

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
INSTITUTO DE INFORMÁTICA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

IVONEI DA SILVA MARQUES

**PREDIÇÃO DE SÉRIES TEMPORAIS
UTILIZANDO ALGORITMOS GENÉTICOS**

Dissertação apresentada como requisito parcial
para a obtenção do grau de Mestre em Ciência
da Computação

Prof. Dr. Dante Augusto Couto Barone
Orientador

Porto Alegre, outubro de 2012.

CIP – CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO

Marques, Ivonei da Silva

Predição de Séries Temporais Utilizando Algoritmos Genéticos / Ivonei da Silva Marques. – 2012.

66 f.

Orientador: Barone, Dante Augusto Couto.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Programa de Pós-Graduação em Computação. Porto Alegre, BR – RS, 2012.

1. Algoritmos Genéticos. 2. Predição Séries Temporais. 3. Redes Neurais Artificiais.

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Reitor: Prof. Carlos Alexandre Netto

Vice-Reitor: Prof. Rui Vicente Oppermann

Pró-Reitor de Pós-Graduação: Prof. Aldo Bolten Lucion

Diretor do Instituto de Informática: Prof. Luís da Cunha Lamb

Coordenador do PPGC: Prof. Álvaro Freitas Moreira

Bibliotecária-Chefe do Instituto de Informática: Beatriz Regina Bastos Haro

AGRADECIMENTO

Primeiramente quero agradecer ao Curso de Pós-Graduação da Ciência da Computação CPGCC da UFRGS por ter me acolhido em suas dependências, proporcionando toda a infraestrutura necessária para a realização deste trabalho. Quero agradecer também ao CNPq pelo apoio concedido, sem o qual a realização deste trabalho não seria possível.

Escrever uma dissertação de mestrado requer, antes de tudo, muita força de vontade. Os obstáculos enfrentados no caminho são muitos, sendo necessária muita perseverança. Isto afeta todas as pessoas que estão próximas, portanto quero registrar uma pequena lembrança a todos que direta ou indiretamente, me apoiaram e incentivaram até a finalização deste trabalho.

Dentre as coisas boas estão os novos conhecimentos adquiridos, as novas amizades conquistadas e o incentivo dos velhos e bons amigos, sem deixar de mencionar, é claro, a própria família que é parte fundamental deste processo.

Dentre as amizades colhidas neste caminho, a que mais marcou foi a do meu orientador, professor Dante Barone, que com muita paciência e confiança e trabalho, soube mostrar-me a direção certa.

Tenho certeza que este caminho teria sido mais difícil sem o companheirismo dos colegas, evidenciando que não estamos sozinhos nesta caminhada e que podemos contar uns com os outros.

Quanto aos velhos e bons amigos, companheiros inseparáveis de longo tempo, bem, para estes não existem palavras, apenas a certeza de que, quando precisarmos uns dos outros, sabemos com quem contar sempre, pois esta é apenas mais uma etapa de nossas vidas que cruzamos juntos, muito mais nos espera pela frente.

Impossível chegar até aqui sem o apoio da família, das pessoas que realmente constroem o chão no qual fizemos nossa caminhada. Se, para os grandes amigos palavras já não são suficientes, o que dizer aos pais? Neste momento só penso em dizer: Pai e Mãe, do fundo do coração Obrigado.

Se nossos pais constroem o chão por onde fizemos nossa caminhada, o que dizer para a esposa e os filhos? Acredito que estes constroem nosso mundo. Mundo pelo qual lutamos para construir. Esta dissertação faz parte disto tudo, criando um chão sólido para caminharmos juntos, assim como nossos pais fizeram. Este é meu agradecimento a vocês. Obrigado Suzel, Camila, Júnior, Ema, Ivo,...

SUMÁRIO

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS	6
LISTA DE FIGURAS	7
LISTA DE FÓRMULAS	9
LISTA DE TABELAS	10
RESUMO	11
ABSTRACT	12
1. INTRODUÇÃO	13
1.1 Objetivos.....	13
1.2. Descrição dos Capítulos.....	14
2. SÉRIES TEMPORAIS	15
2.1. Introdução.....	15
2.1.1 Conceitos básicos.....	15
2.1.2. Objetivos da análise de séries temporais.....	17
2.1.3. Principais métodos de predição de séries temporais.....	18
3. ALGORITMOS GENÉTICOS	24
3.1. Características Básicas.....	24
3.2. Características do modelo Computacional.....	27
3.2.1. Módulo de população.....	27
3.2.2. Módulo de reprodução.....	31
4. IMPLEMENTAÇÃO DO SISTEMA PROPOSTO	35
4.1. Base de dados do Algoritmo Genético.....	35
4.2.- Avaliação dos Indivíduos da População.....	36

4.3. Módulo de Reprodução	36
4.4. Mutação.....	39
4.5. Definição do Meio Ambiente	39
4.6. Etapas do Funcionamento.....	47
5. COMPARAÇÃO DE RESULTADOS	49
6. CONCLUSÃO	59
REFERÊNCIAS.....	61

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AG	: Algoritmos Genéticos
RNA	: Redes Neurais Artificiais
UCM	: Unobservable Components Models
ARIMA	: Auto Regressive Integrate Moving Average
DNA	: Ácido Desoxirribonucleico

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1 - Exemplos das componentes não observáveis de uma série temporal	17
Figura 2.2 - Modelo Univariado	19
Figura 2.3 - Diagrama teórico do modelo ARIMA	20
Figura 2.4 - Esquema ilustrativos dos modelos de Função de Transferência.....	20
Figura 3.1 - Exemplo de diversidade genética.....	25
Figura 3.2. Exemplo da ligação entre genótipo e fenótipo	26
Figura 3.3 - Diferença entre cromossomo binário comum e com fenótipo implícito	28
Figura 3.4. - técnica de seleção da roleta	29
Figura 3.5. - Técnicas de reprodução e número de filhos	31
Figura 3.6: Identificação dos esquemáticos e cruzamento de dois pontos	32
Figura 3.7: Funcionamento do cruzamento de dois pontos	33
Figura 3.8: Mutação nos novos indivíduos	34
Figura 4.1. Exemplo de fenótipo e genótipo de um indivíduo.....	35
Figura 4.2 - Técnica da Seleção da Roleta.....	37
Figura 4.3 – Escolha do indivíduo sorteado	38
Figura 4.4 - Exemplo de mutação genética.....	39
Figura 4.5 – Representação de um ambiente estimado para evolução	41
Figura 4.6 – Criando vetor de diferenças	44
Figura 5.1 - Gráfico da Série de Produção Industrial do Rio Grande do Sul	50
Figura 5.2 – UCM x RNA x AG: um passo à frente	52
Figura 5.3 – UCM x RNA x AG: sete passos à frente.....	53
Figura 5.4 – Resultados para Elitismo 0% e Mutação 0%	54
Figura 5.5 – Resultados para Elitismo 10% e Mutação 0%	55
Figura 5.6 – Resultados para Elitismo 20% e Mutação 0%	55
Figura 5.7 – Resultados para Elitismo 40% e Mutação 0%	56
Figura 5.8 – Resultados para Elitismo 0% e Mutação 10%	56

Figura 5.9 – Resultados para Elitismo 40% e Mutação 10%	57
Figura 5.10 – Resultados para Elitismo 0% e Mutação 40%	58

LISTA DE FÓRMULAS

Fórmula 2.1 - Decomposição clássica.....	19
Fórmula 2.2 - Equações do Filtro de Kalman (I).	21
Fórmula 2.3 - Equações do Filtro de Kalman (II).	22
Fórmula 2.4 - Equações do Filtro de Kalman (III).	22
Fórmula 2.5 - Equações do Filtro de Kalman (IV).	22
Fórmula 2.6 - Equações do Filtro de Kalman (V).	23
Fórmula 4.1 - Ajuste do indivíduo	36
Fórmula 4.2 – Cálculo da média MV.....	42
Fórmula 4.3 – Cálculo de DMV.....	42
Fórmula 4.4 – Projeção do valor inicial.....	43
Fórmula 4.5 – Fórmula que representa a variável ambiente.....	45
Fórmula 4.6 – Cálculo de MD.....	46
Fórmula 4.7 – Cálculo de DMV.....	46
Fórmula 4.8 – Projeção da diferença estimada	46

LISTA DE TABELAS

Tabela 4.1 – Cálculo da projeção dos valores	43
Tabela 4.2 – Cálculo da projeção das diferenças	45
TABELA 5.1 – Resultados do método UCM.....	50
Tabela 5.2 – Resultados de RNAs.....	51
Tabela 5.3 – Resultados obtidos com Algoritmos Genéticos.....	51
Tabela 5.4 – Comparação das posições para um passo à frente	52
TABELA 5.5 – Comparação das posições para sete passos à frente	53
TABELA 6.1 – Indivíduo não escolhido	59

RESUMO

Este trabalho apresenta um estudo sobre o paradigma de Algoritmos Genéticos aplicados a área de Predições de Séries Temporais. O resultado deste trabalho é apresentado na forma de comparação dos resultados obtidos entre o Modelo Clássico de Predição (UCM), Redes Neurais Artificiais (RNAs) e o modelo de Algoritmos Genéticos desenvolvido neste trabalho.

Este estudo foi realizado trabalhando-se basicamente com o Índice Mensal de Produção Industrial do Estado do Rio Grande do Sul fornecido pelo IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística). Os resultados obtidos mostram que os Algoritmos Genéticos podem atingir níveis satisfatórios de precisão em relação aos valores preditos quando comparados com os valores reais. A validação é feita com predições de um passo à frente e de sete passos à frente. Estas predições são em relação aos sete meses iniciais do ano de 1993.

Palavras-chave: Algoritmos Genéticos, Predição Séries Temporais, Redes Neurais Artificiais.

ABSTRACT

This work presents a study of Genetic Algorithms paradigm applied to Forecasting Time Series. The results are compared with the obtained with the Classic Model of Prediction (UCM), Artificial Neural Networks (RNAs).

This study was accomplished using with the Monthly Index of Industrial Production of the State of Rio Grande do Sul, supplied by the IBGE(Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística). The results show that the Genetic Algorithms can accomplish a satisfactory precision when compared with the real values. The validation is made with predictions, one and seven steps ahead. These predictions are equivalent to the seven initial months of 1993.

Keywords: Genetic Algorithms, Time Series Forecasting, Artificial Neural Networks.

1. INTRODUÇÃO

No passado, sistemas especialistas foram utilizados na análise de mercados e na predição de tendências obtendo resultados insatisfatórios (KINDON 1993). A nova vaga de aplicação de Inteligência Artificial no mercado financeiro é mais poderosa, pois combina técnicas estruturadas (conhecimento representado com regras, como o paradigma de Lógica Fuzzy) com técnicas não estruturadas (Redes Neurais), e processamento simbólico com numérico. Portanto, para operar com sucesso em sistemas com grande complexidade, como o mercado financeiro, propõe-se hoje uma abordagem múltipla de técnicas de IA, em oposição à simplicidade dos sistemas especialistas das décadas de 70 e 80 (NETO 1995).

Os Algoritmos Genéticos por sua vez, são algoritmos de otimização baseados nos mecanismos de seleção natural de Charles Darwin e da genética de Gregor Mendel.

No paradigma de Algoritmos genéticos, strings de bits são chamados de cromossomos e cada bit ou conjunto de bits representam um gene. Os operadores genéticos básicos são a reprodução, o crossover e a mutação.

As principais características dos Algoritmos Genéticos são: a) a busca no espaço de estados a partir de uma população de pontos e não de um único ponto, evitando, com facilidade, mínimos locais; b) a utilização de informação de adequação da solução proposta e não derivadas da função ou outras informações auxiliares; c) e também a utilização de regras de transição de estados probabilísticos (GOLDEBERG 1989).

Os Algoritmos Genéticos têm sido utilizados no mercado financeiro na otimização de Redes Neurais e Sistemas Fuzzy (NETO 1995), mas sempre de forma híbrida. Neste trabalho foi utilizado apenas o paradigma genético para a predição de valores futuros.

Este trabalho vem consolidar experiência prévia do CPGCC na área de predição de valores futuros (FERNANDES 1995), em que estudo comparativo do poder preditivo de Redes Neurais, foi comparado com modelos de estruturas clássicas de UCM (Unobservable Components Models), utilizando como *benchmark* o Índice de Produção Industrial do Estado do Rio Grande do Sul.

1.1 Objetivos

O objetivo fundamental deste trabalho é o de comprovar que o Paradigma de Algoritmos Genéticos (AGs) são capazes de realizar prognósticos confiáveis de valores futuros de séries temporais.

Para alcançar este objetivo foi desenvolvido um sistema baseado na teoria evolutiva na qual se fundamentam os AGs. Tendo em vista verificar o comportamento das previsões realizadas por este modelo, os resultados serão comparados com os resultados obtidos por Redes Neurais e pelo modelo estatístico UCM.

Finalmente, pretende-se oferecer uma análise comparativa das previsões realizadas entre Algoritmos Genéticos e os outros métodos, visando avaliar qual destes atinge resultados mais próximos da realidade.

1.2. Descrição dos Capítulos

Este trabalho está dividido basicamente em três partes a entender que são: embasamento teórico, contribuição prática desenvolvida e a conclusão.

Na primeira parte é apresentado um embasamento teórico para melhor compreensão do problema, bem como da metodologia adotada para sua solução. Enquadram-se nesta parte os capítulos 2 e 3.

O capítulo segundo fornece um panorama sobre séries temporais onde são apresentados seus conceitos básicos, seguindo com um apanhado sobre os principais métodos de predição de Séries Temporais. Este capítulo é finalizado com a apresentação do modelo estatístico chamado Modelo Estrutural Clássico ou UCM (Unobservable Components Models), que é um dos mais confiáveis na área de predição.

No capítulo terceiro são apresentados os conceitos fundamentais sobre o paradigma de Algoritmos Genéticos, bem como uma descrição das etapas necessárias para sua implementação.

A Segunda parte do trabalho é formada pelos capítulos 4 e 5, apresentando a forma como foram atingidos os resultados.

No capítulo quarto, é apresentada toda a modelagem do problema, bem como a maneira pela a qual cada uma das técnicas utilizadas na implementação do algoritmo.

No capítulo quinto, são apresentados os resultados obtidos e comparados com os fornecidos pelas Redes Neurais e pelo Método Estrutural Clássico.

Finalmente chega-se a conclusão onde apresenta-se análise sucinta sobre o trabalho realizado, trazendo perspectivas sobre os trabalhos futuros que poderão ser executados na sequência.

2. SÉRIES TEMPORAIS

2.1. Introdução

Serão apresentados, neste capítulo alguns conceitos básicos e introdutórios sobre Séries Temporais, tendo-se como objetivo situar os métodos estatísticos utilizados dentro da área de predição de séries temporais. Será visto, igualmente de forma sucinta, algumas das diversas metodologias estatísticas existentes na literatura de predição de séries temporais. Dentre os modelos apresentados, dá-se destaque para o Modelo Estrutural Clássico de Predição de Séries Temporais (MADALA 1988)(MORETIN 1981), uma vez que os resultados deste modelo serão utilizados para comparação dos resultados das predições feitas pelo modelo utilizando Algoritmos Genéticos.

