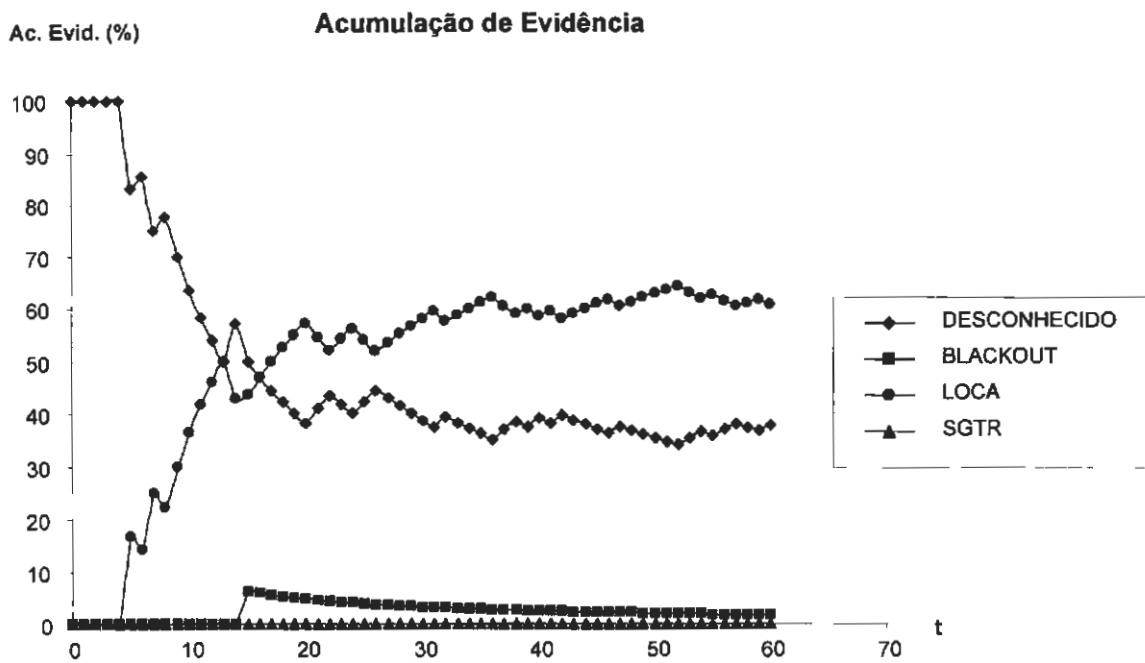


Fig 3.7- Identificação do transiente BLACKOUT com 1% de ruído.



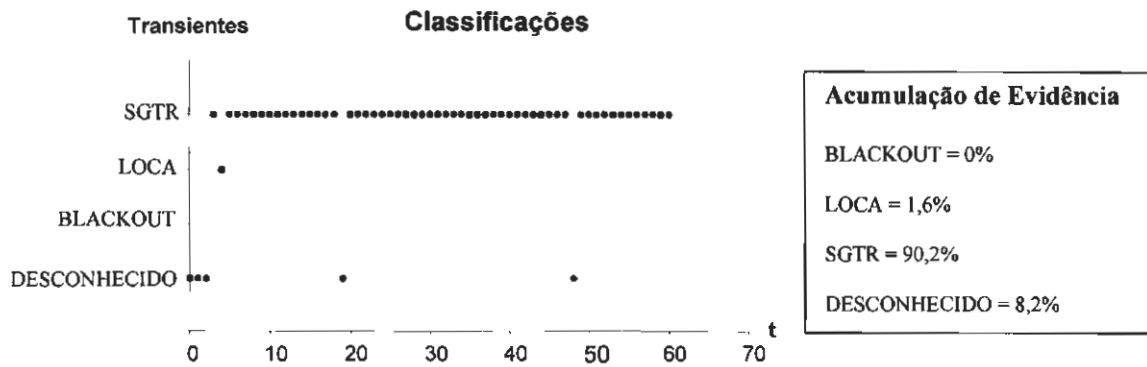


(a)

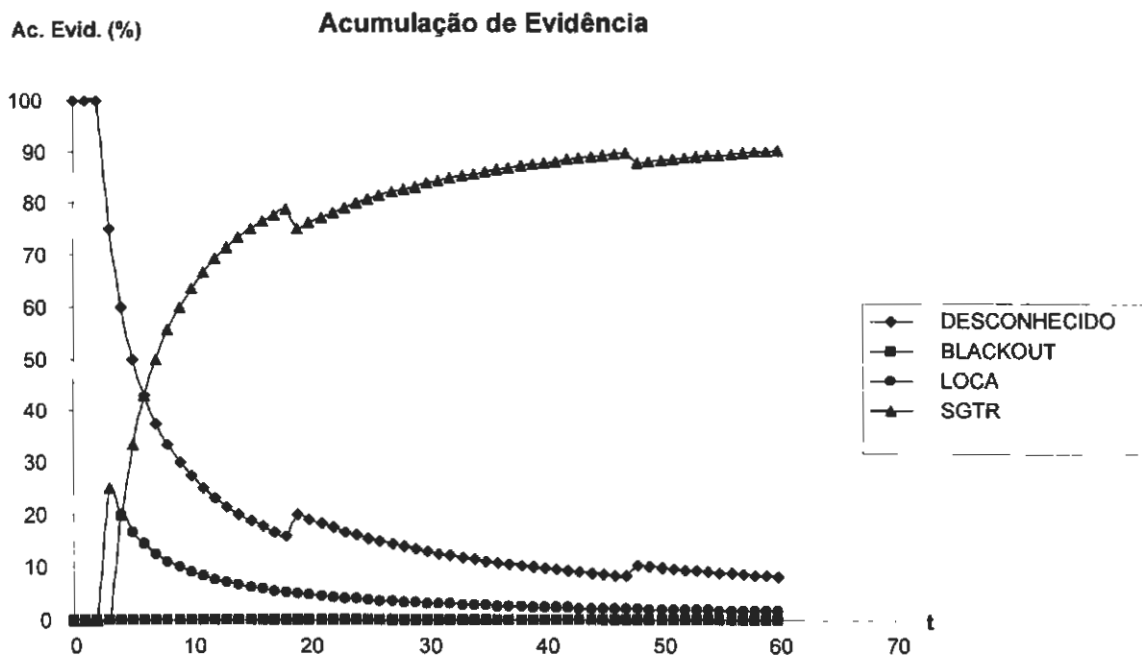


(b)

Fig 3.8- Identificação do transiente LOCA com 1% de ruído.



(a)



(b)

Fig 3.9- Identificação do transiente SGTR com 1% de ruído.

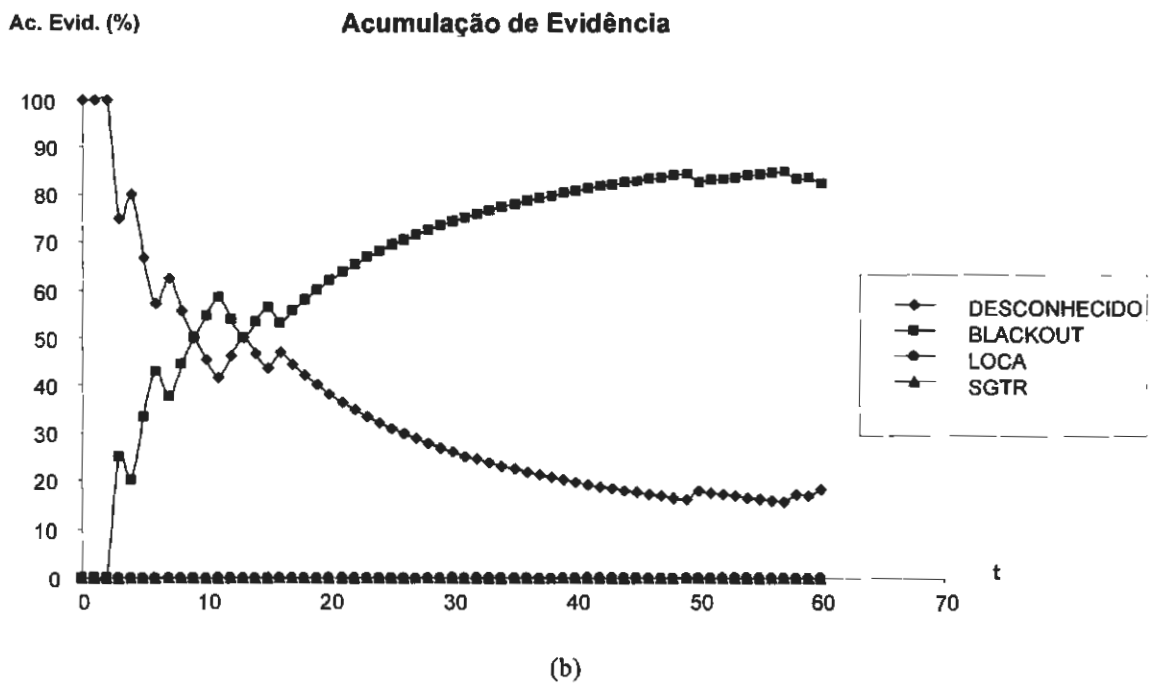
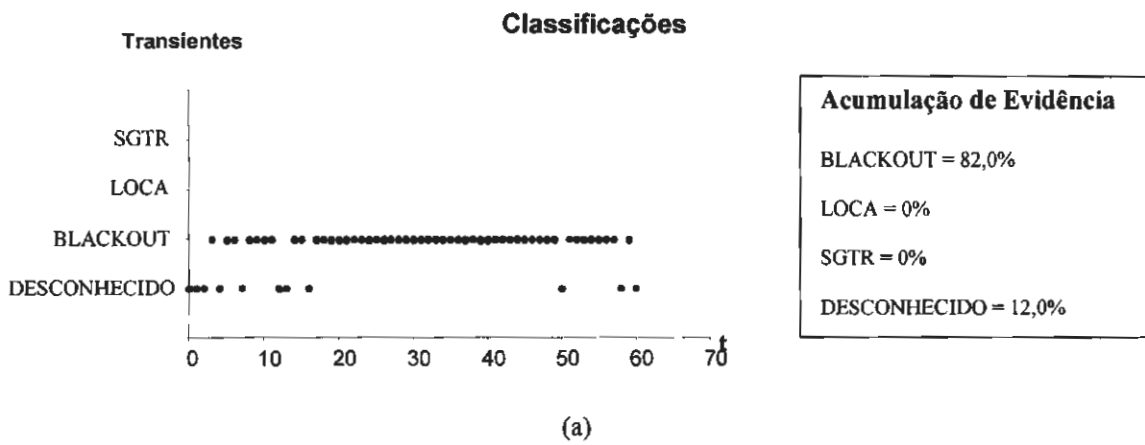


Fig 3.10- Identificação do transiente BLACKOUT com 2% de ruído.

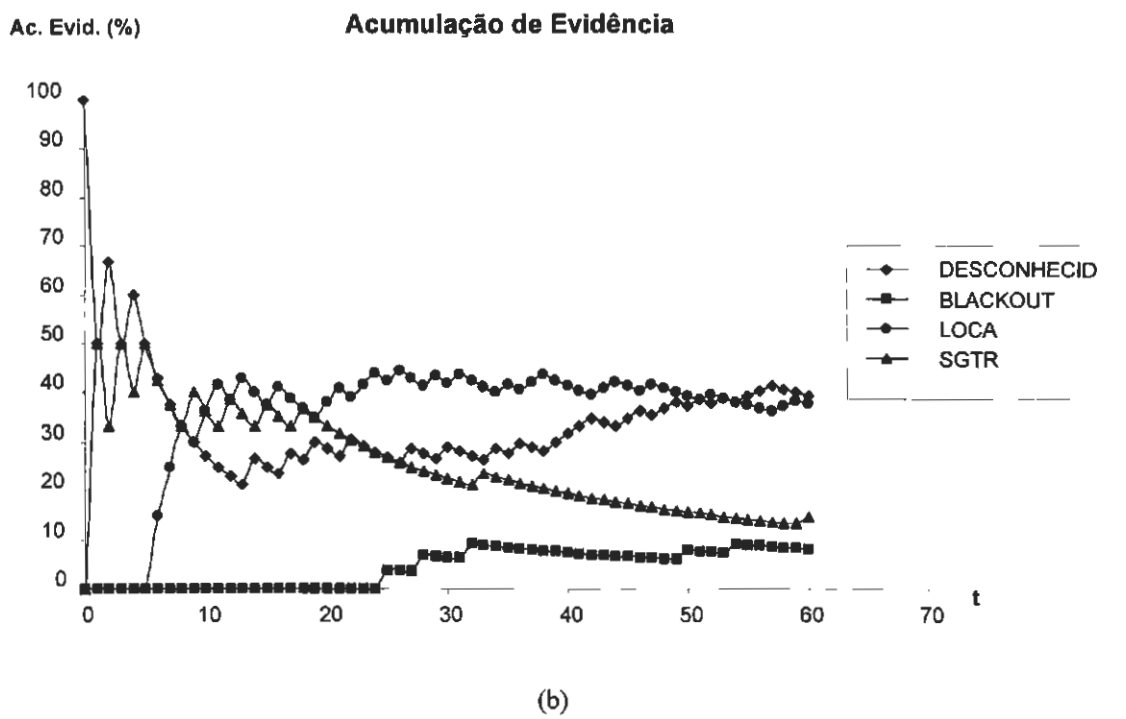
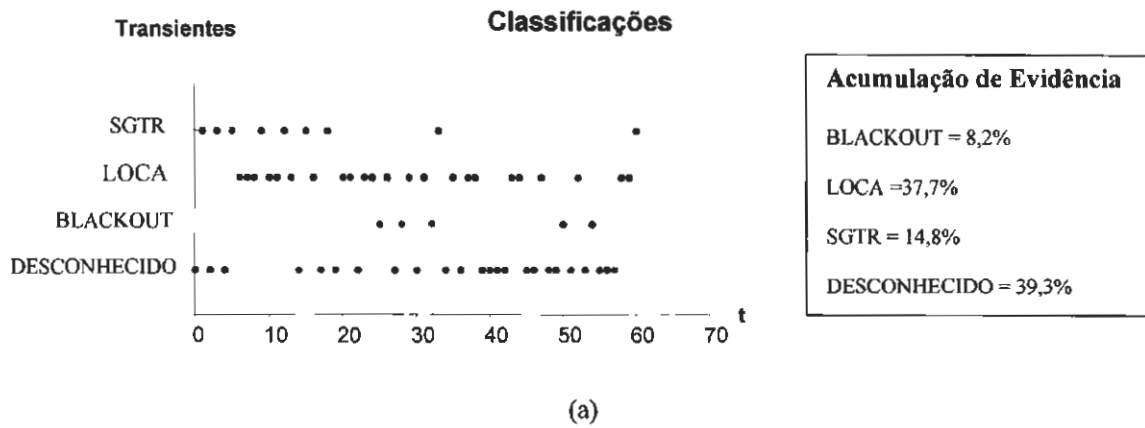
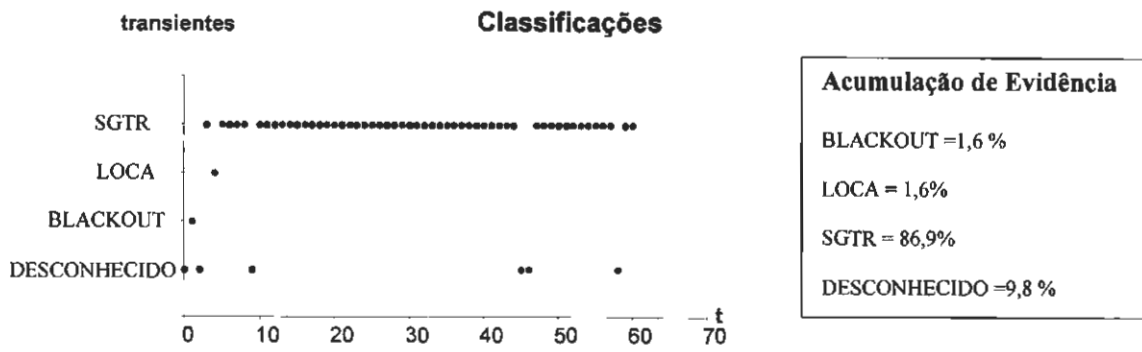
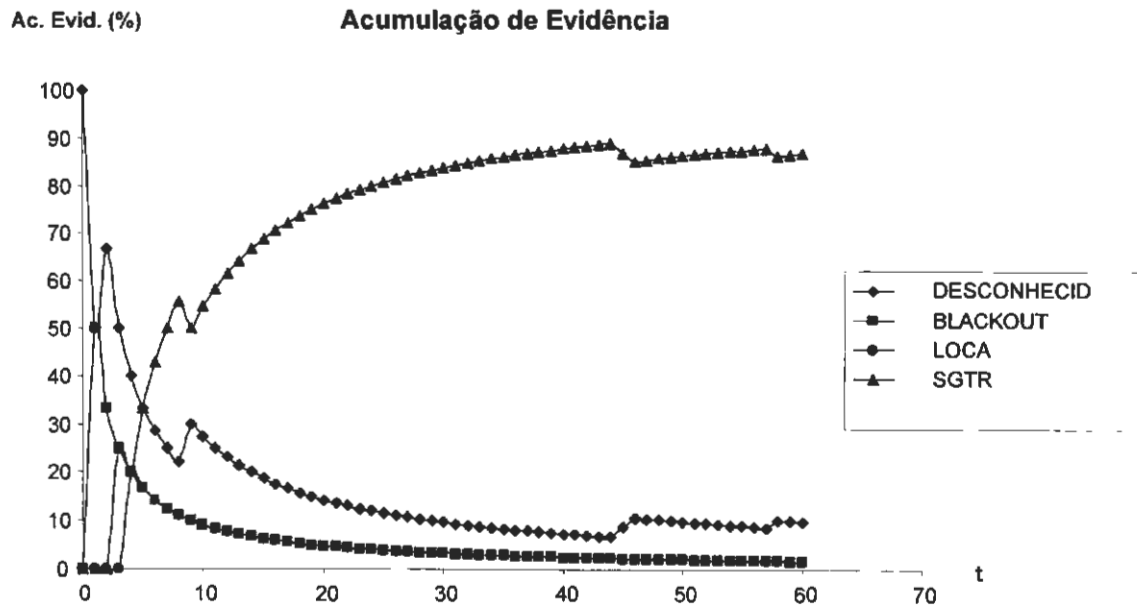