Análise e predição de séries temporais é uma área de estudos bem definida dentro da Estatística. Esta área desenvolveu-se na década de 70, a partir de trabalhos realizados por Box & Jenkins (BOX 1976), onde seus estudos despertaram o interesse dos estatísticos. Praticamente junto com o modelo de Box & Jenkins, surge em 1971 o modelo Bayesiano de predição proposto por Harrison & Stevens (HARSON 1971). Tanto o modelo 'Clássico' quanto o 'Bayesiano', ocuparam toda a década de 70 com a discussão e implementação prática dos modelos propostos e as conseqüentes melhorias metodológicas que surgiram com a implementação real destes métodos (FERNANDES 1995).

2.1.1 Conceitos básicos

Existe uma variedade muito grande de fenômenos cujo processo observacional e a conseqüente quantificação numérica, produz uma seqüência de dados distribuídos no tempo. A esta seqüência de dados ordenados no tempo, chama-se de **Série Temporal**.

Uma série temporal, portanto, pode ser definida como sendo qualquer conjunto de observações ordenadas no tempo (MORETIN 1985). Ou seja, uma série temporal denotada por Z_t , onde $t=1,2,\dots,n$, interpreta-se Z_t como sendo um conjunto de observações discretas observadas em tempos equidistantes que apresentam uma dependência serial entre as mesmas (FERNANDES 1995).

São exemplos de séries temporais:

- - Estimativas trimestrais do PIB;
- - Valores diários da temperatura de uma determinada cidade;
- - Índices da bolsa de valores;
- - Índice pluviométrico mensal (específico para cada cidade).

As séries temporais podem ser classificadas em discretas e contínuas. Os exemplos citados acima são exemplos de uma série discreta. Muitas vezes uma série temporal

discreta é obtida através da amostragem de uma série temporal contínua em intervalos de tempos iguais. Em outros casos, temos que o valor da série num dado instante é obtido acumulando-se valores em intervalos de tempos iguais, como no exemplo do índice pluviométrico.

Uma das características que distingue dados de séries temporais de outros tipos de dados estatísticos é o fato que, em geral, os valores das séries em diferentes instantes de tempo podem ser correlacionados. Em termos gerais, isto significa que a variável X_t deve estar correlacionado com as variáveis randômicas X_{t-1} , X_{t-2} , X_{t-3}, \dots e com X_{t+1} , X_{t+2} , X_{t+3}, \dots .

Um problema básico na análise de séries temporais é o estudo de modelos de correlação entre valores em diferentes instantes de tempo, e a tentativa de construir um modelo estatístico que “mostre” a correlação entre as séries.

Como definido anteriormente, uma série temporal é um conjunto de observações ordenadas no tempo. Segundo a abordagem de componentes não observáveis, as séries temporais podem ser representadas como a combinação de quatro componentes básicas: tendência, cíclica, sazonal e erro (MORETTIN 1981)(SPIEGEL 1993).

As componentes de tendência são aquelas que produzem mudanças graduais a longo prazo. As componentes cíclicas provocam oscilações de subida e queda nas séries, de forma suave e repetitiva, ao longo da componente de tendência. As componentes sazonais são oscilações de subida e queda que sempre ocorrem em um determinado período do ano, mês, semana ou dia, sendo, portanto, de fácil estimativa. A quarta componente da série, componente de erro, representa movimentos ascendentes e descendentes da série após a ocorrência de um efeito de tendência, ciclo ou sazonal. As componentes de erro aparecem como flutuações de período curto, com deslocamento inexplicável, causadas, por exemplo, por eventos políticos ou oscilações climáticas imprevisíveis (MADDALA 1988) (MORETTIN 1981). Na figura 2.1 as diferentes características das séries são mostradas de forma gráfica.

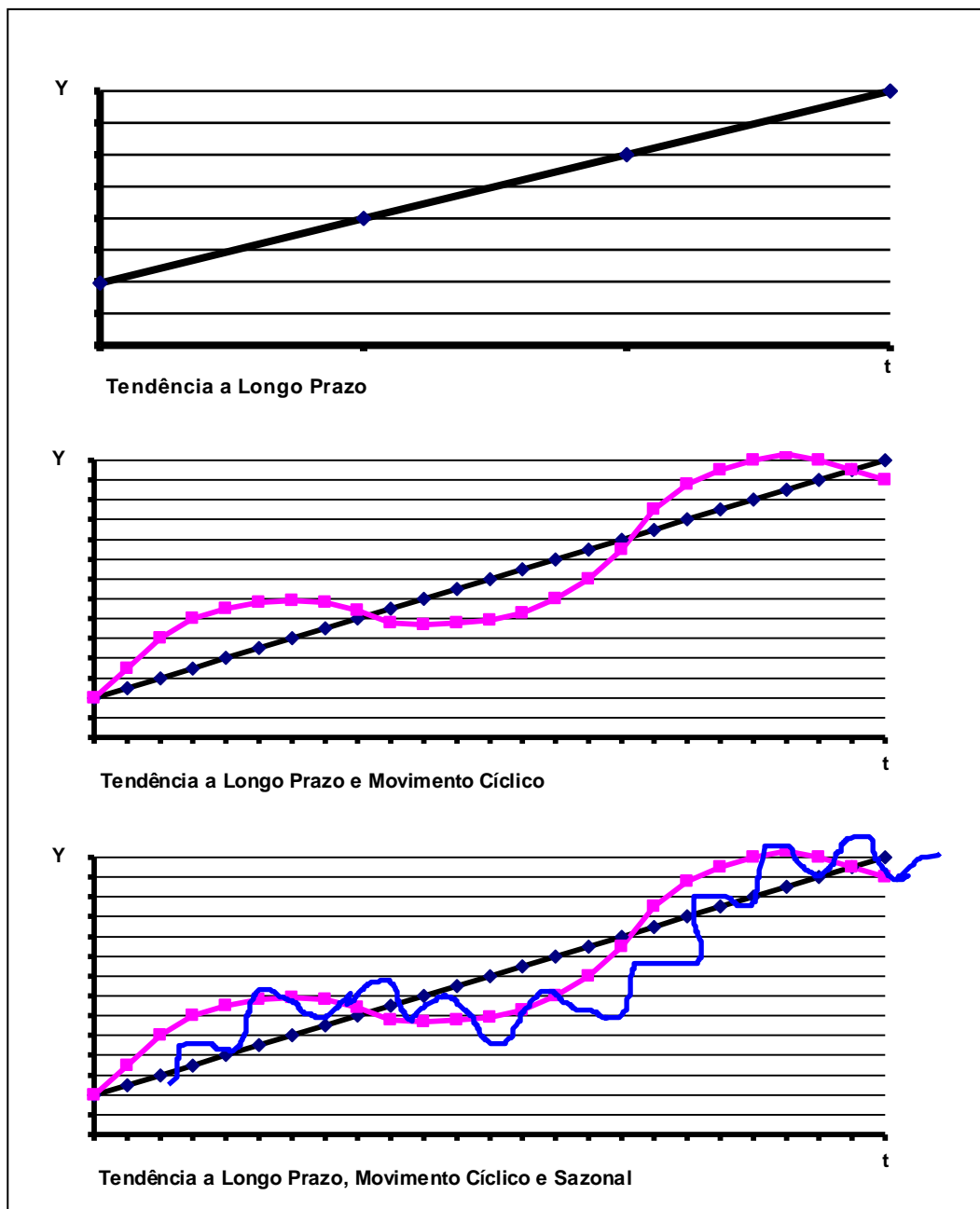


Figura 2.1 - Exemplos das componentes não observáveis de uma série temporal

A partir dessas componentes, torna-se possível a seguinte análise:

Admita-se que a variável Y da série temporal é um produto das variáveis T , C , S , I , que produzem, respectivamente, os movimentos de tendência, ciclos, sazonais e irregulares. Simbolicamente temos $Y = T \times C \times S \times I$. A análise de uma série temporal consiste em uma investigação dos fatores T , C , S e I e é freqüentemente classificada como a decomposição de uma série temporal em seus componentes básicos (MADDALA 1988).

2.1.2. Objetivos da análise de séries temporais

Seja $Z^T = (Z_1, Z_2, \dots, Z_T)$ o vetor representando T observações passadas da série Z_t , conhecido também como série histórica. O interesse é na determinação das relações de

dependência temporal da série através de uma análise estatística detalhada de sua série histórica. A este estudo denominamos análise de séries temporais.

Obtida a série temporal Z^T , observada nos instantes t_1, \dots, t_n , podemos apontar como objetivos prováveis da série:

- Investigar o mecanismo gerador da série temporal; por exemplo, analisando uma série de alturas de ondas, podemos querer saber como estas ondas foram geradas;
- Fazer previsões de valores futuros da série; por exemplo, vendas, produção, estoque, produtividade, etc;
- Descrever apenas o comportamento da série; neste caso a construção de gráficos, a verificação da existência de tendências, ciclos e variações sazonais, construção de diagramas de dispersão, etc., podem ser ferramentas úteis;
- Procurar periodicidades relevantes nos dados; aqui também aplica-se a construção de gráficos e diagramas como ferramentas úteis.

Os objetivos anteriores, mecanismo gerador, comportamento e periodicidades relevantes, levam a determinação das relações de dependência de Z^T (Modelo Matemático), que é uma descrição probabilística da série temporal. Com base nisto, pode-se partir para a predição da série temporal, ou seja, a determinação dos prováveis valores que assumirão as variáveis aleatórias futuras $Z_{T+1}, Z_{T+2}, \dots, Z_{T+n}$ onde n é o horizonte de predição máxima. Entende-se como horizonte de predição máxima o valor máximo que n pode assumir para a variável Z no instante de tempo t (SPIEGEL 1993).

Dependendo do valor de predição n as previsões obtidas são classificadas como de curto, médio ou longo prazo. Os métodos apresentados neste trabalho se referem basicamente a previsões de curto prazo, ou seja, são métodos que permitem uma razoável predição do futuro próximo através da extrapolação dos valores ocorridos no passado.

Os métodos de predição são diferentes procedimentos computacionais para calcular a predição de um valor futuro a partir de combinações de valores passados. Os procedimentos de predição utilizados na prática variam muito, podendo ser simples e intuitivos ou mais quantitativos e complexos (FERNANDES 1995).

2.1.3. Principais métodos de predição de séries temporais

Segundo Souza(1989) os métodos de predição de séries temporais são classificados em três categorias baseadas no número de séries temporais envolvidas na modelagem. Tais categorias são as seguintes:

2.1.3.1 Modelos Univariados

Estes modelos se baseiam em uma única série histórica. Os métodos apresentados são classificados em duas categorias:

- Baseados em Estatística Clássica - estes métodos levam em consideração somente a informação contida na série histórica.
- Baseado em Estatística Bayesiana - além das informações contidas na série, também permite a inclusão de outras informações que sejam relevantes à série.

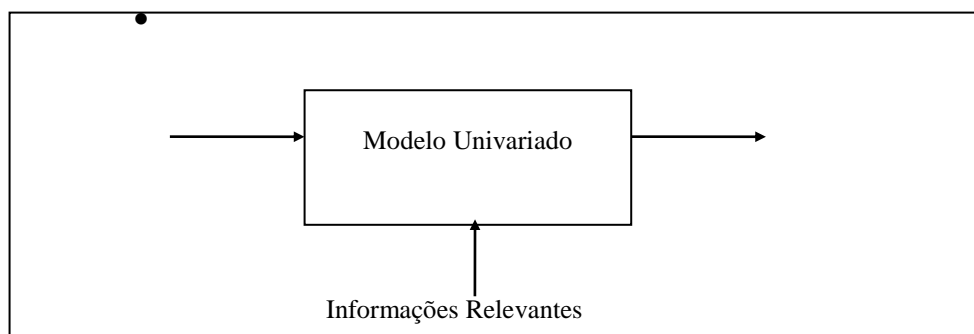


Figura 2.2 - Modelo Univariado

Dentro desta categoria dos modelos univariados serão mencionados os principais métodos de predição.

A) Método de Decomposição Clássica

Este é considerado o pioneiro das formulações univariadas e consiste naquela classe de modelos que considera Z_t como composta de componentes não observáveis distintas tais como T_t (**tendência**), S_t (**sazonalidade**), C_t (**ciclo**) e e_t (**erro aleatório**). Portanto Z_t segue o seguinte modelo geral:

$$Z_t = f(T_t, S_t, C_t, e_t)$$

Fórmula 2.1 - Decomposição clássica

B) Método dos Modelos Automáticos

São consideradas automáticas todas as metodologias que podem ser diretamente programadas no computador e que requerem mínima intervenção humana. Estes métodos foram desenvolvidos no início dos anos 60 e podem ser vistos como métodos de ajuste de curvas com parâmetros sequencialmente atualizados no tempo. Os principais modelos desta classe são os modelos de médias móveis, modelo de ajuste sazonal e método de amortecimento sazonal (MAE).

Os MAEs se constituem na formulação mais conhecida desta classe e ainda são bastante utilizados atualmente.

C) Modelo ARIMA

Este é o mais importante trabalho na área de análise e predição de séries temporais, responsável pelo grande desenvolvimento e a correspondente formalização da área. Neste trabalho Box & Jenkins propõem uma classe geral de modelos lineares conhecida como **Auto Regressive Integrate Moving Average** (ARIMA) para as séries temporais.

Teoricamente assume-se que a série temporal é uma realização particular de um processo estocástico gerado pela passagem sucessiva de um processo de ruído branco, a uma seqüência de dois filtros lineares, um estável (FLE) e outro instável (FLI).

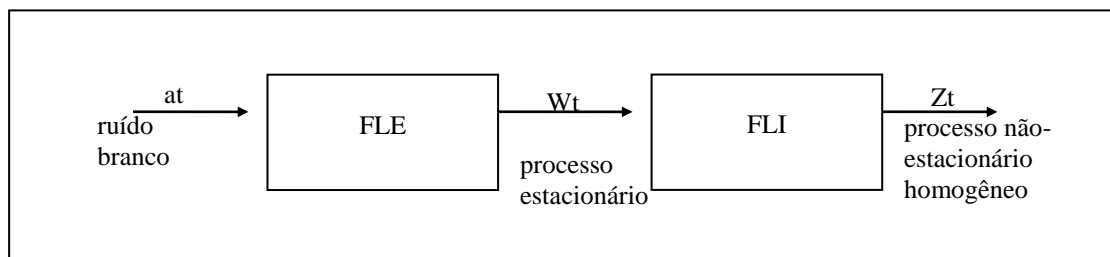


Figura 2.3 - Diagrama teórico do modelo ARIMA

A construção do modelo é baseada num ciclo iterativo, no qual a escolha da estrutura do modelo é baseada nos próprios dados.

2.1.3.2. Modelos de Função de Transferência

Os métodos apresentados na seção anterior consideram a descrição do comportamento futuro da série explicado somente pelo seu passado. Nos modelos de função de transferência a série é descrita não só pelo seu passado, como também por outras séries explicativas.