Fig 3.11- Identificação do transiente LOCA com 2% de ruído.



(a)



(b)

Fig 3.12- Identificação do transiente SGTR com 2% de ruído.

Conforme mencionado na Seção 4.1.2, os transientes identificados como “MEFWISEM” e “TRIPREA” não foram incluídos no conjunto de treinamento para serem utilizados na verificação da geração de classificações “não sei”. Os resultados obtidos na identificação destes eventos, rotulados como “DESCONHECIDO”, estão mostrados nas Fig. 3.13 e 3.14.

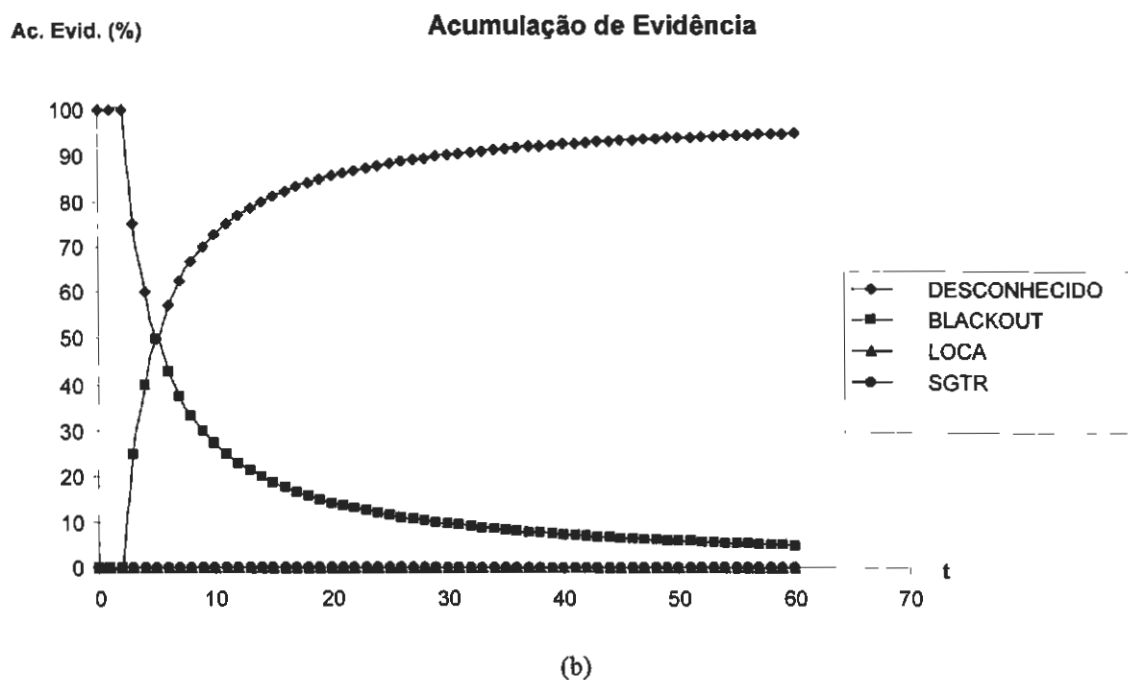
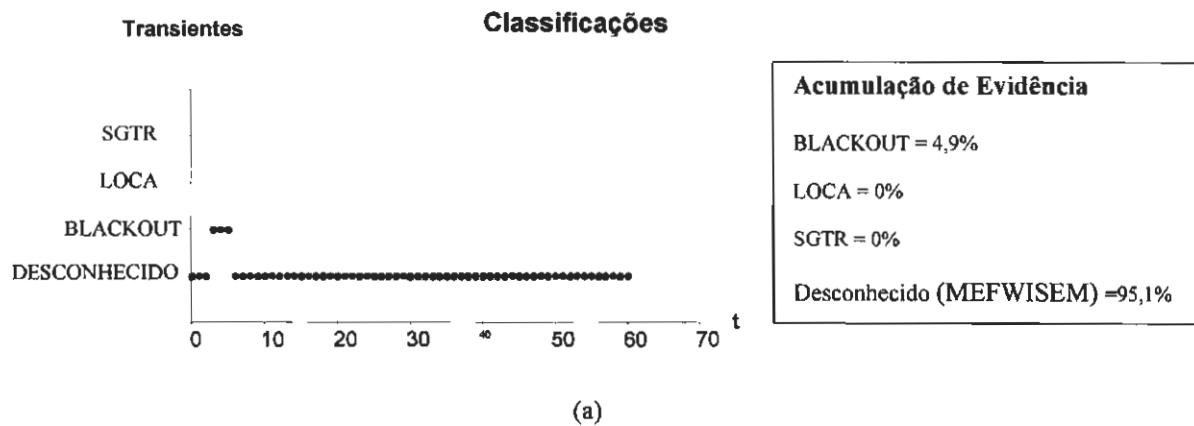


Fig 3.13- Identificação do transiente MEFWISEM como desconhecido.

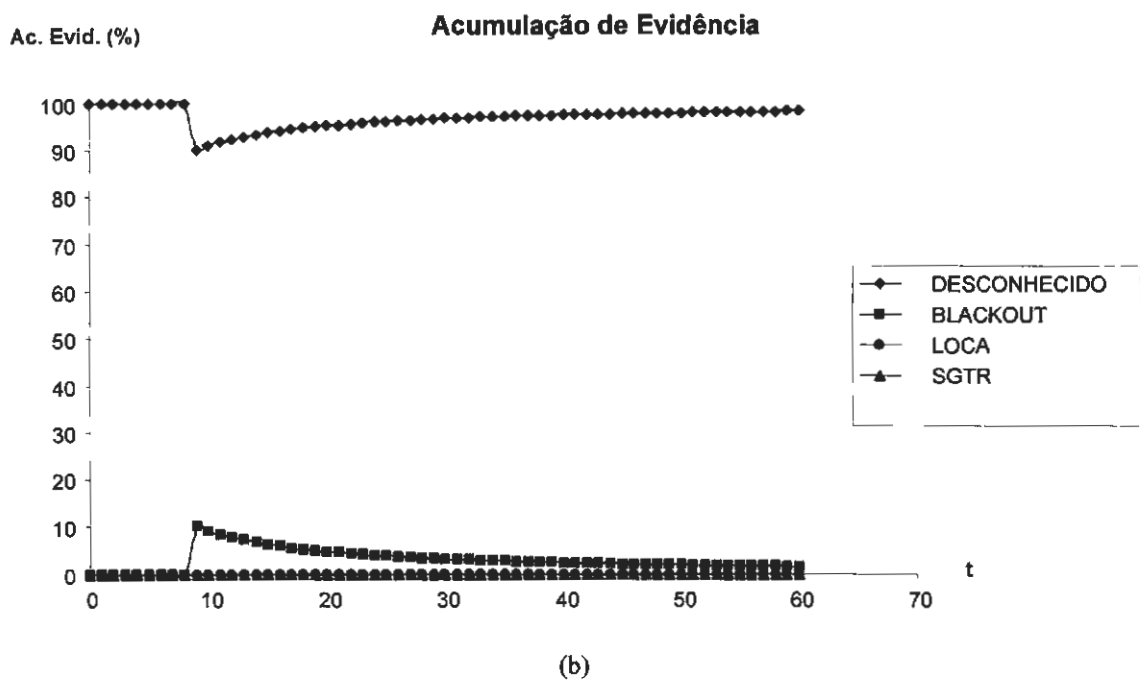
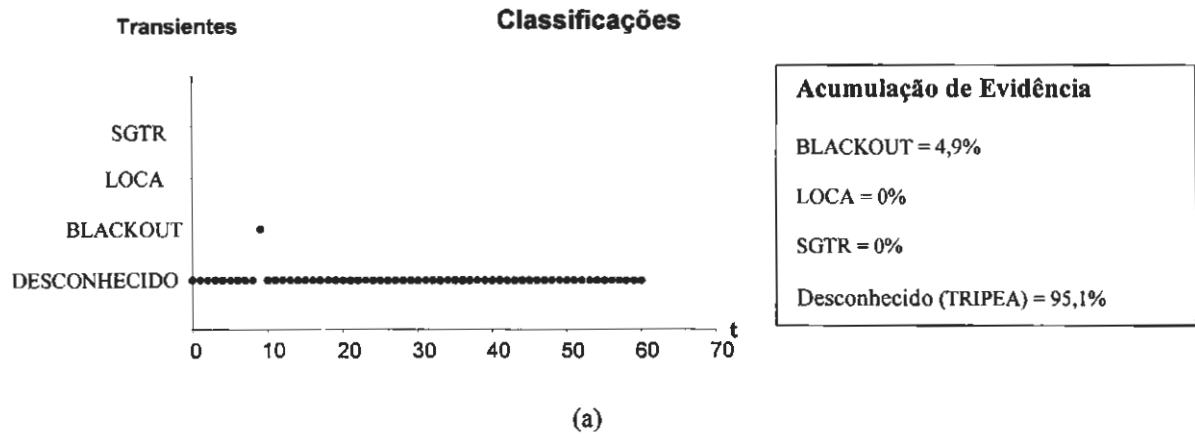


Fig. 3.14- Identificação do transiente TRIPREA como desconhecido.

## CAPÍTULO 5

### CONCLUSÕES

#### 5.1- Conclusões

Nesta Tese, foi apresentado um método para identificação de transientes utilizando técnicas e conceitos da área de Inteligência Artificial com o objetivo de auxiliar o operador na tomada de decisão no procedimento a ser seguido em situações de acidentes/transientes em centrais nucleares.

Os testes com os cenários de referência apresentaram alta robustez com relação à população inicial, convergindo para o ótimo global na maior parte dos experimentos realizados conforme mostrado nas tabelas 4.1 e 4.2, onde pode-se observar que o número de centróides encontrados coincide com o número esperado em, aproximadamente, 83% dos experimentos para o cenário 1 e 92% para o cenário 2. Além desta alta robustez, os experimentos com estes cenários apresentaram uma alta exatidão no cálculo das coordenadas dos centróides, conforme mostrado nas tabelas 4.3 e 4.4. Estes bons resultados serviram como fundamentação empírica para supor que o MCP também deve convergir para o número ótimo (ou próximo do ótimo) de centróides em um cenário real (transientes simulados para ANGRA-II) cujo valor não é conhecido.

Os testes de precisão apresentaram excelentes resultados conforme mostrado nos gráficos de acumulação de evidência das Fig 3.4 a 3.6. Pode-se observar, nestes gráficos, que a identificação do transiente BLACKOUT já se define a partir de 10s; a do LOCA a partir de 20s e a do SGTR a partir do instante inicial.



A robustez ao ruído apresentou bons resultados para ruídos gaussianos de 1% e 2%. As Fig 3.7 a 3.9 mostram que para ruídos de 1% foi possível identificar o BLACKOUT em cerca de 15s (10s sem ruído), o LOCA em 30s (20s sem ruído) e o SGTR em 20s (1s sem ruído). Para os ensaios com ruído de 2%, os resultados mantiveram-se dentro do desejável para o BLACKOUT, com um tempo de identificação em torno de 25s (Fig 3.10) e, para o SGTR, em torno de 20s (Fig 3.12). Já para o LOCA, o método não conseguiu fornecer uma resposta conclusiva, tendo ocorrido uma estabilização da acumulação de evidência para este transiente e um crescimento da acumulação de evidência para o transiente DESCONHECIDO, ou seja, um nível de ruído de 2% foi suficiente para causar dúvidas no diagnóstico, tendo aumentado o número de classificações “não sei” e não para a identificação de outro transiente do conjunto de treinamento. Ainda assim, este resultado mostrou-se positivo no sentido de que o método apresentou um caráter conservativo, tendendo para a resposta “não sei” e não para a identificação de outro transiente do conjunto de treinamento. Vale ressaltar, aqui, que os níveis de ruído normalmente encontrados na literatura são da ordem de 3% e que os níveis de ruído normalmente apresentados pelos sinais da instrumentação de uma usina nuclear são menores que 1%.