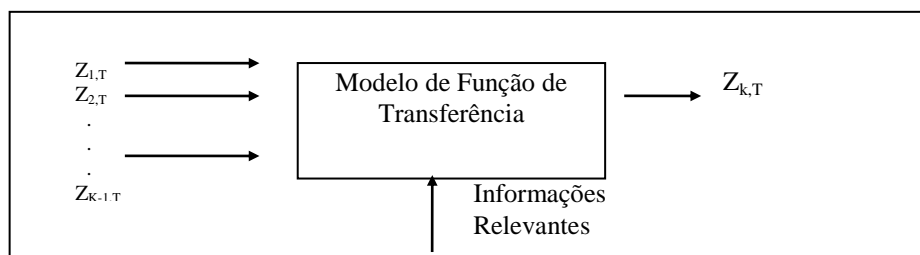


Figura 2.4 - Esquema ilustrativo dos modelos de Função de Transferência

Modelos Multivariados

Este modelo é verificado na situação na qual um modelo de uma única equação é adequado para descrever o comportamento de duas ou mais séries, devido a presença de mais de uma variável endógena (variáveis internas ao modelo).

2.1.3.3 Modelo Estrutural Clássico

A utilização deste modelo será feita com o intuito de ser comparado com os modelos de algoritmos genéticos e redes neurais apresentados, uma vez que seus resultados vêm sendo comprovadamente superiores aos resultados de previsões realizadas com outros modelos (HARVEY 1989). A comparação destas três técnicas usará como *benchmark* a predição de valores futuros da série temporal relacionada ao índice industrial.

A análise temporal através da decomposição nas suas respectivas componentes básicas não-observáveis (tendência, sazonalidade, ciclo e ruído aleatório) é, com certeza, uma metodologia bastante conhecida no meio estatístico. Tais componentes têm como característica mais marcante a clara interpretação de seus componentes, o que permite ao analista uma clara visualização do modelo.

Com a formulação dos modelos ARIMA na década de 70, foi abandonada a idéia de decomposição da série. No entanto, o modelo ARIMA apresenta, geralmente, difícil interpretação de sua estrutura, especialmente quando aplica-se as séries de operadores de diferença, o que acontece na maioria das séries econômicas (FERNANDES 1995).

Devido a este problema, os modelos propostos por Harvey (1984) representam uma reação aos modelos ARIMA, voltando a centrar a análise na decomposição da série de tempo em seus componentes básicos não observáveis.

Os modelos estruturais possuem algumas vantagens em relação aos modelos ARIMA. Uma vez que cada um dos componentes varia com o tempo, modificações estruturais na tendência ou nos componentes sazonais podem ser facilmente tratadas por este tipo de modelo. E também, os modelos estruturais são mais informativos, permitindo uma interpretação direta de seus componentes.

2.1.3.4 Filtros de Kalman

Com a introdução do Filtro de Kalman (1960) à econometria, a literatura dos modelos estruturais cresceu significativamente. O paradigma baseado no Filtro de Kalman ajudou a tornar estes modelos operacionais, fornecendo uma maneira simplificada de estimar os componentes não-observáveis que variam com o tempo em uma série. Os modelos foram desenvolvidos tanto na forma estatística clássica quanto bayesiana. A diferença fundamental entre estas duas abordagens está na estimação das variâncias ou hiperparâmetros. Nos modelos bayesianos as variâncias observacionais e de evolução são obtidas através do aprendizado da variância e de fatores de desconto (WEST 1989). Por outro lado, nos modelos clássicos, os hiperparâmetros são estimados por máxima probabilidade.

O filtro de Kalman é um algoritmo de aprendizado que inclui equações de predição e equações de atualização. A idéia básica atrás do filtro de Kalman é que a estimativa é realizada recursivamente em dois passos. No primeiro passo a melhor delas no tempo t , utilizando toda a informação disponível até o tempo $t-1$, é obtida. Então esta estimativa é atualizada utilizando a nova informação que se torna disponível no tempo t . A qualquer momento o vetor de estados é tal que o \mathbf{Y}_t previsto e o atual são diferentes, fazendo com que o erro seja incorporado ao novo vetor de estados estimado para torná-lo mais preciso.

$$\begin{aligned} \mathbf{x}_k + \mathbf{1} &= \mathbf{F}_k \mathbf{x}_k + \mathbf{G}_k \mathbf{u}_k + \mathbf{w}_k \\ z_k &= \mathbf{H}_k \mathbf{x}_k + v_k \end{aligned}$$

Fórmula 2.2 - Equações do Filtro de Kalman (I).

\mathbf{x}_k é o vetor de estado, de dimensão \mathbf{n}

z_k é o vetor de medida, de dimensão \mathbf{m}

\mathbf{u}_k é o vetor de entrada, de dimensão \mathbf{p}

\mathbf{F}_k é a matriz de transição de estado, de dimensões $\mathbf{n} \times \mathbf{n}$

\mathbf{G}_k é a matriz de comando, de dimensões $\mathbf{n} \times \mathbf{p}$

\mathbf{H}_k é a matriz de observação, de dimensões $\mathbf{m} \times \mathbf{n}$

\mathbf{w}_k e \mathbf{v}_k são vetores de dimensões \mathbf{n} e \mathbf{m} respectivamente, representando os ruídos de processo e de medida e cujos elementos são variáveis gaussianas de média nula, tais que:

$$\begin{aligned}
 E[w_k w_j^T] &= Q_k \delta_{kj} \\
 E[v_k v_j^T] &= R_k \delta_{kj} \\
 E[w_k v_j^T] &= 0
 \end{aligned}$$

Fórmula 2.3 - Equações do Filtro de Kalman (II).

onde δ_{kj} é o delta de Kronecker: $\delta_{kj} = 1$ se $k = j$

$$\delta_{kj} = 0 \text{ se } k \neq j$$

Supondo-se que o estado inicial é gaussiano com:

$$\begin{aligned}
 E[x_0] &= \hat{x}_{0|0} \\
 E[(x_0 - \hat{x}_{0|0})(x_0 - \hat{x}_{0|0})^T] &= P_{0|0} \\
 E[v_k (x_0 - \hat{x}_{0|0})^T] &= 0
 \end{aligned}$$

Fórmula 2.4 - Equações do Filtro de Kalman (III).

Então, a estimação ótima do estado no sentido da minimização da variância do erro, a partir da seqüência de medidas:

$$Z^k = \{z_i | i = 1, k\}$$

Fórmula 2.5 - Equações do Filtro de Kalman (IV).

é dada pelo filtro de Kalman Discreto:

$$\begin{aligned}
\hat{x}_{k+1|k} &= F_k \hat{x}_{k|k} + G_k u_{k+1} \\
\hat{x}_{k+1|k+1} &= \hat{x}_{k+1|k} + K_{k+1} (z_{k+1} - H_{k+1} \hat{x}_{k+1|k}) \\
K_{k+1} &= P_{k+1|k} + H_{k+1}^T (H_{k+1} P_{k+1|k} H_{k+1} + R_{k+1})^{-1} \\
P_{k+1|k} &= F_k P_{k|k} F_k^T + Q_k \\
P_{k+1|k+1} &= (I - K_{k+1} H_{k+1}) P_{k+1|k} (I - K_{k+1} H_{k+1})^T + K_{k+1} R_{k+1} K_{k+1}^T \\
\hat{x}_{k|j} &= E[x_k | Z^j] \\
P_{k|j} &= E[(x_k - \hat{x}_{k|j})(x_k - \hat{x}_{k|j})^T]
\end{aligned}$$

Fórmula 2.6 - Equações do Filtro de Kalman (V).

Segundo Kosko (1991), o Filtro de Kalman é um filtro ou controlador linear adaptativo estocástico ótimo que requer um modelo matemático explícito de como controles de saída dependem de controles de entrada. Neste sentido o Filtro de Kalman se constitui em um modelo padrão de controlador matemático, se tornando competitivo com sistemas de controle alternativos.

Entende-se também que um Filtro de Kalman combina todas as medidas de dados disponíveis, mais conhecimento prévio sobre o sistema e dispositivos de medida, para produzir uma estimativa das variáveis desejadas de tal maneira que o erro é minimizado estatisticamente (HARVEY 1987). Em outras palavras, se é rodado um número de filtros candidatos muitas vezes para a mesma aplicação, então o resultado médio do Filtro de Kalman será melhor que o resultado médio de qualquer outro.

Uma vez que uma função condicional da densidade da probabilidade é propagada, a estimativa “ótima” pode ser definida. Possíveis escolhas poderiam incluir:

- A média : a estimativa do centro da massa de probabilidade;
- O modo : o valor de x que tem a mais alta probabilidade, localizando o pico da densidade; e
- A mediana : o valor de x tal que metade do peso da probabilidade situe-se à esquerda e metade à direita desta.

Um Filtro de Kalman executa esta propagação condicional da densidade da probabilidade para problemas em que o sistema pode ser descrito através de:

- Um modelo linear;
- Os ruídos medidos são “brancos” e Gaussianos;
- Sob todas estas condições a média, o modo, a mediana e virtualmente, alguma escolha razoável para uma estimativa ótima, coincidem evidenciando a existência de fato de uma “única melhor” estimativa para o valor de x .

Sob estas três restrições, o Filtro de Kalman pode ser visto como sendo o melhor filtro de alguma forma concebível. Muitas das restrições podem ser relaxadas, produzindo um filtro ótimo qualificado. Por exemplo, se a hipótese Gaussiana é removida, o Filtro de Kalman pode ser visto como o melhor (mínima variância de erro) filtro fora da classe de filtros lineares imparciais. No entanto, estas três hipóteses podem ser justificadas por muitas aplicações potenciais (HARVEY 1987)(HARVEY 1989).

3. ALGORITMOS GENÉTICOS

A idéia principal do paradigma de algoritmos genéticos é de pretender mimetizar o funcionamento dos mecanismos de seleção natural e reprodução dos seres vivos. O princípio existente nesta tecnologia é o mesmo observado entre os seres vivos e sua relação com o seu meio ambiente (RIBEIRO 1994)(LANE 1994). A partir do momento em que há uma modificação no meio ambiente, os seres vivos que fazem parte deste ambiente tendem a adaptar-se à nova realidade. A maneira pela qual ocorre este processo é denominada de seleção natural (KENNEDY 1993).

O mecanismo de seleção natural otimiza a população de indivíduos, tornando-os mais adaptados às novas condições do meio ambiente. Este processo de otimização é que impulsiona a pesquisa nesta área, com o objetivo de melhorar o desempenho de sistemas computacionais (DAVIS 1991).

3.1. Características Básicas

O princípio fundamental em que se inspiram os algoritmos genéticos é o processo de seleção natural o qual acontece empiricamente na natureza, onde os indivíduos adaptam-se as modificações que nela ocorrem (LANE 1994). Dentro de um mesmo ambiente, existem várias espécies de indivíduos, sendo que cada espécie possui características que as diferenciam de outras espécies, portanto cada espécie possui um fenótipo diferente. O fenótipo de uma espécie é então, o conjunto de características que possibilita sua sobrevivência (ROCK 1993).

O processo de adaptação ao meio ambiente não leva a um único resultado, mas sim a vários resultados. Quando acontece de haver uma modificação neste meio, os indivíduos também deverão modificar-se para adaptarem-se à nova realidade. Quando acontece de haver uma mudança muito grande no meio ambiente, e os indivíduos não tiverem condições de se adaptarem em tempo hábil, pode acontecer com isto a extinção de uma determinada espécie (RIBEIRO 1994). Exemplos disso acontecem atualmente na natureza, onde o progresso desordenado do homem consegue destruir rapidamente algumas espécies de animais.

Em uma mesma espécie existem populações de indivíduos cujos fenótipos possuem pequenas diferenças. Estas são responsáveis por subclasses denominadas de raças, e existem ainda diferenças mais sutis que separam individualmente os membros dessas populações entre si (SRINIVAS 1994). A estas diferenças chama-se diversidade genética. É através da diversidade genética que se pode atribuir a garantia de uma melhor adaptação dos indivíduos ao meio ambiente (DAVIS 1991).

Espécie	Raça	Características
Humana	Branco Negro Índio ...	Cor dos Olhos Cor dos Cabelos Formato dos Olhos Estatura Cúrtis

Figura 3.1 - Exemplo de diversidade genética

Quando ocorre uma mudança significativa no meio ambiente afetando a população, os indivíduos sofrem por não terem plasticidade genética para adaptarem-se diretamente a essas mudanças. No entanto aquele(s) indivíduo(s) que possui(em) alguma(s) característica(s) que possibilite(m) viver um pouco mais nesse novo meio, terá(ão) condições de se reproduzir(em) mais e passará(ão) esta(s) boa(s) característica(s) para a sua descendência. Os indivíduos que não possuem características que os favoreçam no novo meio, viverão e reproduzirão cada vez menos. Observa-se, com isto, que esta entidade vai, com o tempo, adaptando-se às novas condições. Também é possível que a população não tenha condições de adaptar-se ocasionando sua extinção (RAMOS 1996).

Uma baixa ou alta plasticidade genética pode ser um dos fatores decisivos para a sobrevivência ou não de uma espécie. No caso dos vírus, por exemplo, a plasticidade genética é muito alta, fazendo com que uma população de vírus se torne imune a uma vacina em poucas gerações, o que torna praticamente impossível desenvolver vacinas para certos tipos de infecções viróticas.

Assim como o fenótipo de um indivíduo representa suas características físicas, o genótipo é um conjunto de genes responsáveis pela formação do fenótipo deste indivíduo.

A figura 3.2 apresenta este comportamento emergente que serve de elo entre o genótipo e o fenótipo.

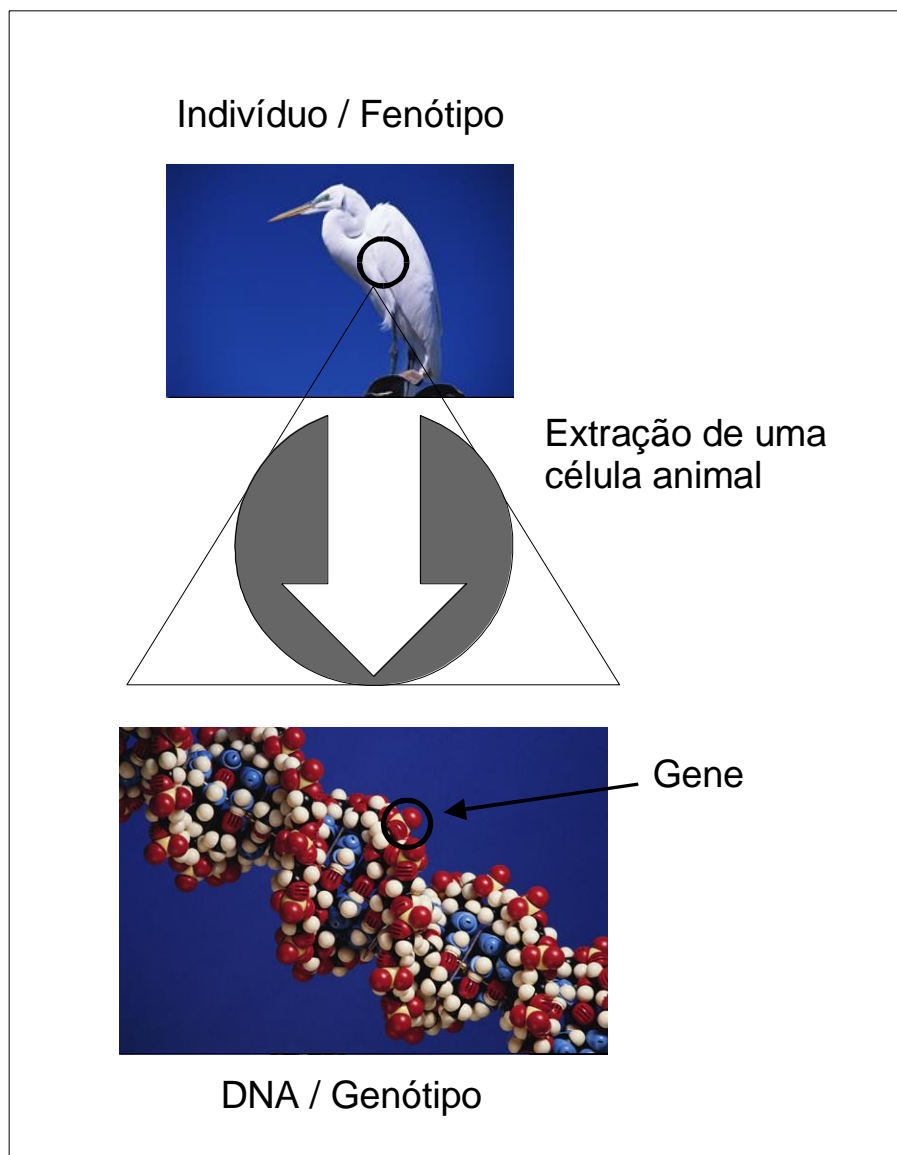


Figura 3.2. Exemplo da ligação entre genótipo e fenótipo

Em um processo evolutivo existe ainda o conceito de esquemáticos. Por esquemático entende-se como cada característica de um indivíduo que é representada pelo código genético e é passada para as gerações futuras. O ideal num processo evolutivo seria a transferência apenas dos bons esquemáticos dos indivíduos para seus descendentes, mas a natureza não trabalha de forma imediata, usando um processo lento e eficaz para transferir estes bons esquemáticos.