A classificação possibilística, além de ter fornecido uma heurística para o estabelecimento das zonas de influência dos centróides que possibilitou a geração da resposta “não sei”, mostrou-se mais eficiente que a classificação por medidas diretas de distâncias, gerando um número maior de classificações corretas que o método CMC para os mesmos transientes, conforme mostrado na tabela 4.7. Por levar em conta a abrangência das subclasses, a classificação possibilística capta o comportamento dos transientes (trajetórias no espaço  $\mathfrak{R}^n$ ) dentro das partições. Esta propriedade faz com que o MCP

consiga distinguir um transiente que apresenta grandes variações de amplitude de outro que permaneça estacionário, ou apresente variações pequenas, o que não é possível com um critério que depende somente das distâncias da amostra aos centróides.

Os resultados obtidos para os transientes desconhecidos foram excelentes. O MCP conseguiu discriminar bem os transientes treinados daqueles deixados fora do conjunto de treinamento, tendo identificado como desconhecidos ambos os transientes, MEFWISEM (Fig 3.13) e TRIPREA (Fig 3.14), em aproximadamente 15s.

A utilização do conceito de acumulação de evidência proporcionou um modo fácil e rápido de visualizar a identificação dos transientes, aumentando, assim, a disponibilidade do operador para a execução das ações corretivas apropriadas.

## 5.2- Sugestões para trabalhos futuros

Objetivando complementar e aperfeiçoar o método de identificação de transientes desenvolvido nesta Tese, ficam como sugestões para trabalhos futuros:

- a) Pesquisar outras métricas para a função pertinência dada pela equação 3.5, de modo a obter modelagens que se ajustem melhor à forma das trajetórias que representam os transientes no espaço  $\mathfrak{R}^n$ , cobrindo o espaço de busca de uma forma mais eficaz, o que, provavelmente, deve melhorar a eficiência do método nas classificações.
- b) Pesquisar novos modelos de “fitness” que permitam a aplicação do método a um número maior de transientes, tendo em vista ter-se verificado experimentalmente que o número de partições geradas pelo MCP aumenta fortemente com o aumento do número

de transientes analisados, provavelmente, devido ao fato de que o modelo de “fitness” utilizado no AG penaliza fracamente o número de partições em relação ao número de acertos nas classificações.

- c) Pesquisar o efeito da utilização de outras funções-peso,  $w_i(j)$ , do índice de acumulação de evidência, na identificação final dos transientes.

## Referências Bibliográficas

ALVARENGA M.A.B., *Diagnóstico do Desligamento de um Reator Nuclear Através de Técnicas Avançadas de Inteligência Artificial*. Tese de Doutorado, COPPE/UFRJ, Rio de Janeiro, Brasil.

ALVES, A. C. P. D., MARTINEZ, A.S., SCHIRRU, R., 1993, “Um Sistema de Análise de TRIP em Reatores PWR, Utilizando Redes Neurais”. In IX ENFIR, pp343-348, Caxambu, MG, Oct.

BARTAL Y., LIN J. AND UHRIG R. E., 1995, “Nuclear Power Plant Transient Diagnostics Using Artificial Neural Networks that Allow “Don’t Know” Classifications”, *Nuclear Technology*, Vol. 110, (June), pp. 346-449.

BARTLETT E. B. AND UHRIG R. E., 1992, “Nuclear Power Plant Status Diagnostics Using an Artificial Neural Network”, *Nuclear Technology*, Vol. 97, (Mar), pp. 272-281.

BASU A AND BARTLETT E. B., 1994, “Detecting Faults in a Nuclear Power Plant by Using a Dynamic Node Architecture Artificial Neural Network”, *Nuclear Science and Engineering*, Vol. 116, pp. 313-325.

FURUKAWA H., UEDA T. AND KITAMURA M., 1995, "Use of Self-Organizing Neural Networks for Rational Definition of Plant Diagnostic Symptoms", *Proceedings of the International Topical Meeting on Computer-Based HumanSupport Systems*, pp. 441-448.

GOLDBERG, D., E., *Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning*, Addison Wesley, 1989.

JEONG E., FURUTA K., KONDO S., 1996, "Identification of Transient in Nuclear Power Plant Using Adaptive Template Mtching with Neural Network", *Proceedings of the International Topical Meeting on Nuclear Plant Instrumentation, Control and Human\_Machine Interface Technologies*, pp.243-250.

KRISHNAPURAM, R., KELLER, J. M., "A Possibilistic Approach to Clustering", *IEEE Transactions on Fussy Systems*, v. 1, n. 2, pp. 98-110, May 1993.

PEREIRA, C. M. N. A, SCHIRRU R, MARTINEZ A.S., 1998, "Learning an Optimized Classification System from a Data Base of Time Series Patterns Using Genetic Algorithms". In: Ebecken, N.S.S., *Data Mining*, 1<sup>a</sup> ed, South Hampton, United Kingdom, WIT Computational Mechanics Publication, 1998.

ROVERSO, D., 1998, *A Neural Model for Event Identification in Dynamic Processes*. In: Report HWR-516, OECD HALDEN REACTOR PROJECT, Institutt for Energiteknikk, Norway.

TSOUKALAS, L. H., UHRIG, R. E., *Fuzzy and Neural Approaches in Engineering*, John Wiley & Sons, Inc., 1997.

ZIMMERMANN, H. J., *Fuzzy Set Theory*, 2 ed. Kluwer Academic Publishers, 1991.

## ANEXO A

### FUNDAMENTOS DE ALGORITMOS GENÉTICOS

#### A.1- Métodos de otimização

Algoritmos Genéticos (AG) são algoritmos de busca e otimização baseados nos mecanismos Teoria da Evolução das Espécies de Darwin e da Genética. Sendo um algoritmo de otimização, O AG procura encontrar os pontos que maximizem (ou minimizem) uma dada função matemática, ou o melhor desempenho de um sistema. O desempenho de um sistema é influenciado por uma série de parâmetros que podem assumir um número limitado ou ilimitado de valores, bem como estarem sujeitos a diversas restrições. Assim, para o caso de um sistema, otimizar é encontrar a melhor combinação desses fatores que proporcione o melhor desempenho possível. O conjunto de todas as combinações possíveis destes fatores constitui o chamado *espaço de busca*.

Existem diversos métodos de otimização que, de uma forma abrangente, podem ser classificados em: métodos enumerativos, analíticos, numéricos e probabilísticos.

Os métodos enumerativos baseiam-se na idéia mais simples possível que é examinar cada ponto do espaço de busca até encontrar os pontos que otimizem a função. Evidentemente, para espaços de busca extremamente grandes, ou infinitos, estes métodos são totalmente ineficazes.

Os métodos analíticos necessitam que a função a ser otimizada seja explicitamente conhecida e derivável, ou que possa ser aproximada por alguma função derivável. Para

encontrar o ponto de máximo (ou de mínimo) no espaço de busca, devem ser resolvidas as equações que surgem quando se iguala a zero o gradiente da própria função, ou da função aproximante utilizada.

Nos métodos numéricos, a idéia básica é tomar um ponto de partida (normalmente conhecido como *semente*) e mover-se no espaço de busca na direção apontada pelo gradiente local para achar um novo ponto mais próximo do ponto ótimo (de máximo ou de mínimo) da função a ser otimizada. É evidentemente um processo iterativo que necessita de um critério de parada.

Embora não tenha sido mencionado, explicitamente, não é difícil perceber que tanto os métodos analíticos quanto os numéricos tendem para ótimos locais. Esta característica, juntamente com as restrições de continuidade e necessidade da existência de derivadas, constituem o ponto fraco destes métodos – baixa robustez. No mundo real, é fácil encontrar espaços de busca ruidosos, multimodais e descontínuos que inviabilizam a utilização destes métodos.

Os métodos probabilísticos baseiam-se na busca guiada por probabilidades, o que não significa que sejam métodos aleatórios, totalmente dependentes da sorte. A regra de busca é probabilística, mas a evolução do algoritmo não é aleatória. Um exemplo bem conhecido é a técnica conhecida como “recozimento simulado” (“simulated annealing”) que é uma metáfora do resfriamento por etapas utilizado em ligas metálicas. Uma das vantagens deste método é sua habilidade de evitar armadilhas de mínimos locais. O algoritmo de “recozimento simulado” emprega uma busca probabilística que não só aceita variações que diminuem a função objetivo, mas também algumas variações que a aumentem. Os casos de aumento são aceitos com uma probabilidade dada por



$$p = e^{-\frac{\delta F}{T}} \quad (\text{A.1})$$

onde  $\delta F$  é o aumento da função objetivo e  $T$  é um parâmetro de controle que, por analogia, é conhecido como “temperatura do sistema”.

Os AGs também são métodos probabilísticos de busca e otimização que não efetuam buscas desordenadas porque tiram proveito das informações passadas para definir novos pontos de busca onde são esperados melhores desempenhos. Ao invés de avaliar, a cada passo, uma possível solução de forma seqüencial, como fazem os métodos convencionais, os AGs avaliam um conjunto de possíveis soluções (soluções candidatas) simultaneamente.

De acordo com Goldberg (1989), os AGs diferem dos métodos convencionais de busca e otimização em quatro aspectos principais:

- AGs operam num conjunto de pontos (população), e não a partir de um ponto isolado do espaço de busca;
- AGs operam num espaço de soluções codificadas, e não no espaço de busca diretamente;
- AGs trabalham somente com uma avaliação do desempenho (“fitness”) para cada indivíduo da população, e não requerem derivadas da função a ser otimizada ou qualquer tipo de conhecimento sobre o espaço de busca;
- AGs usam regras de transições probabilísticas, e não determinísticas.

Pode-se dizer que, nos AGs, uma população de possíveis soluções evolui ao longo de gerações originadas pela atuação de operadores probabilísticos que procuram simular os mecanismos da seleção natural das espécies e da Genética, de tal sorte que, na média, os indivíduos das novas gerações representem soluções cada vez melhores para o problema em questão.

## **A.2- Representação dos pontos do espaço de busca**

O primeiro aspecto a ser considerado para aplicação de AGs na solução de problemas de otimização é a representação dos pontos do espaço de busca, ou seja, as possíveis soluções, em estruturas que possam ser trabalhadas por estes algoritmos. Isto é feito por intermédio de uma seqüência de símbolos gerados a partir de um determinado alfabeto finito, à semelhança dos códigos genéticos naturais que utilizam um alfabeto quaternário formado pelas bases nitrogenadas: adenina (A), guanina (G), citosina (C) e timina (T). Normalmente, os AGs utilizam um alfabeto binário  $\{0,1\}$ , embora possam existir outros tipos de codificação, dependendo de cada problema. Nos AGs, cada seqüência de símbolos corresponde a um cromossomo. Uma estrutura pode conter um ou mais cromossomos – o genótipo. Quando uma estrutura consiste de apenas um cromossomo, pode-se usar indistintamente estes termos. A decodificação do genótipo gera uma solução alternativa particular ou, em outras palavras, um ponto no espaço-solução – o fenótipo. Um cromossomo pode conter um ou mais genes (subseqüências), que representam, de forma codificada, características do problema em questão.

### A.3- Funcionamento dos AGs

Uma vez definida a codificação genética do problema a ser resolvido, o AG gera um conjunto de possíveis soluções – as soluções candidatas. Este conjunto constitui a população inicial de indivíduos,  $P(0)$ . Os AGs são algoritmos iterativos, sendo cada iteração denominada de *geração*. A cada geração, a população é modificada pela atuação dos chamados operadores genéticos que geram os descendentes que participarão do processo de seleção. Desta forma, a população inicial evoluirá, após muitas gerações, para um conjunto de indivíduos mais aptos que representarão a solução ótima (ou quase ótima) procurada. Vale ressaltar que nem todos os indivíduos de uma população são, necessariamente, “filhos” de indivíduos da geração anterior. A população inicial pode ser gerada aleatoriamente ou, dependendo do problema, a partir de algum processo heurístico. No início, deve haver grande diversidade na população, pois não há evolução sem variedade e, portanto, é importante que a população inicial seja suficientemente grande para que haja uma boa distribuição inicial dos indivíduos cobrindo a maior parte possível do espaço de busca.

Para gerar indivíduos cada vez “melhores”, é necessário que eles sejam avaliados. Os AGs efetuam esta avaliação por meio do valor de uma função objetivo. Este valor, que deve ser um número positivo, é normalmente denominado pela palavra inglesa “fitness”, que será traduzida, nesta dissertação, por *adequação*,  $a$ . Assim, quanto maior a *adequação* de um indivíduo, maiores serão as chances dele sobreviver e reproduzir-se, passando parte do seu material genético (características) para as gerações posteriores.

#### A.4- O processo de reprodução

O processo de *reprodução* produz uma cópia de um indivíduo de acordo com o valor de sua *adequação*,  $a$ . Copiar indivíduos de acordo os valores de suas *adequações* significa que indivíduos com altos valores de *adequação* têm probabilidades mais altas de gerarem um ou mais descendentes na próxima geração. Este processo emula o mecanismo da seleção natural das espécies, sendo a função objetivo o árbitro final da sobrevivência ou morte do indivíduo.

Há vários modos de se implementar o processo de reprodução. Um modo muito utilizado é o *método da roleta*, no qual cada indivíduo ocupa, em uma roleta, uma área proporcional ao valor de sua *adequação*. Para determinação da área relativa a cada indivíduo na roleta, toma-se a *adequação* de cada indivíduo dividida pela soma das *adequações* de todos os indivíduos. Desta forma, obtém-se uma *adequação* relativa que pode ser interpretada como a probabilidade de seleção de um indivíduo, dada por

$$P_{seleção}(I_k) = \frac{a_{I_k}}{\sum_j^N a_{I_j}} \quad (\text{A.2})$$

onde  $I_k$  é o  $k$ -ésimo indivíduo da população e  $a_{I_k}$  a adequação deste indivíduo.

A figura A.1 ilustra o método da roleta para o caso de cinco indivíduos cujas *adequações* estão mostradas na tabela A.1.

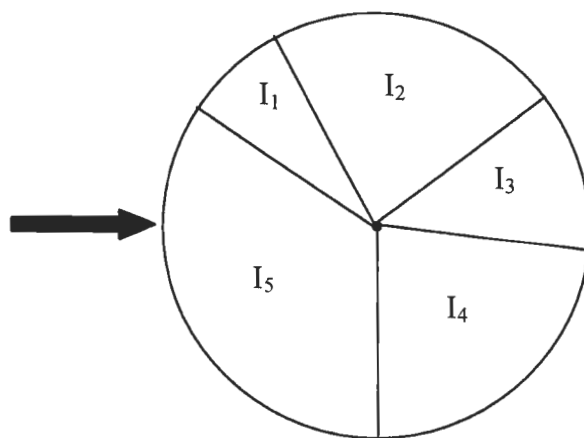


Figura A.1 - Mecanismo de reprodução utilizando o método da roleta.

Tabela A.1 – Valores de *adequação* dos cinco indivíduos.