Uma geração é dada por um ciclo de reproduções que ocorrem numa população. Existem muitas formas diferentes de reproduções inerentes a cada espécie. Dependendo da forma, um indivíduo pode transmitir todo o seu genótipo ou simplesmente parte dele para a descendência (FOGEL 1994).

A mutação genética é outro fator importante encontrado na natureza; ela é um fenômeno não controlado que altera o código genético herdado de seus progenitores. Como esse processo mutagênico não é controlado, o genótipo resultante é aleatório, e o indivíduo pode adquirir um fenótipo pior ou melhor do que já tinha. De um modo geral,

a mutação é responsável pelas grandes diversidades genéticas observadas atualmente (DAVIS 1991)(FOGEL 1994).

3.2. Características do modelo Computacional

Na década de 70 John Holland elaborou uma versão computacional destes modelos, através da abstração das características dos modelos biológicos de seleção natural e reprodução, chegando a um modelo formal para algoritmo genético, mas foi em 1991 que Lawrence Davis propôs a implementação do algoritmo genético em três módulos principais que são o módulo de população, módulo de reprodução e o módulo de avaliação (HOLLAND 1975)(DAVIS 1991). Segue abaixo uma descrição destes principais módulos.

3.2.1. Módulo de população

O módulo de população é responsável pela definição da população de indivíduos e também do meio ambiente. Este deve ser entendido como o objetivo para onde o algoritmo deve convergir.

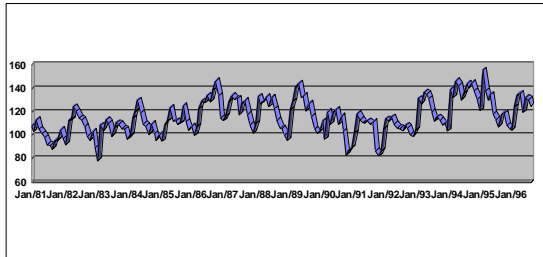
Inicialmente para a população deve-se definir algumas técnicas que serão adotadas na execução deste módulo. Segundo Scott Austin e Sergio Marita (AUSTIN 1990)(MARITA 1991), pode-se definir: a) a técnica de representação dos indivíduos; b) a técnica de inicialização que representa a primeira geração de indivíduos; c) a técnica de seleção dos pais; d) a técnica de reprodução e também a técnica de deleção dos indivíduos, ou seja, a troca de gerações dos pais pelos filhos.

A técnica de representação dos indivíduos indica como será o indivíduo, baseado no seu código genético localizado nos cromossomos. Os indivíduos de uma mesma espécie possuem sempre o mesmo número de cromossomos, mas espécies diferentes podem possuir números de cromossomos diferentes. No caso dos seres humanos são 23 pares de cromossomos. Uma espécie pode ter indivíduos que possuam apenas um cromossomo. Lawrence Davis utiliza em seus trabalhos implementações com apenas um cromossomo por indivíduo (DAVIS 1991).

Nos modelos computacionais, os genes do cromossomo assumem configurações numéricas. Uma configuração que é muito utilizada em algoritmos genéticos é a binária com fenótipo implícito no gene onde as características do indivíduo não estão codificadas no cromossomo, as quais são ativadas dependendo do estado do gene, assumindo valores binários (SRINIVAS 1994)(DAVIS 1991)(FOGEL 1994). A diferença entre um cromossomo binário comum e um cromossomo binário com fenótipo implícito no gene, é que o primeiro constrói o fenótipo e o segundo apenas ativa características de um fenótipo pré-estabelecido (RIBEIRO 1994)(RAMOS 1996).

Ambiente:

Média dos valores que representam o índice da produção gaúcha para cada mês.



$$MV = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n \text{individuo}[i]^2}{n}}$$

Exemplo de um cromossomo binário

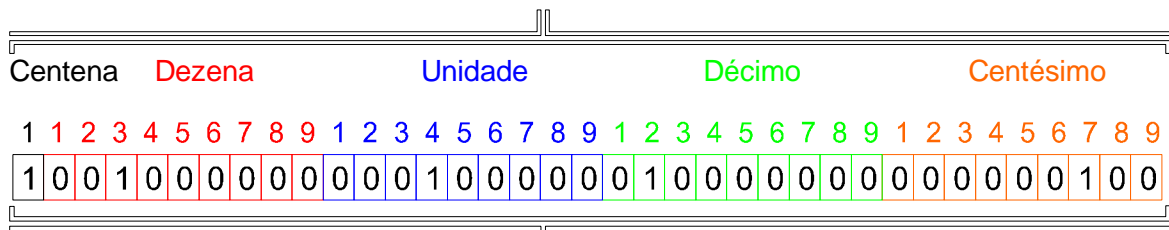
Genótipo:

1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Fenótipo: Aplicação do valor do cromossomo (13427) para calcular MV em Individuo[i].

Exemplo de um cromossomo binário com fenótipo implícito no gene

Fenótipo:



Genótipo:

Para extrair o fenótipo:

Parte da centena

O gene 1 está em 1, portanto o algarismo na casa da centena é 1.

Parte da dezena

O gene 3 está em 1, portanto o algarismo na casa da dezena é 3.

Parte da Unidade

O gene 4 está em 1, portanto o algarismo na casa da unidade é 4.

Parte do Décimo

O gene 2 está em 1, portanto o algarismo na casa dos décimos é 2.

Parte do Centésimo

O gene 7 está em 1, portanto o algarismo na casa dos centésimos é 7.

Aplicação do número 134,27 na fórmula do cálculo da média.

Figura 3.3 - Diferença entre cromossomo binário comum e com fenótipo implícito

No exemplo da figura 3.3, supondo-se que o ambiente seja representado pela fórmula contida na figura. Para o cromossomo binário comum, o fenótipo é construído baseado diretamente na constituição binária do genótipo, enquanto que no outro, as características, que são pré-estabelecidas, apenas estão ou não ativas.

O módulo de população, em um primeiro momento, deve ser inicializado. A técnica de inicialização é responsável por definir o número inicial de indivíduos que farão parte da população e quais serão os valores iniciais de seus genes na primeira geração. Normalmente é utilizada a inicialização aleatória, onde cada gene recebe um valor dentro de um determinado domínio de valores. Este método possibilita uma grande diversidade genética (BRILL 1992)(ROCK 1993). Neste trabalho a técnica utilizada inicializa a população com valores da base de dados da série, e não é a aleatória, devido às características inerentes ao problema a ser solucionado.

Após termos a população já inicializada é preciso que os indivíduos sejam selecionados para reprodução. Para isto, é necessário que estes sejam avaliados para que se saiba qual o grau de adaptação de cada indivíduo ao meio. Este valor, também chamado de ajuste, serve de parâmetro para as técnicas de seleção dos reprodutores. Para obtenção do ajuste, é necessário a interação de cada indivíduo com o meio, verificando o quanto seu fenótipo satisfaz as condições do meio ambiente (DAVIS 1991)(ROCK 1993)(SRINIVAS 1994).

A técnica de seleção mais simples é a classificação dos indivíduos por ordem de ajuste e conseqüente seleção dos indivíduos com ajuste mais elevado (WIGGINS 1992). Quanto maior o valor do ajuste, melhor adaptado ao meio estará este indivíduo. Outra técnica que é amplamente utilizada é a técnica da roleta desenvolvida por Davis (1991), a qual é muito empregada em algoritmos genéticos porque utiliza a aleatoriedade na escolha dos pais. Esta técnica sorteia os indivíduos da população para reproduzirem levando em consideração o valor de seu ajuste. Dependendo o valor do ajuste, o indivíduo tem maior ou menor possibilidade de ser escolhido mais de uma vez. A figura abaixo exemplifica o funcionamento desta técnica.

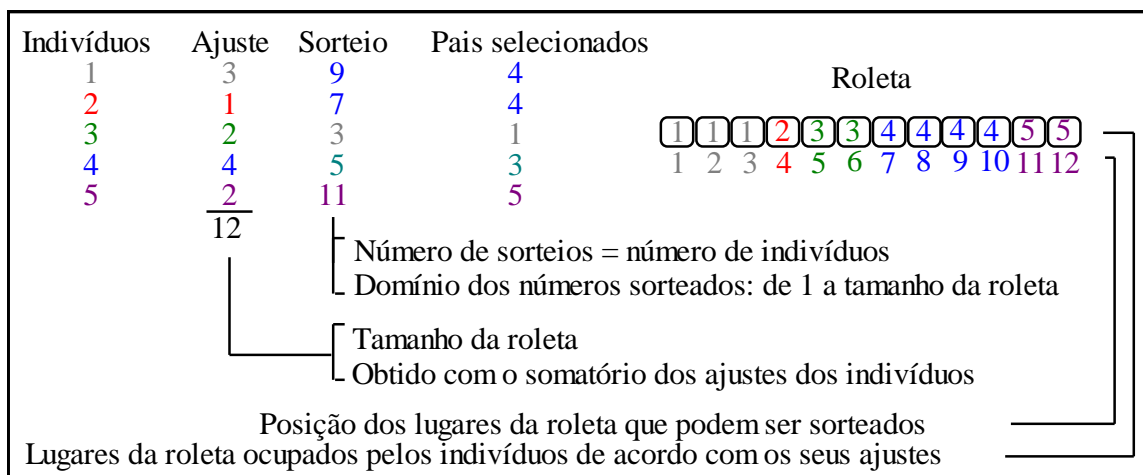


Figura 3.4. - técnica de seleção da roleta

Esta figura ilustra o funcionamento desta técnica segundo Antonio Rogério Ramos (RAMOS 1996). No capítulo 4 que trata sobre a implementação usada neste trabalho, será descrito de forma mais detalhada a maneira como esta foi utilizada.

Assim como na natureza, computacionalmente a reprodução dos indivíduos também pode ser dividida em reprodução assexuada e sexuada. A técnica de reprodução utilizada depende da definição do modelo de reprodução empregado e da quantidade de filhos gerados pelos indivíduos em cada geração (FOGEL 1994).

Na forma de reprodução assexuada os indivíduos simplesmente duplicam seus cromossomos e transferem o material genético para seus filhos. Portanto, a descendência será composta de clones dos indivíduos escolhidos para reproduzirem.

Esta técnica tem a vantagem de manter os indivíduos com ajuste elevado, mas a desvantagem é muito maior, pois esse ajuste tende a permanecer estacionário, forçando a adaptação da população de uma única forma ao meio ambiente. Isto leva a outra grande desvantagem que é a perda da diversidade genética, conduzindo a população, com o passar das gerações, a possuir seus indivíduos com um único fenótipo. Com isto, no momento em que houver uma mudança no meio ambiente, esta população tenderá a se extinguir por não possuir plasticidade genética para adaptar-se às novas condições (RAMOS 1996).

Existe outra técnica para a obtenção da próxima geração que é conhecida como elitismo. Seu princípio básico é manter alguns dos melhores pais para a geração seguinte, o resto da população é complementada normalmente através do crossover (BARONE 1997).

Na forma de reprodução sexuada, os filhos são resultantes da mistura do material genético de dois indivíduos, e estes filhos possuirão em seus cromossomos características comuns aos pais. Esta técnica possui muitas variações, mas todas elas baseiam-se na divisão dos genes dos pais e mistura do respectivo material genético. A grande vantagem desta técnica se concentra em manter a diversidade genética, pois a cada geração são criados novos fenótipos, garantindo uma alta plasticidade genética em caso de mudança nas condições do meio, e portanto dando à população uma maior chance de continuar existindo.

Na natureza, se as condições ambientais forem favoráveis e se a incidência de predadores de uma determinada espécie for naturalmente decrescente, a quantidade populacional não é controlada, significando que normalmente o número de indivíduos de uma população tende a aumentar. Em modelos computacionais, este controle populacional deve ser considerado levando-se em conta as condições de hardware e software disponíveis, tais como: memória, velocidade do sistema e facilidades de implementação dos modelos (RIBEIRO 1994).

O procedimento mais comum em implementações computacionais é a manutenção de uma taxa constante de indivíduos na população. No caso da reprodução assexuada, normalmente é gerado um número de descendentes equivalente a quantidade de vezes que o indivíduo foi selecionado. Quando a reprodução é sexuada, o comum é que sejam gerados dois filhos por progenitores, até completar a população (RIBEIRO 1994) (BRILL 1992), mantendo-se constante o tamanho da população ao longo das gerações, já que se está adotando mera reposição populacional.

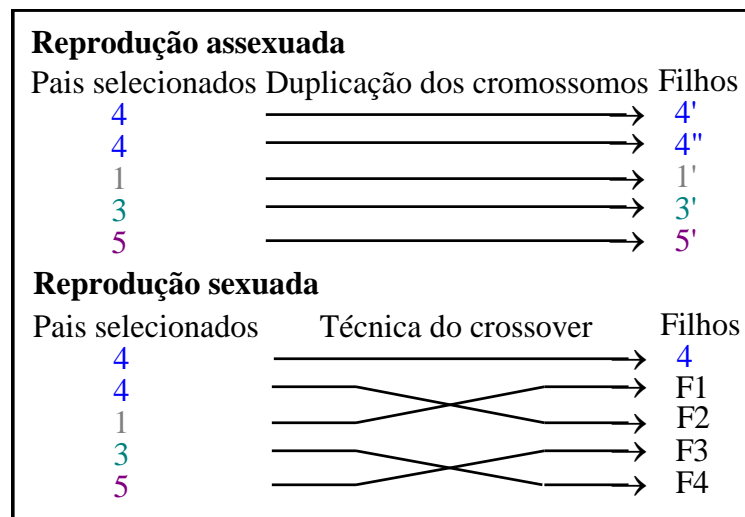


Figura 3.5. - Técnicas de reprodução e número de filhos

Outro procedimento comum é quando existe um número ímpar de indivíduos na população. Aquele que possui o ajuste mais elevado é preservado para que ele seja selecionado mais de uma vez. Esse procedimento garante um ajuste cada vez mais alto no decorrer das gerações, impedindo que o melhor indivíduo se perca por cruzamentos mal sucedidos.