<b>Indivíduo</b> $(I_k)$	<b>Adequação</b> $(a_{I_k})$	<b>Adequação relativa</b> $(p_{seleção})$
I <sub>1</sub>	0,25	0,05
I <sub>2</sub>	1,25	0,25
I <sub>3</sub>	0,5	0,1
I <sub>4</sub>	0,75	0,15
I <sub>5</sub>	2,25	0,45

A roleta é girada  $N$  vezes para selecionar  $N$  indivíduos que participarão do processo de reprodução. Indivíduos com valores maiores de *adequação* têm maior probabilidade de serem selecionados porque ocupam áreas maiores na roleta. Este método de seleção pode apresentar alguns problemas. Se um indivíduo receber um valor de

*adequação* muito alto, ele pode dominar a seleção e levar a uma convergência prematura do AG para um ponto que não seja um ótimo global. Esta é uma situação normalmente observada quando se utiliza AGs para otimização de funções multimodais. Outro problema que pode ocorrer está relacionado aos valores de *adequação* que a função objetivo pode atribuir aos indivíduos. Se estes valores forem muito próximos entre si, as fatias na roleta serão aproximadamente iguais, dificultando a seleção dos indivíduos mais aptos. Uma solução para este problema é a utilização da técnica de graduação (“ranking”). Nesta técnica, a fatia da roleta é definida pela posição que a *adequação* do indivíduo ocupa na lista graduada (“ranking”) de todos os valores de *adequação*, e não na *adequação* relativa de cada indivíduo. Para determinar as fatias, escolhe-se um percentual de ocupação da área da roleta, por exemplo, 60%. Então, o indivíduo com maior graduação cupará 60% da área da roleta. O segundo indivíduo da lista ocupará 60% dos 40% restantes da roleta, ou seja, 24%. Este procedimento prossegue até que o indivíduo de menor graduação ocupe a área que sobrou da roleta. A tabela A.2 mostra o “ranking” dos indivíduos do exemplo anterior.

Tabela A.2 – “Ranking” dos cinco indivíduos da tabela A.1.

<b>Indivíduo</b> $(I_k)$	<b>Adequação</b> $(a_{I_k})$	<b>Adequação</b> <b>relativa</b>	<b>“Ranking”</b>
I <sub>1</sub>	0,25	0,05	5
I <sub>2</sub>	1,25	0,25	2
I <sub>3</sub>	0,5	0,1	4
I <sub>4</sub>	0,75	0,15	3
I <sub>5</sub>	2,25	0,45	1

## A.5- Operadores genéticos

Os operadores genéticos ao emularem os mecanismos da reprodução sexuada e da mutação genética natural, garantem a diversidade da população e proporcionam o surgimento de indivíduos cada vez mais adaptados ao meio (problema a ser resolvido), mantendo suas características de *adequação* adquiridas nas gerações anteriores de modo a possibilitar que a busca chegue um resultado satisfatório ao longo das gerações sucessivas. Os operadores normalmente usados nos AGs e que resolvem a maioria dos problemas práticos são: *cruzamento* (“crossover”) e *mutação*.

### A.5.1- Cruzamento

O operador *cruzamento* (reprodução sexuada) realiza a combinação de características genéticas dos pais durante o processo de reprodução, gerando descendentes que levam estas características para as próximas gerações. É considerado o operador genético mais importante por ser o principal responsável pela geração de diversidade. Este operador efetua um processo aleatório que ocorre com uma probabilidade prefixada, denominada *taxa de cruzamento* ( $p_{cross}$ ), normalmente com valores entre 60% e 80%. O operador *cruzamento* pode ser implementado de vários modos, sendo os mais comuns: (a) *cruzamento* de um ponto e (b) *cruzamento* multipontos.

No *cruzamento* de um ponto, dois cromossomos (pais) formados por cadeias binárias são cruzados da seguinte forma: uma posição  $k$ , inteira, entre 1 e  $(l-1)$ , onde  $l$  é o

número de bits da cadeia, é escolhida em um conjunto de números inteiros randômicos com distribuição uniforme. Dois novos cromossomos (filhos) são criados trocando todos os caracteres (bits) de um pai para o outro, entre as posições  $(k+1)$  e  $l$ , inclusive. Este procedimento é mostrado no exemplo abaixo com  $l = 8$  e  $k = 5$ .

Pai A: 0 0 1 1 0   1 0 1	Filho A': 0 0 1 1 0 0 1 0
Pai B: 1 1 0 1 1   0 1 0	Filho B': 1 1 0 1 1 1 0 1

O *cruzamento* de multipontos é uma generalização do operador anterior com mais de um ponto de cruzamento. Alguns trabalhos realizados pelos estudiosos de AGs têm demonstrado, empiricamente, que o *cruzamento* multiponto apresenta melhores resultados que o de um ponto. O exemplo abaixo ilustra o funcionamento de um *cruzamento* de dois pontos.

Pai A: 0 0   1 1 0   1 0 1	Filho A': 0 0   0 1 1   1 0 1
Pai B: 1 1   0 1 1   0 1 0	Filho B': 1 1   1 1 0   0 1 0

Na literatura, são encontrados outros tipos de operador cruzamento que, para os objetivos didáticos deste Anexo, não apresentam maior interesse.



### A.5.2- Mutação

Embora a força dos AGs esteja essencialmente apoiada no processo de *reprodução* baseado na *adequação* dos indivíduos e na atuação do operador *cruzamento*, a *mutação* é necessária para assegurar que qualquer ponto do espaço de busca tenha uma probabilidade não nula de ser avaliado, além de proporcionar um meio de contornar os problemas de mínimos locais e convergência prematura ao alterar a direção da busca, explorando aleatoriamente outras regiões do espaço de busca. Em AGs simples, *mutação* é a alteração aleatória (com baixa probabilidade) do valor de uma posição de um cromossomo. Na codificação binária, isto significa, simplesmente, trocar um 1 por 0 e vice versa. Estudos empíricos têm mostrado que a frequência de mutação adequada para obtenção de bons resultados deve ser baixa, da ordem de uma mutação por mil “bits”. Isto caracteriza a *mutação* como um operador secundário que, entretanto, desempenha um importante papel na manutenção da diversidade da população. O exemplo abaixo ilustra o mecanismo da *mutação*.

Antes da mutação: 0 0 1 1 0 1 0 1  
                                  ↑  
                                  ↓  
Depois da mutação: 0 0 1 0 1 1 0 1

## A.6- Fundamentação matemática para o funcionamento dos AGs

A fundamentação matemática para o funcionamento dos AGs utiliza o conceito de *esquema* introduzido por Holland (1975). Um *esquema* é um padrão que descreve um subconjunto de cadeias que apresentam similaridades em certas posições. Para trabalhar com esquemas, é necessário usar um alfabeto ternário composto pelos símbolos  $\{0, 1, *\}$ , onde o símbolo  $*$  significa “não importa”, isto é, as posições representadas por  $*$  podem conter o bit 0 ou 1. Um esquema pode ser visto como um dispositivo de “casar” padrões, isto é, um esquema descreve uma determinada cadeia de bits se a cada posição no esquema um **1** corresponde a um **1** na cadeia, um **0** a um **0**, ou um  $*$  corresponde a ambos. Assim, um esquema  $H=* 0 0 0 0$  descreve duas cadeias de bits:  $\{1 0 0 0 0\}$  e  $\{0 0 0 0 0\}$  e o esquema  $H=* 1 1 1 *$  quatro cadeias:  $\{0 1 1 1 0\}$ ,  $\{0 1 1 1 0\}$ ,  $\{0 1 1 1 1\}$ ,  $\{1 1 1 1 1\}$ . A idéia dos esquemas é fornecer um meio de observar todas as similaridades bem definidas as cadeias de comprimento finito geradas com um alfabeto finito.

Para se saber o número total de esquemas que podem se gerados com um alfabeto de  $k$  símbolos, deve-se notar que o alfabeto dos esquemas tem  $k+1$  símbolos devido a inclusão do meta-símbolo (símbolo de um símbolo)  $*$  e, portanto, podem existir  $(k+1)^l$  esquemas; onde  $l$  é o comprimento da cadeia. Entretanto, em uma população de  $n$  cadeias de comprimento  $l$ , podem existir entre  $2^l$  e esquemas, dependendo da diversidade da população. Isto pode ser percebido observando-se a seguinte cadeia de comprimento 5 :11111. Esta cadeia contém  $2^5$  esquemas porque posição só tem duas possibilidades de escolha: 1 ou  $*$ . O que importa saber, então, é quantos esquemas, dentre os  $2^l$  a  $n \cdot 2^l$  existentes, quantos são processados pelo AG de uma maneira útil. Para

responder a esta pergunta, é necessário considerar o efeito da *reprodução*, *cruzamento* e *mutação* no crescimento e diminuição dos esquemas importantes de geração para geração.