Independentemente da técnica de reprodução utilizada, pode ser ativado o processo de mutação genética, criando um indivíduo com um gene que não foi herdado de nenhum dos pais (DAVIS 1991)(RIBEIRO 1994)(SRINIVAS 1994).

A técnica de deleção dos indivíduos implica na substituição da população dos pais pelos seus filhos. Encontra-se na literatura duas formas de fazer esta substituição; na primeira, os indivíduos são eliminados de acordo com o valor de seu ajuste, sendo que quanto maior for o ajuste mais tempo o indivíduo vive; na segunda, todos os pais são eliminados ao término de uma geração e seus filhos ocupam seus lugares. Esta segunda forma de deleção é empregada quando se deseja manter o número de indivíduos constante ao passar das gerações. Geralmente empregam-se as duas formas, especialmente quando a população é formada com número ímpar de indivíduos (DAVIS 1991).

3.2.2. Módulo de reprodução

Neste módulo é definido o tipo de modelo de reprodução usado para a população. Para a reprodução assexuada define-se o número de filhos de acordo com o ajuste do indivíduo. No caso de reprodução sexuada define-se o tipo de crossover e, quando a reprodução comporta mutação, é definido o tipo de mutação empregado e a taxa de mutação (RIBEIRO 1994).

O crossover pode ser classificado quanto a sua dimensão e quanto a quantidade de segmentos a ser divididos. Estes segmentos são denominados cruzamento de um ponto (one point crossover), cruzamento de dois pontos (two point crossover) e cruzamento multi-ponto (multi point crossover). Ainda quanto à escolha do segmento a ser dividido, o cruzamento pode ser aleatório ou inteligente. No primeiro qualquer um dos segmentos é escolhido para ser separado; no segundo são separados para divisão os esquemáticos que são considerados bons. Os esquemáticos são obtidos através dos resultados do casamento de padrões (template matching) nos indivíduos selecionados que possuam

ajuste elevado. Os modelos cruzamento de um ponto e cruzamento de dois pontos são apresentados abaixo.

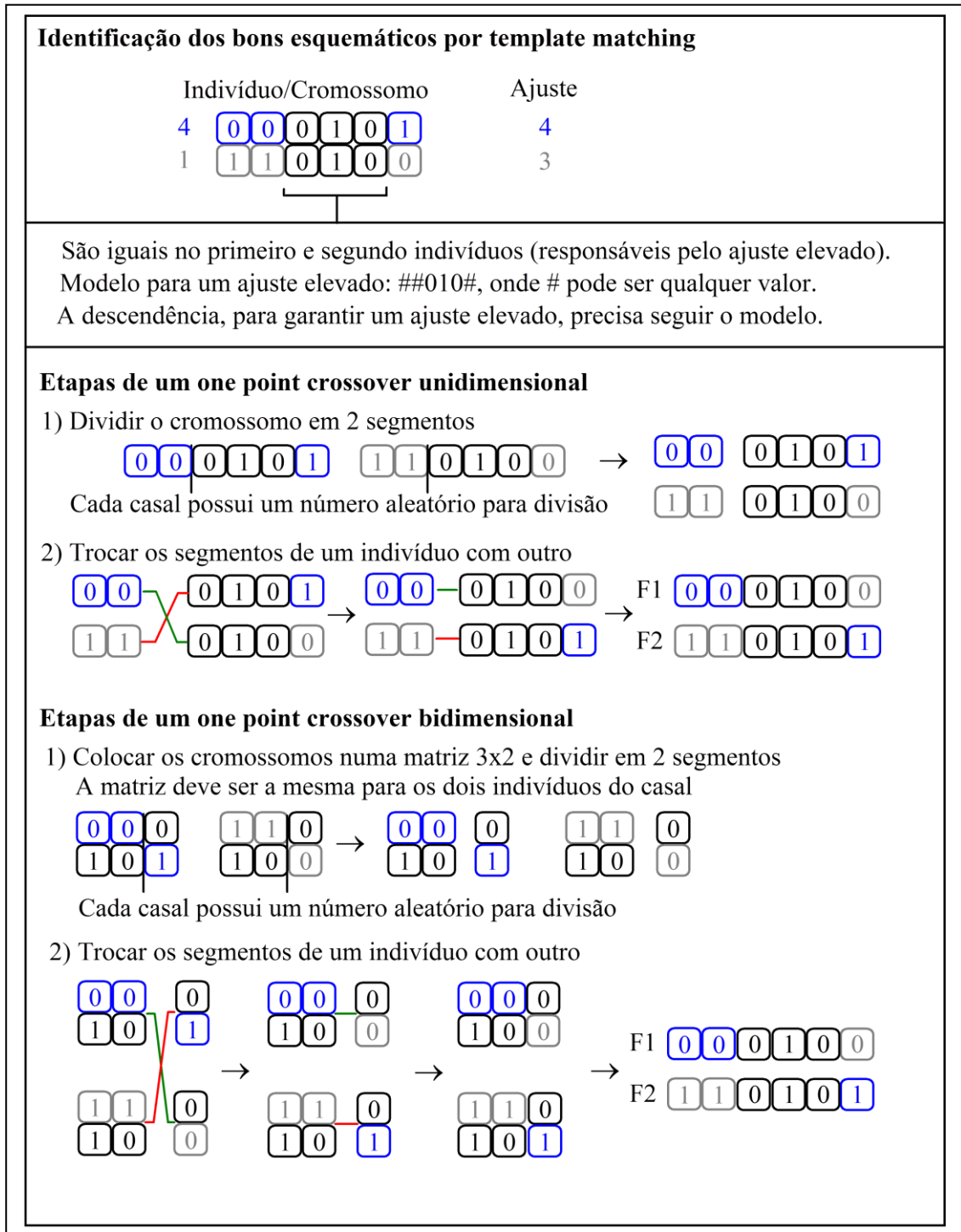


Figura 3.6: Identificação dos esquemáticos e cruzamento de dois pontos

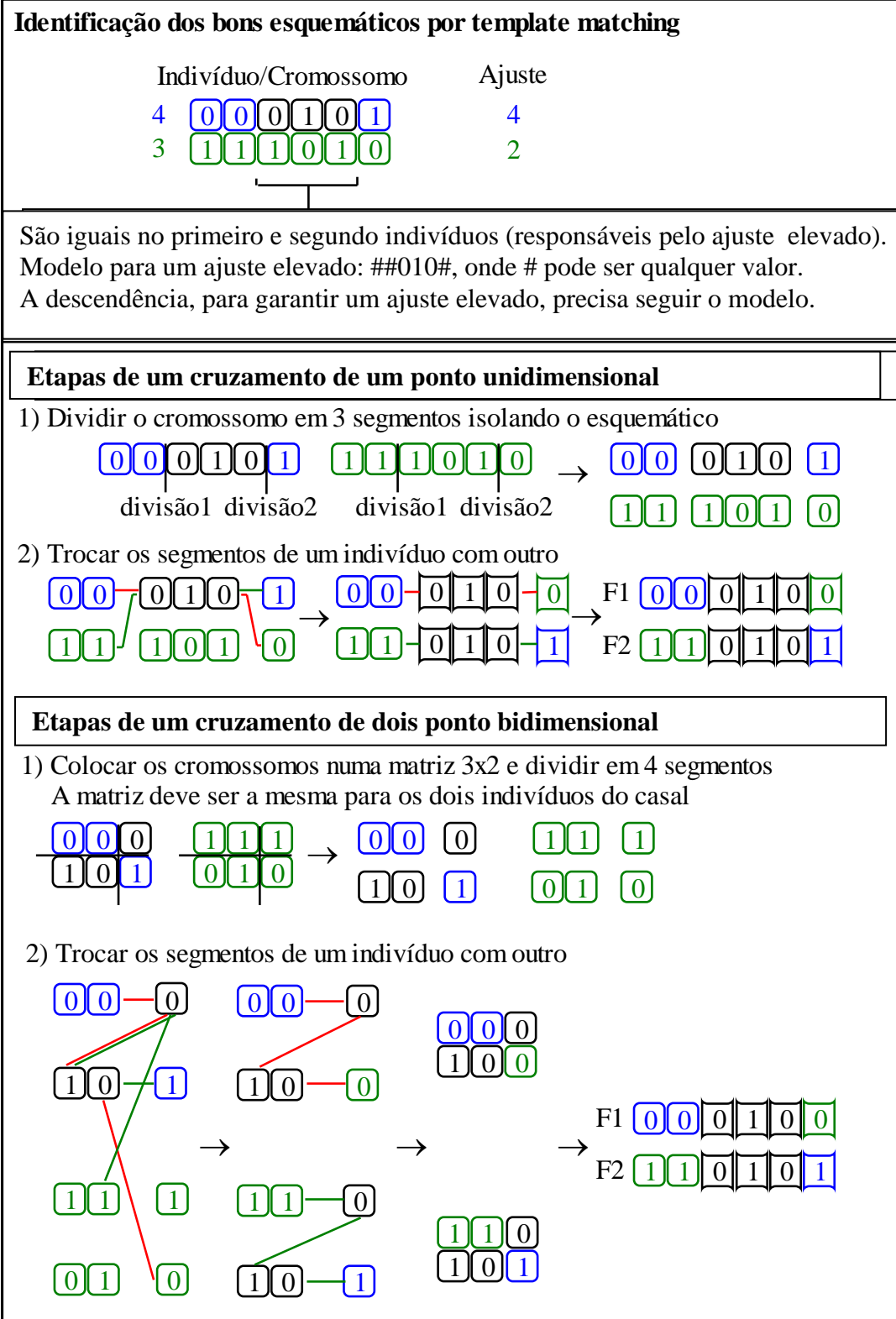


Figura 3.7: Funcionamento do cruzamento de dois pontos

A medida que as gerações passam, a flexibilidade da população em adaptar-se às condições do meio ambiente diminui devido à redução da plasticidade genética. Isto ocorre porque a medida que as gerações se sucedem, mais e mais indivíduos da população vão adquirindo os bons esquemáticos, responsáveis pelo fenótipo que melhor

se adapta ao meio, tornando assim os indivíduos cada vez mais parecidos e acabando com a diversidade genética. Dependendo das condições do meio ambiente, do tamanho da população e, principalmente, do tipo de genótipo empregado, é bem provável que a plasticidade genética se esgote antes mesmo que a população se adapte completamente.

A mutação é uma técnica que tem por finalidade solucionar parte dos problemas levantados pelo *crossover*. Esta técnica deve ser empregada em algoritmos que convergem rapidamente para um valor específico e em casos de constantes mudanças nas condições do meio. No caso da rápida convergência, é possível que o melhor ajuste não seja ótimo, mas sim um mínimo local causado por uma baixa diversidade genética. O processo mutagênico aumenta a diversidade, colocando novos fenótipos para serem testados no ambiente. Para as condições instáveis de um meio ambiente, a mutação mantém a flexibilidade do algoritmo em adaptar-se com o passar do tempo.

O processo mutagênico mais comum, empregado em algoritmos genéticos, é o de troca aleatória do valor do gene (passagem de 0 para 1 ou de 1 para 0). Este processo possui uma taxa de mutação que determina a probabilidade de um gene ser modificado no cromossomo. Cada gene recebe um número aleatório que, se for menor ou igual a taxa, confere a mutação para ele, como demonstra a figura abaixo.

Taxa de mutação de 8% para cada gene.													
Geração de números aleatórios para cada gene entre 0 e 1.													
F1	<table border="1"> <tr> <td>0</td><td>0</td><td>0</td><td>1</td><td>0</td><td>0</td> </tr> <tr> <td>.801</td><td>.102</td><td>.266</td><td>.007</td><td>.120</td><td>.096</td> </tr> </table>	0	0	0	1	0	0	.801	.102	.266	.007	.120	.096
0	0	0	1	0	0								
.801	.102	.266	.007	.120	.096								
Números aleatórios:	<table border="1"> <tr> <td>0</td><td>0</td><td>0</td><td>0</td><td>0</td><td>0</td> </tr> <tr> <td>.801</td><td>.102</td><td>.266</td><td>.007</td><td>.120</td><td>.096</td> </tr> </table>	0	0	0	0	0	0	.801	.102	.266	.007	.120	.096
0	0	0	0	0	0								
.801	.102	.266	.007	.120	.096								
F2	<table border="1"> <tr> <td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>1</td><td>0</td><td>1</td> </tr> <tr> <td>.005</td><td>.840</td><td>.760</td><td>.473</td><td>.894</td><td>.001</td> </tr> </table>	1	1	0	1	0	1	.005	.840	.760	.473	.894	.001
1	1	0	1	0	1								
.005	.840	.760	.473	.894	.001								
Números aleatórios:	<table border="1"> <tr> <td>0</td><td>1</td><td>0</td><td>1</td><td>0</td><td>0</td> </tr> <tr> <td>.005</td><td>.840</td><td>.760</td><td>.473</td><td>.894</td><td>.001</td> </tr> </table>	0	1	0	1	0	0	.005	.840	.760	.473	.894	.001
0	1	0	1	0	0								
.005	.840	.760	.473	.894	.001								

Figura 3.8: Mutação nos novos indivíduos

O emprego de algoritmos genéticos em problemas de otimização encontra campo nas áreas industriais, com sistemas de controle ou híbridos visando melhorar o desempenho dos sistemas existentes, nas áreas financeiras, com os sistemas preditivos para análise de capitais, flutuação de títulos no mercado, etc. Existe inclusive, um sistema para otimização da análise de estruturas do DNA. Seria o estado da arte dos algoritmos genéticos onde sua aplicação ajudaria o homem a aprender mais sobre o paradigma que gerou os próprios algoritmos genéticos. Tal fenômeno, muito observado na ciência poderia muito bem ser chamado de recursividade científica (RAMOS 1996).

4. IMPLEMENTAÇÃO DO SISTEMA PROPOSTO

Os sistemas preditivos, como dito no capítulo 2, são utilizados para análise e determinação de resultados em condições futuras, sendo que o valor previsto deva possuir o menor erro possível em relação ao valor real. Muitos destes sistemas são utilizados no mercado financeiro, predição do tempo, controle de estoques e em qualquer instância onde se emprega o uso de séries temporais. Neste trabalho foi desenvolvido um projeto utilizando o paradigma de algoritmos genéticos para prever resultados em função do tempo, provando sua viabilidade de uso também nesta área (NETO 1995) (TRELEAVEN 1992) (BEN 1996).

4.1. Base de dados do Algoritmo Genético

A base de dados utilizada foi o índice geral da produção industrial gaúcha cujas previsões são mensais. Utilizou-se cada um dos meses como sendo representado por um indivíduo de uma determinada população, cada um deles com um fenótipo referente ao resultado obtido no decorrer dos anos para aquele mês. Sendo assim, tem-se que a população de indivíduos para o ano de 1981 é formada de 12 indivíduos. Como são 15 anos inteiros mais 9 meses, a base de dados do algoritmo genético fica constituída por uma população de 189 indivíduos, resultando nos valores da base de dados referentes ao índice das indústrias.

O fenótipo de cada indivíduo corresponde a um número decimal de formato **999,99**, utilizado para armazenar os valores das médias. O genótipo, no caso deste indivíduo, corresponde a sua representação binária, fazendo do cromossomo deste, uma estrutura de 14 genes, que é equivalente a representação do número decimal citado à cima. Os genes deste indivíduo são considerados como esquemáticos e, como tal, são responsáveis pelas boas (ou não tão boas) características deste indivíduo, como descrito no capítulo 3.

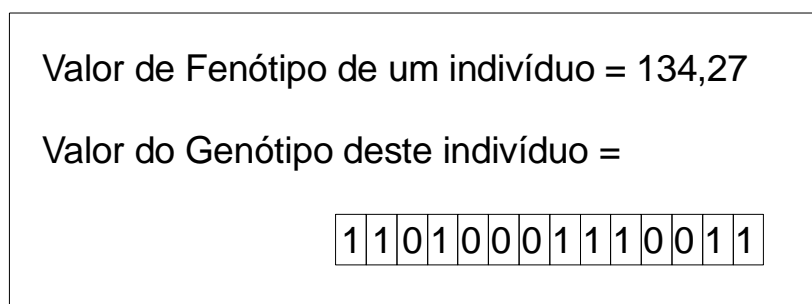


Figura 4.1. Exemplo de fenótipo e genótipo de um indivíduo

No processo de inicialização dos indivíduos, cada um deles recebe um valor da tabela com os índices das indústrias. Por exemplo, um indivíduo recebe o valor

correspondente ao mês de janeiro de 1981, outro indivíduo recebe o valor de fevereiro de 1981, e assim sucessivamente até que a população esteja completa.

Portanto, o tamanho da população é variável conforme o mês e o ano que se está querendo prever. Por exemplo, para se prever o mês de janeiro de 1993 temos uma população de 144 indivíduos, que correspondem aos valores desde o mês de janeiro de 1981 até dezembro de 1992. No caso de se prever o mês de janeiro de 1994, temos uma população de 156 indivíduos.

4.2.- Avaliação dos Indivíduos da População.

A etapa de avaliação consiste basicamente em verificar o quanto cada indivíduo está adaptado ao meio ambiente. O inverso da diferença entre as condições do ambiente (**VA**) e o fenótipo do indivíduo (**Indivíduo[i]**) é chamado de ajuste do indivíduo.

$$\text{Ajuste}[i] = \frac{1}{| \text{VA} - \text{Indivíduo}[i] |}$$

Fórmula 4.1 - Ajuste do indivíduo

A função de ajuste considera a taxa de acerto entre o fenótipo de cada indivíduo e o valor do ambiente (**VA**) para a geração. O ajuste é obtido através da fórmula 4.1, onde o *ajuste[i]* corresponde à porcentagem de acerto do *indivíduo[i]* em relação a **VA**. O fenótipo de cada um dos indivíduos representa o valor do *indivíduo[i]* a ser avaliado pelo meio ambiente. Este ajuste é realizado para toda a população durante cada uma das gerações.

4.3. Módulo de Reprodução

Como foi visto no capítulo 3, referente a Algoritmos Genéticos, existem na literatura a implementação de dois tipos de reprodução (reprodução do tipo assexuada e a do tipo sexuada (FOGEL 1994). Neste trabalho foi utilizado a reprodução sexuada, onde existe troca de material genético entre os indivíduos selecionados para reprodução (pais) para a geração dos novos indivíduos (filhos). Também, para este módulo, é definido o número de filhos gerados pelos indivíduos para a próxima geração. Na implementação feita utilizou-se sempre o mesmo número de filhos para todas as gerações, ou seja, cada casal tem dois filhos, os quais irão substituir as posições de seus pais na geração seguinte pelo método de substituição e deleção dos pais.

A fase de reprodução pretende gerar uma população de indivíduos mais adaptados ao meio ambiente. Por meio ambiente entende-se como sendo um valor projetado que represente toda a população. Esta adaptação é obtida através da transmissão das boas características dos progenitores para a prole. O método de reprodução abordado considera o crossover de um ponto entre indivíduos no decorrer das várias gerações. A reprodução é efetuada em todas as gerações, transferindo-se os esquemáticos dos pais para os filhos.

A transferência de material genético no crossover acontece em duas etapas. Na primeira, é obtido um valor aleatório no intervalo de 1 até 14 (número referente ao tamanho da string binária do genótipo). Este valor é comum ao par de indivíduos que estão reproduzindo. Na Segunda etapa, o valor aleatório indica a posição que será feita a troca do material genético. Esta etapa, que indica o cruzamento de um ponto unidimensional, é demonstrada na figura 3.6.

Para que os indivíduos sejam selecionados para reprodução é necessário que os seus respectivos graus de adaptação ao meio sejam quantificados. Isto é feito através do ajuste. A seleção mais simples e menos plausível, do ponto de vista natural, é a classificação dos indivíduos por ordem de ajuste e consequentemente a seleção dos indivíduos com ajuste mais elevado (WIGGINS 1992). Outra técnica utilizada é a da roleta, desenvolvida por Davis (DAVIS 1991), esta é muito utilizada por que usa a aleatoriedade na escolha dos pais.

Esta técnica sorteia os indivíduos da população para reproduzirem, com a ressalva de que as chances do indivíduo ser sorteado são proporcionais ao valor de seu ajuste, podendo inclusive, ser escolhido mais de uma vez. A figura 4.2 explica como esta técnica foi utilizada neste trabalho.

Indivíduos	Fenótipos	Ajuste	Sorteio	Pais Selecionados
1	124,87	0,236826	0,570720	3
2	134,51	0,184587	0,944539	5
3	135,79	0,149309	1,237287	6
4	119,80	0,107613	1,003853	6
5	132,20	0,321802	0,002873	1
6	130,56	0,681431	1,734855	7
7	125,12	0,251730	0,862394	5
		1,933298		

- Valores sorteados para cada indivíduo
- O domínio dos números sorteados vai até o tamanho da roleta

- Valor que representa o tamanho da roleta
- Valor obtido com o somatório dos ajustes dos indivíduos

Figura 4.2 - Técnica da Seleção da Roleta

Os valores sorteados vão de zero até o tamanho máximo da roleta. A figura 4.3 complementa a explicação da técnica da roleta, expondo como acontece o sorteio dos valores (RAMOS 1994) (MARQUES 1996a) (MARQUES 1996b).

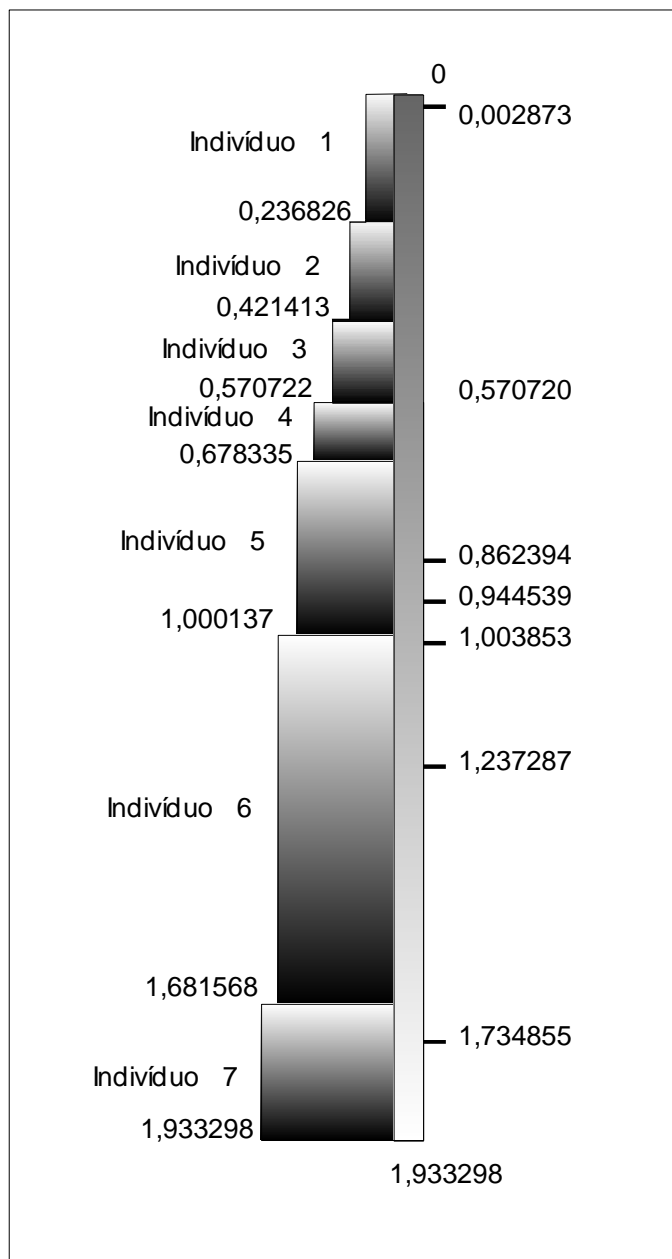


Figura 4.3 – Escolha do indivíduo sorteado

Desta forma, como demonstrado nas figuras 4.2 e 4.3, cada indivíduo possui um valor de ajuste. Portanto, cada um deles recebe um espaço na roleta proporcional ao seu ajuste. O tamanho da roleta é dado pelo somatório dos valores de ajuste da população. É gerado então um número aleatório entre *zero* e o tamanho máximo da roleta. Por exemplo: se o valor sorteado for maior que **1,000137** e menor ou igual a **1,681568** então o indivíduo escolhido é o número **6**, como demonstrado na figura 4.3.

Ainda para este módulo foi implementado uma variável de elitismo, que indica o percentual de indivíduos da geração atual que permanecerá na geração seguinte. Estes serão escolhidos conforme o valor de seus ajustes, sendo que os que possuem os ajustes mais elevados é que irão permanecer. O restante da população é completado normalmente através do crossover (BARONE 1997).

4.4. Mutação.

A mutação é uma técnica que veio corrigir alguns problemas levantados pelo crossover. Esta técnica deve ser empregada em algoritmos que convergem rapidamente para um valor específico e em casos de constantes mudanças nas condições do meio. No caso da rápida convergência (RAMOS 1994), é possível que o ajuste não seja ótimo, mas sim uma espécie de mínima local causada por uma baixa diversidade genética. O processo de mutação aumenta esta diversidade genética, colocando novos fenótipos no ambiente. Para ajustar-se as constantes mudanças no meio ambiente, a mutação mantém a flexibilidade do algoritmo em adaptar-se com o passar do tempo (RIBEIRO 1994) (SRINIVAS 1994) (RAMOS 1994).

O processo de mutação mais comum utilizado atualmente é o de troca aleatória do valor do gene, isto é, troca-se o valor **0** para **1** ou **1** para **0**. Neste processo utiliza-se uma taxa de mutação que determina a probabilidade de um gene ser modificado no cromossomo. Cada gene recebe um número aleatório que, se for menor ou igual a taxa de mutação previamente parametrizada para esta população, confere a mutação para ele (DAVIS 1991). Veja figura 4.4.

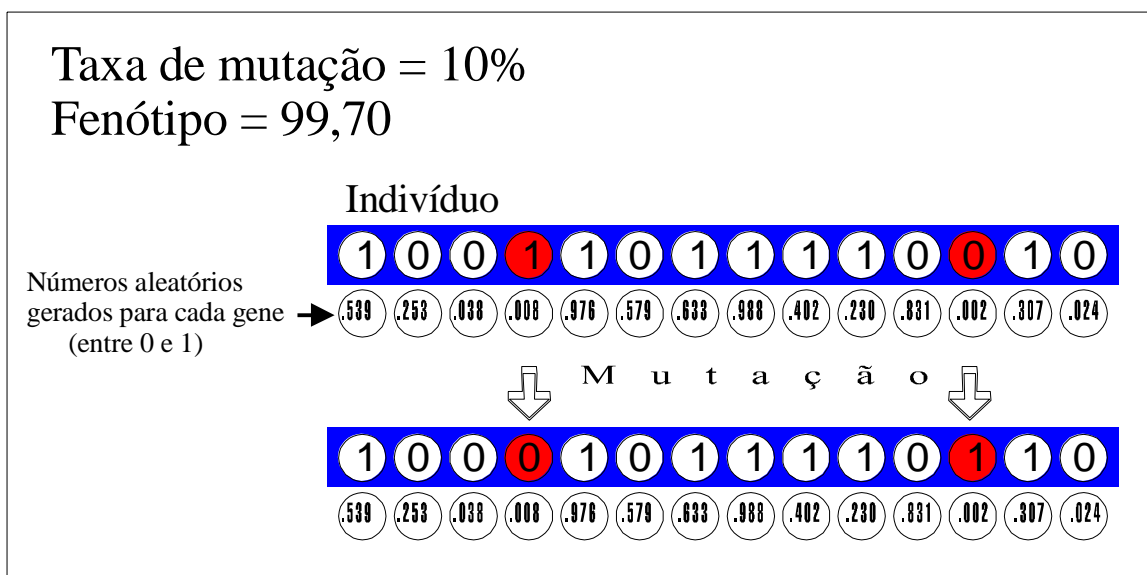


Figura 4.4 - Exemplo de mutação genética

Observou-se neste trabalho que a taxa de mutação não deve ser muito elevada, pois quando esta é muito alta os valores projetados para os ambientes, em geral, tornam-se mais oscilantes acarretando no final, previsões menos precisas. Foram realizados 17 testes com taxas de mutação variando entre **0** e **80%**, com intervalos de **5%**. A taxa considerada boa para os dados utilizados foi o percentual de **10%**. Exemplo de resultado ruim utilizando-se alto percentual de mutação está exposto na figura 5.10 no capítulo 5.

4.5. Definição do Meio Ambiente

O referencial para a previsão está na base de dados do levantamento do faturamento das indústrias do Rio Grande do Sul, onde índices mensais são publicados informando o estado da economia naquele período de tempo. Torna-se interessante a possibilidade de, através dos valores obtidos com esta base de dados, obter informações sobre os

faturamentos nos meses seguintes ao mês corrente para que seja possível fazer planejamentos administrativos a médio e longo prazo.

O ambiente a ser trabalhado, portanto, é a base de dados contendo os índices mensais da produção industrial gaúcha. Estes são índices gerais onde estão embutidos valores de vários setores da economia, formando o índice geral da produção industrial gaúcha, valores estes fornecidos pelo IBGE.

No enfoque de algoritmos genéticos, o ambiente é representado por um valor numérico (**VA**) que indica para onde o algoritmo deve convergir. A solução do problema é dada quando na última geração é apresentada a população final, e o indivíduo que possuir melhor ajuste, ou seja, o **indivíduo[i]** que obtiver o valor mais próximo ao valor do ambiente (**VA**) será o mais adaptado, e portanto, este será o valor utilizado na predição (MARQUES 1996a).