É fácil perceber que alguns esquemas são mais específicos que outros, isto é, uns carregam informações mais definidas que outros. Por exemplo, o esquema  $011*1^{**}$  é uma informação mais definida sobre uma determinada similaridade que o esquema  $0^{*****}$ . Além disso, certos esquemas estendem-se sobre uma porção maior da cadeia que outros. Por exemplo, o esquema  $1^{****}1^*$  se estende mais sobre a cadeia de bits que o esquema  $1*1^{****}$ . Estas propriedades precisam ser quantificadas a fim de possibilitar um tratamento matemático que permita estimar o número de esquemas processados pelo AG ao longo das gerações sucessivas, tendo em vista que o processo de reprodução e os operadores genéticos vão alterando este número durante o processo de busca. Para tal, foram introduzidas duas propriedades dos esquemas: a *ordem do esquema*, denotada por  $o(H)$ , e o *tamanho do esquema*, denotado por  $\delta(H)$ .

A ordem do esquema, é, simplesmente, o número de posições fixas (0 ou 1, no caso de cadeias binárias) presentes na cadeia de símbolos. Por exemplo, a ordem do esquema  $H = 011*1^{**}$  é  $o(H) = 4$ .

O tamanho do esquema, é a distância entre a primeira e a última posição fixa (um 0 ou um 1) da cadeia. Para o esquema  $H = 011*1^{**}$ , seu tamanho é  $\delta(H) = 5 - 1 = 4$ .

O efeito do processo de *reprodução* no número esperado de esquemas é avaliado da seguinte forma: seja  $m(H, t)$  o número de esquemas  $H$  em um determinado tempo  $t$ , numa população  $A(t)$ . Durante a reprodução, uma cadeia é copiada de acordo com sua adequação,  $a$ , ou, mais especificamente, uma cadeia  $A_i$  é selecionada com uma probabilidade

$$p_i = \frac{a_i}{\sum a_j} \quad (\text{A.3})$$

O número de representantes do esquema  $H$  esperados no tempo  $t+1$ ,  $m(H, t+1)$ , é dado pôr

$$m(H, t+1) = m(H, t) \cdot n \cdot \frac{a(H)}{\sum a_j} \quad (\text{A.4})$$

onde  $n$  é tamanho da população e  $a(H)$  é a *adequação* média das cadeias que representam o esquema  $H$  no tempo  $t$ .

Considerando que a *adequação* média da população inteira pode ser escrita como

$$\bar{a} = \sum_{j=1}^n a_j \quad (\text{A.5})$$

então, a variação (aumento ou diminuição) no número de esquemas causada pelo processo de reprodução pode ser escrita como

$$m(H, t+1) = m(H, t) \cdot \frac{a(H)}{\bar{a}} \quad (\text{A.6})$$

A equação (A.5) informa que esquemas com valores de *adequação* acima da média da população receberão um aumento no número de amostras na próxima geração,

enquanto esquemas com valores de *adequação* abaixo da média da população sofrerão uma diminuição no número de amostras.

A conclusão acima mostra, qualitativamente, o efeito do processo de reprodução. Para ter-se uma idéia quantitativa do crescimento (ou decaimento) do número de esquemas de uma geração para outra, pode-se usar o seguinte artifício matemático: seja  $c \cdot \bar{a}$  a quantidade de esquemas  $H$  que permanecem acima da média da população, sendo  $c$  uma constante. Desta forma, a equação (A.6) pode escrita como

$$m(H, t+1) = m(H, t) \cdot \left( \frac{\bar{a} + c \cdot \bar{a}}{\bar{a}} \right) \quad (\text{A.7})$$

$$m(H, t+1) = m(H, t) \cdot (1 + c) \quad (\text{A.8})$$

Esta equação diferença demonstra quantitativamente a conclusão anterior e pode ser aproveitada para dar uma idéia do aumento (diminuição) do número de esquemas ao longo das gerações sucessivas. Iniciando em  $t=0$  e assumindo que  $c$  permanece constante durante todo processo, tem-se

$$m(H, t+1) = m(H, 0) \cdot (1 + c)^t \quad (\text{A.9})$$

Assim, verifica-se que o processo de reprodução produz um aumento (diminuição) exponencial no número de esquemas com aptidão acima (abaixo) da média da população, ao longo das gerações sucessivas.

Para avaliar o efeito do operador *cruzamento*, é necessário ter-se uma estimativa da probabilidade de um esquema ser destruído. Sem perda de generalidade, considerando *cruzamento* de um ponto, é intuitivo dizer que esta probabilidade pode ser dada pôr

$$p_d = \frac{\delta(H)}{l-1} \quad (\text{A.10})$$

onde  $l$  é o comprimento da cadeia de bits.

Conseqüentemente, a probabilidade de um esquema sobreviver será

$$p_s = 1 - p_d \Rightarrow p_s = 1 - \frac{\delta(H)}{l-1} \quad (\text{A.11})$$

Adicionalmente, se a probabilidade de cruzamento dos indivíduos na população é igual a  $p_c$ , então um limite inferior para a probabilidade total de sobrevivência de um esquema será

$$p_s \geq 1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} \quad (\text{A.12})$$

Assumindo que as operações de reprodução e cruzamento são independentes, pode-se combinar os seus efeitos, multiplicando suas probabilidades, obtendo-se a seguinte estimativa para o número de esquemas na próxima geração:

$$m(H, t+1) \geq m(H, t) \cdot \frac{a(H)}{\bar{a}} \left[ 1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} \right] \quad (\text{A.13})$$

Pôr último, resta considerar o efeito do operador *mutação*. Considerando que, da forma como foi definida, a mutação é uma alteração aleatória, com probabilidade  $p_m$ , de uma única posição da cadeia de bits, para a sobrevivência de um esquema  $H$ , todas as posições fixas têm que sobreviver. Assim, a probabilidade de sobrevivência de uma posição é  $(1 - p_m)$ , e, uma vez que cada mutação é estatisticamente independente das outras, um determinado esquema sobrevive quando cada uma das  $o(H)$  posições fixas do esquema sobrevive. Multiplicando, então, a probabilidade de sobrevivência  $(1 - p_m)$  por ela mesma  $o(H)$  vezes, obtém-se probabilidade de sobrevivência à mutação dada pôr

$$p_s = (1 - p_m)^{o(H)} \quad (\text{A.14})$$

Para pequenos valores de  $p_m$  ( $p_m \ll 1$ ), esta probabilidade de sobrevivência pode ser aproximada pôr

$$p_s = [1 - o(H) \cdot p_m] \quad (\text{A.15})$$

Finalmente, o limite inferior para o número de cópias esperadas para o esquema  $H$  na geração seguinte, após a atuação do processo de *reprodução* e dos operadores *cruzamento* e *mutação* é dado por:

$$m(H, t+1) \geq m(H, t) \cdot \frac{a(H)}{\bar{a}} \cdot \left[ 1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} - o(H) \cdot p_m \right] \quad (\text{A.16})$$

A equação (A.15) permite concluir que esquemas com adequação acima da média da população, de comprimento pequeno e de baixa ordem aumentam sua quantidade de geração para geração ou, equivalentemente, apresentam um crescimento exponencial no seu número ao longo das gerações sucessivas. A equação (A.15) é tão importante que passou a ser conhecida como o Teorema Fundamental dos Algoritmos Genéticos.