Um dos problemas mais sérios enfrentados foi encontrar um valor de ambiente que pudesse representar o problema corretamente. O paradigma de Algoritmos Genéticos define-se como sendo sistemas evolutivos por natureza, e não preditivos. Como dito anteriormente, um ambiente é para onde o AG deve evoluir, portanto este deve representar a solução do problema, mas neste caso, esta solução não é conhecida, pois este é o valor que queremos prever.

Para solucionar este problema, desenvolveu-se um cálculo que projetasse o valor de **VA** espelhado na própria população. Isto significa que o ambiente para o qual os indivíduos convergem em cada uma das gerações é projetado na geração atual para a geração seguinte. Embora **VA** não seja conhecido com exatidão é possível saber sua posição mais provável (PORTUGAL 1991).

Como os valores da população correspondem aos valores da série temporal, utiliza-se um cálculo para se obter **VA** que leva em consideração as variáveis de tendência, cíclica e sazonalidade da série inicial. Estas variáveis extraídas da econometria vão projetar, para cada geração, a direção mais provável onde será encontrado o próximo valor (HARVEY 1987) (HARVEY 1989). Este não é o valor a ser previsto, é apenas um valor que serve como “*sinalizador de rumo*” que orienta a evolução do algoritmo genético, como mostrado na figura 4.5.

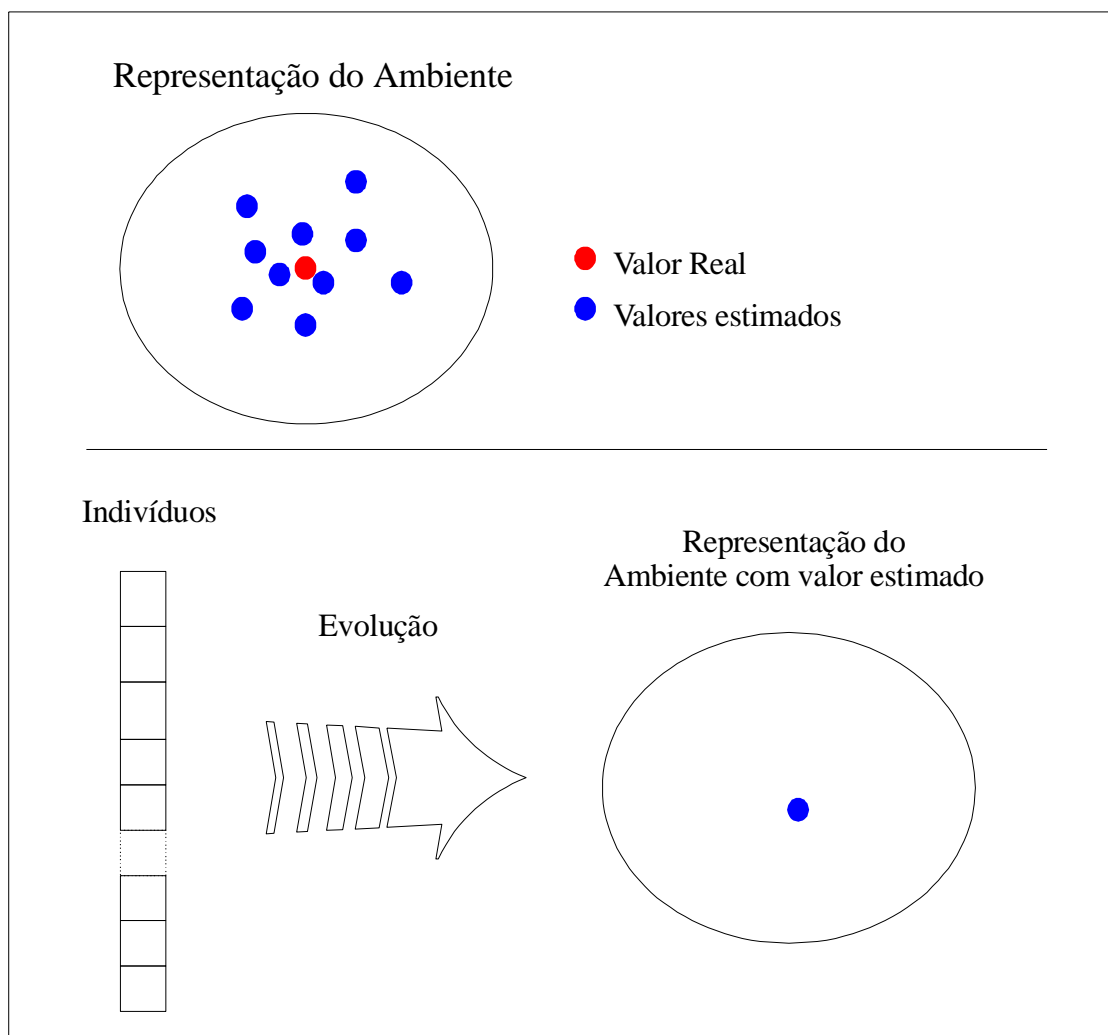


Figura 4.5 – Representação de um ambiente estimado para evolução

A análise de tendência da série diz ao AG a direção para onde a série está evoluindo, ou seja, se os valores da série, como um todo, estão aumentando, estão estabilizados ou diminuindo. A variável cíclica diz respeito ao mês que está sendo calculado (**mês_sel[m]**), levando em consideração todo o mês referido de todos os anos anteriores. A sazonalidade mede a variação que ocorre durante o mês de cálculo dos anos anteriores.

O procedimento para cálculo do ambiente é feito inicialmente utilizando-se os valores de toda a população e calculando-se a Raiz Média Quadrática para o valor médio dos meses (**MV**) conforme fórmula 4.2. Este valor pode ser entendido como sendo a tendência da série, e significa a média de todos os elementos da população. Foram testadas outras propostas para se chegar a um valor de média, conforme literatura de econometria (SPIGEL 1993) (MADDALA 1988) (MORETTIN 1981), mas optou-se pela raiz média quadrática, pois o valor por ela apresentado é o que melhor se enquadra neste trabalho. Portanto, conforme fórmula 4.2, **MV** representa esta média.

$$MV = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n \text{individuo [i]}^2}{n}}$$

Fórmula 4.2 – Cálculo da média MV.

Onde **n** é o número de meses utilizado, ou seja, o tamanho da população. Após o cálculo da média dos valores **MV**, obtém-se a diferença das médias dos valores para o mês a ser calculado **DMV**. Fórmula 4.3.

$$DMV = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^m (MV - \text{Mes_Sel[j]})^2}{m}}$$

Fórmula 4.3 – Cálculo de DMV

Onde **m** é o número de meses selecionados para o cálculo da diferença. Isto é feito subtraindo-se de **MV** os valores correspondentes ao mês desejado de todos os anos anteriores, valores estes armazenados em **mês_sel[j]**.

Calcula-se então, a raiz média quadrática dessas diferenças **DMV**. Este cálculo nos dá, somente, a média referente ao mês de cálculo. Isto é feito para tornar a projeção mais precisa. Este procedimento é mostrado na tabela 4.1.

Tabela 4.1 – Cálculo da projeção dos valores

Mês de Cálculo: Fevereiro de 1993		
Média dos Valores MV	Valores dos meses de fevereiro referentes aos anos anteriores – Mês_Sel[m]	Diferença MV – Mês_Sel[m]
112,45	103,53	8,92
	92,67	19,78
	78,95	33,50
	100,03	12,42
	95,20	17,25
	99,99	12,46
	116,79	4,33
	110,42	2,03
	96,05	16,40
	103,45	9,00
	89,67	22,78
	106,16	6,29
		16,1541(*)

* Valor que corresponde ao cálculo de DMV.

É calculado então, uma “primeira projeção” chamada **Proj_V**, que nada mais é do que a diferença ou a soma de **MV** e **DMV**. O que irá determinar a soma ou a diferença é o último valor real (**UV**) fornecido pela série temporal. Se **UV** for menor que a média **MV**, então é feita a diferença, caso contrário é efetuado a soma. Por exemplo, se o mês de cálculo é janeiro de 1993, então **UV** refere-se a dezembro de 1992. Indica também o quanto este está se afastando da média. Este procedimento é mostrado na fórmula 4.4.

$$Proj_V = MV + (UV - MV) \cdot DMV$$

Fórmula 4.4 – Projeção do valor inicial

Através de **MV**, obtém-se a média analisando-se toda a série, e através de **DMV**, obtém-se a média dos ciclos, que são todos os meses em questão (no exemplo da tabela 4.1, é o mês de fevereiro). Portanto esta soma ou diferença será feita para todos os meses de fevereiro dos anos anteriores.

Apesar de o valor de **Proj_V** ser uma *indicação do ambiente*, este valor não está ainda suficientemente preciso para representá-lo. Com o objetivo de melhorar este desempenho foi gerado, a partir da população inicial, um outro vetor de diferenças (**diferença[v]**), contendo a diferença, em módulo, entre o mês posterior e o antecessor de toda a série. Como mostrado na figura 4.6.

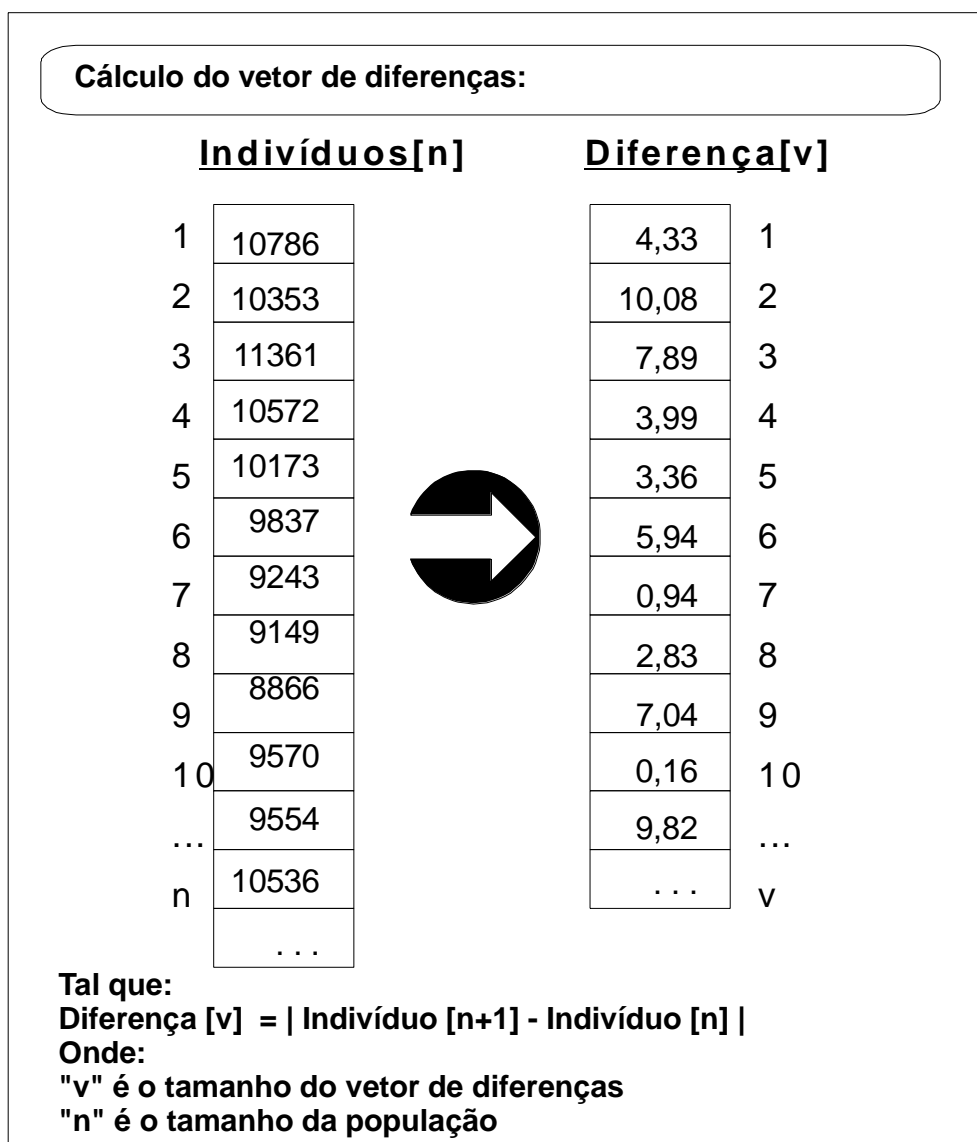


Figura 4.6 – Criando vetor de diferenças

O objetivo principal com isso, é gerar para a mesma base de dados outra perspectiva de cálculo que irá complementar **Proj_V**, pois o valor de **VA** a ser projetado é a soma de **Proj_V** com **Proj_D**. **Proj_D** é a projeção feita para **Diferença[v]**. O cálculo de **VA** é demonstrado na Fórmula 4.5.

Fórmula 4.5 – Fórmula que representa a variável ambiente

O cálculo de **Proj_D** é baseado no raciocínio de que o valor futuro pode ser projetado como sendo o **UV** mais uma diferença. Por exemplo, o valor de junho de 1993, será o valor de maio de 1993 mais uma diferença. Esta diferença é representada por **Proj_D** em relação a **diferença[v]**, como demonstrado na figura 4.6.

O objetivo deste cálculo é chegar nesta diferença para o cálculo de ambiente, para que o valor da projeção seja um pouco mais preciso. Portanto todo o procedimento de cálculo feito em **individuo[n]** para encontrar **Proj_V** é repetido para **diferença[v]** para encontrar **Proj_D**. **Dif_Sel[m]** é onde estão os valores das diferenças dos mês a ser calculado dos anos anteriores. Este procedimento está demonstrado na tabela 4.2.

Tabela 4.2 – Cálculo da projeção das diferenças

Mês de Cálculo: Janeiro de 1992		
Média das diferenças MD	Valores dos meses de janeiro referentes aos anos anteriores – Dif_Sel[m]	Diferença MD – Dif_Sel[m]
9,29	4,33	4,96
	5,11	4,18
	10,81	1,51
	3,06	6,23
	5,18	4,11
	7,87	1,42
	4,03	5,26
	8,29	1,00
	4,34	4,95
	1,21	8,08
	2,56	6,73
	19,18	9,88
		5,5033(*)

* Valor que representa a raiz média quadrática das diferenças dos meses de cálculo **DMD**.

O mês de cálculo para as diferenças, no exemplo dado, passa a ser janeiro, porque as diferenças são sempre em relação aos meses anteriores.

Portanto, para se chegar ao valor de **Proj_D**, primeiramente é calculado **MD**, baseado em **diferença[v]**, conforme fórmula 4.6.

$$MD = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^v \text{Diferença [k]}^2}{v}}$$

Fórmula 4.6 – Cálculo de MD

Onde **v** é o tamanho do vetor de diferenças. Para o cálculo de **DMD**, referenciado na tabela 4.2, a sistemática é bastante semelhante ao apresentado para **DMV**. A fórmula 4.7 representa este cálculo.

$$DMD = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^m (\text{MD} - \text{Dif_Sel}[j])^2}{m}}$$

Fórmula 4.7 – Cálculo de DMV

Onde **MD** representa a média das diferenças, **Dif_Sel[j]** representa o vetor de diferenças do mês de cálculo e **m** é o tamanho do vetor. Pode-se agora, calcular **Proj_D** através da fórmula 4.8 apresentada abaixo.

$$\text{Proj}_D = \text{MD} - \text{DMD}$$

Fórmula 4.8 – Projeção da diferença estimada

Neste ponto existe uma particularidade. É possível que em alguns casos **DMD** seja um valor maior que **MD**. Isto acontece quando os valores de **Mês_Sel[m]** oscilam fora da normalidade, devido ao fato deste ser um mês anômalo. Quando isto acontece **Proj_D** assume o valor de **MD**.

Finalmente, o valor projetado para o ambiente **AV**, é a soma de **Proj_V** com **Proj_D**, fórmula 4.5.

Portanto a variável ambiente para onde a população irá se modelar está calculada, o valor de ajuste dos indivíduos serão baseados nesta variável, acontecendo todas as etapas referentes a uma geração como expostas anteriormente.

Para a geração seguinte este cálculo é refeito, pois para cada geração mudam os fenótipos da população. Para todos os cálculos apresentados, permanecem sem alteração apenas os valores de **Mês_Sel[m]** e os referentes à **Diferença[v]**, porque estes se referem ao ciclo da série temporal o qual está se projetando.

4.6. Etapas do Funcionamento

Após a exposição detalhada das principais etapas de implementação, será exposto como estas etapas funcionam logicamente.

Passo 1: Primeiramente o algoritmo lê a base de dados da série temporal inicializando a população (**indivíduo[n]**).

Passo 2: É feito o cálculo do meio ambiente **VA**, e para onde os indivíduos tenderão a se modelar.

Passo 3: É calculado o ajuste de cada indivíduo **Ajuste[n]** em relação a **VA** através da fórmula 4.1.

Passo 4: Os indivíduos, agora ocuparão seus lugares na roleta para o sorteio dos casais que serão os progenitores da próxima geração, gerando sempre um casal de filhos. Esta etapa foi ilustrada nas figuras 4.2 e 4.3.

Passo 5: Estando definidos os casais para reprodução, estes passam por uma etapa de conversão. Isto significa que o fenótipo do indivíduo passa a ser representado por um valor binário (o seu genótipo). Há na realidade uma conversão do valor decimal para binário. O indivíduo passa a ser representado pelo seu genótipo, como ilustrado na figura 4.1.

Passo 6: É executado o crossover, gerando sempre um casal de filhos. O cruzamento é feito utilizando-se a técnica de *one point crossover* (cruzamento de um ponto unidimensional) como ilustrado na figura 3.6.

Passo 7: A etapa seguinte, é a transformação destes genótipos novamente em seus respectivos fenótipos. É feita a conversão contrária, transformando os valores binários em decimais.

Passo 8: Os filhos passam a ocupar o lugar dos pais com a utilização da técnica de deleção dos pais, onde os filhos ocupam suas posições, sendo estes excluídos.

Com isto, encerra-se o ciclo de uma geração, o algoritmo agora possui uma nova população que é diferente da população inicial e que está um pouco mais adaptada ao ambiente que a população anterior.

Para a geração seguinte o ciclo se repete a partir do passo 2. Isto é feito até que a última geração seja executada. No final, o indivíduo desta população que possuir o melhor ajuste será apresentado como o resultado a ser predito.

5. COMPARAÇÃO DE RESULTADOS

Neste capítulo serão apresentados os resultados obtidos em duas formas de predição: um passo à frente e sete passos à frente. Estes resultados serão comparados aos valores das observações originais, isto para que seja possível obterem-se os erros cometidos nos prognósticos realizados.

A validação será feita com a comparação entre os resultados obtidos pelo método econométrico UCM, pelos resultados obtidos com RNAs e com os prognósticos estabelecidos por Algoritmos Genéticos. Esta comparação será feita para as mesmas predições. A comparação final será apresentada em gráficos contendo os prognósticos e as medidas de erros.

Esta série do índice mensal da produção industrial do Rio Grande do Sul, não é uma série clássica já estudada por muitos especialistas na área de predição de séries temporais, sua principal característica é que seus valores oscilam de forma bastante acentuada, tornando difícil a predição de valores futuros.

O propósito em escolher esta série, foi de provar que os métodos apresentados neste trabalho, inclusive AGs, podem ser utilizados com eficácia para qualquer série, desde que esta apresente as condições mínimas para análise.

Os sistemas preditivos, como dito no capítulo 2, são utilizados para análise e determinação de resultados em condições futuras; o valor predito deve possuir o menor erro possível em relação ao valor real. Muitos destes sistemas são utilizados no mercado financeiro, predição do tempo, controle de estoques e em qualquer instância onde se emprega o uso de séries temporais. Neste trabalho foi desenvolvido um projeto utilizando o paradigma de algoritmos genéticos para predizer resultados em função do tempo, provando sua viabilidade de uso também nesta área.

Como dito anteriormente, está-se utilizando uma série temporal que possibilite a comparação do poder preditivo de AG com outras técnicas. Neste intuito, utilizou-se os mesmos dados mostrados em (FERNANDES 1995). Escolhendo-se para comparação os dados de predição gerados para os meses de janeiro a julho de 1993.

A figura 5.1 é a representação gráfica da série apresentada neste trabalho, sendo composta por um total de 189 observações que iniciam no mês de janeiro de 1981 e terminam no mês de setembro de 1996.

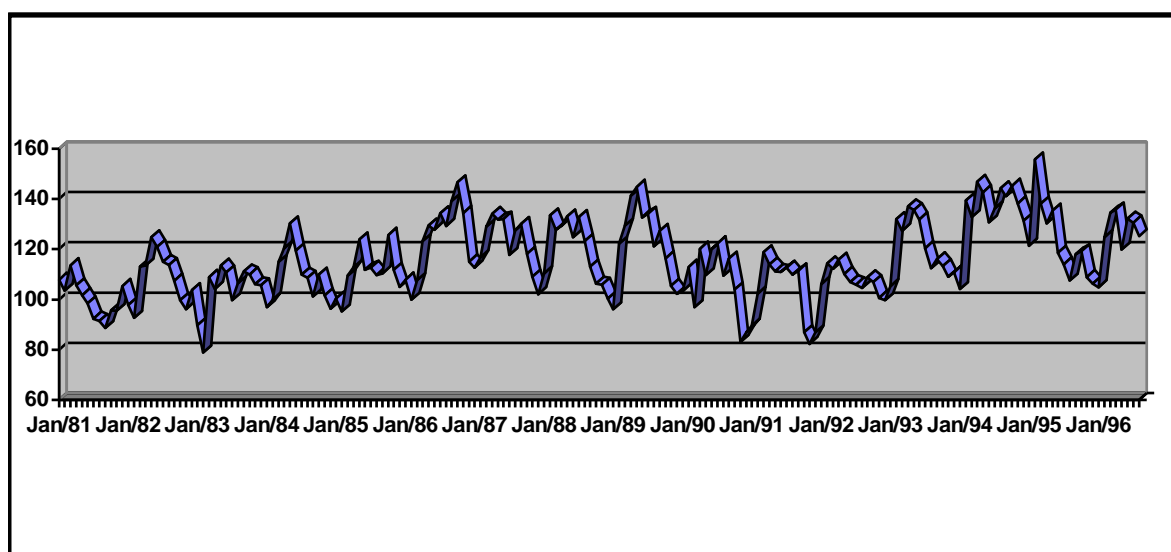


Figura 5.1 - Gráfico da Série de Produção Industrial do Rio Grande do Sul

Como é possível observar na figura acima, esta é uma série bastante irregular, que possui um alto grau de dificuldade para predição, e este foi o motivo maior da escolha desta série para validação dos resultados utilizados por Algoritmos Genéticos.

Os prognósticos apresentados abaixo são o resultado do método UCM e foram realizados de duas formas: um passo à frente e sete passos à frente. Ambas as predições apresentam o mês de março como o mês mais problemático devido a este ser um mês cujo índice apresenta uma alta taxa de modificação.

TABELA 5.1 – Resultados do método UCM

Período	Real	Um Passo à frente	Erro Percentual	Sete Passos à frente	Erro Percentual
Jan. 93	99,70	98,69	1,01 %	98,69	1,01 %
Fev. 93	105,33	104,10	1,15 %	103,39	1,84 %
Mar. 93	131,95	118,04	10,54 %	116,27	11,88 %
Abr. 93	127,39	129,24	1,46 %	117,91	7,44 %
Mai. 93	136,98	134,46	1,84 %	123,77	9,65 %
Jun. 93	135,56	131,39	3,07 %	119,63	11,75 %
Jul. 93	131,84	131,68	0,12 %	117,13	11,16 %

Ao analisar a tabela 5.1 verifica-se que o método UCM consegue bons resultados para as projeções um passo à frente, mas não consegue se recuperar do erro ocorrido no prognóstico do mês de março na predição sete passos a frente.

Para os valores preditos em um passo à frente, o método UCM conseguiu ajustar seus prognósticos ao substancial aumento da produção industrial após o mês de março, tornando a obter erros baixos nos meses subsequentes. Isto se deve a característica

adicionada ao método com a reincorporação do erro cometido no último prognóstico pelo Filtro de Kalman, apresentados no capítulo 2.

A baixo são mostrados os resultados obtidos para esta série utilizando Redes Neurais Artificiais, os resultados são comparados com os valores reais e o percentual de erros é apresentado em módulo, não importando se é positivo ou negativo.

Tabela 5.2 – Resultados de RNAs

Período	Real	Um Passo à frente	Erro Percentual	Sete Passos à frente	Erro Percentual
Jan. 93	99,70	98,76	0,95 %	98,76	0,95 %
Fev. 93	105,33	100,05	5,27 %	103,12	2,14 %
Mar. 93	131,95	113,73	16,02 %	124,95	5,60 %
Abr. 93	127,39	126,49	0,71 %	134,56	5,33 %
Mai. 93	136,98	134,03	2,20 %	137,40	0,30 %
Jun. 93	135,56	129,74	4,48 %	139,50	2,82 %
Jul. 93	131,84	127,79	3,16 %	131,67	0,13 %

Observando-se a tabela 5.2, é possível perceber que a rede apresentou dificuldade em prever o mês de março, devido a sua grande oscilação de valores. Percebe-se também que a rede apresentou excelente capacidade de recuperação, pois a rede tornou a realizar prognósticos confiáveis.

Serão apresentados agora os resultados obtidos utilizando-se o paradigma de Algoritmos Genéticos. Os resultados obtidos na tabela 5.3 foram conseguidos com uma taxa de mutação de **dez por cento**.

Tabela 5.3 – Resultados obtidos com Algoritmos Genéticos

Período	Real	Um Passo à frente	Erro Percentual	Sete Passos à frente	Erro Percentual
Jan. 93	99,70	100,94	1,24 %	105,50	5,82 %
Fev. 93	105,33	101,26	3,86 %	104,06	1,21 %
Mar. 93	131,95	140,32	6,34 %	150,75	14,25 %
Abr. 93	127,39	132,28	3,84 %	140,51	10,30 %
Mai. 93	136,98	136,14	0,62 %	138,21	0,90 %
Jun. 93	135,56	132,52	2,24 %	136,81	0,92 %
Jul. 93	131,84	127,02	3,66 %	134,41	1,95 %

Através dos resultados obtidos por Algoritmos Genéticos, observa-se que os prognósticos obtidos estão mais estáveis que as realizadas tanto por Redes Neurais quanto pelo método UCM, para as predições de um passo à frente, mas para os valores projetados sete passos à frente os resultados das Redes Neurais são mais estáveis que os outros dois métodos.

A seguir será feita a comparação dos resultados obtidos pelos métodos UCM, RNA e Algoritmos Genéticos para as previsões realizadas, assim como uma análise das medidas de erro para encontrar o método que apresentou o menor erro nos prognósticos realizados.

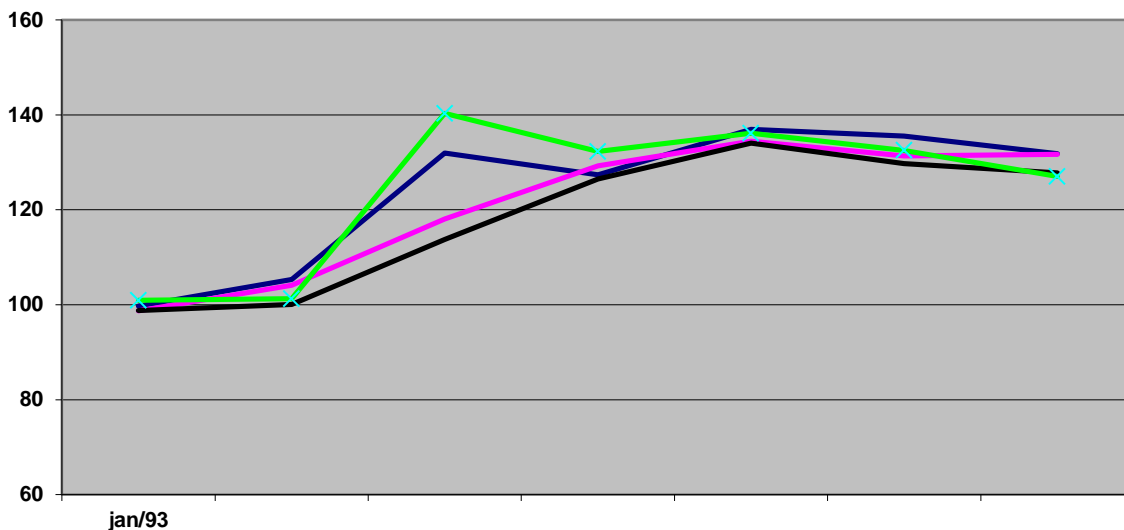


Figura 5.2 – UCM x RNA x AG: um passo à frente

Através do gráfico 5.2, pode-se notar que o método UCM, de maneira geral manteve-se mais próximo da curva de valores reais. Demonstrando com isso, um melhor desempenho geral, obtendo por duas vezes o melhor prognóstico, e por cinco vezes o segundo melhor resultado. Na curva de valores das Redes Neurais, ela aparece por duas vezes com o melhor prognóstico e uma vez com o segundo melhor. Já a linha de previsões apresentada por Algoritmos Genéticos aparece no gráfico acima com três, das sete previsões com os melhores prognósticos, e uma vez com o segundo melhor prognóstico. Esta comparação de posicionamento pode ser conferida na tela abaixo.

Tabela 5.4 – Comparação das posições para um passo à frente

Meses projetados	Métodos Utilizados		
	UCM	RNAs	Ags
Janeiro /93	2 ^o	1 ^o	3 ^o
Fevereiro /93	1 ^o	3 ^o	2 ^o
Março /93	2 ^o	3 ^o	1 ^o
Abril /93	2 ^o	1 ^o	3 ^o
Mai /93	2 ^o	3 ^o	1 ^o
Junho /93	2 ^o	3 ^o	1 ^o
Julho /93	1 ^o	2 ^o	3 ^o

Analisando-se agora as projeções sete passos à frente podemos observar que as posições se alteram, as redes neurais conseguem realizar prognósticos mais próximos da

curva dos valores reais na maioria das projeções, conforme podemos observar na figura 5.3.

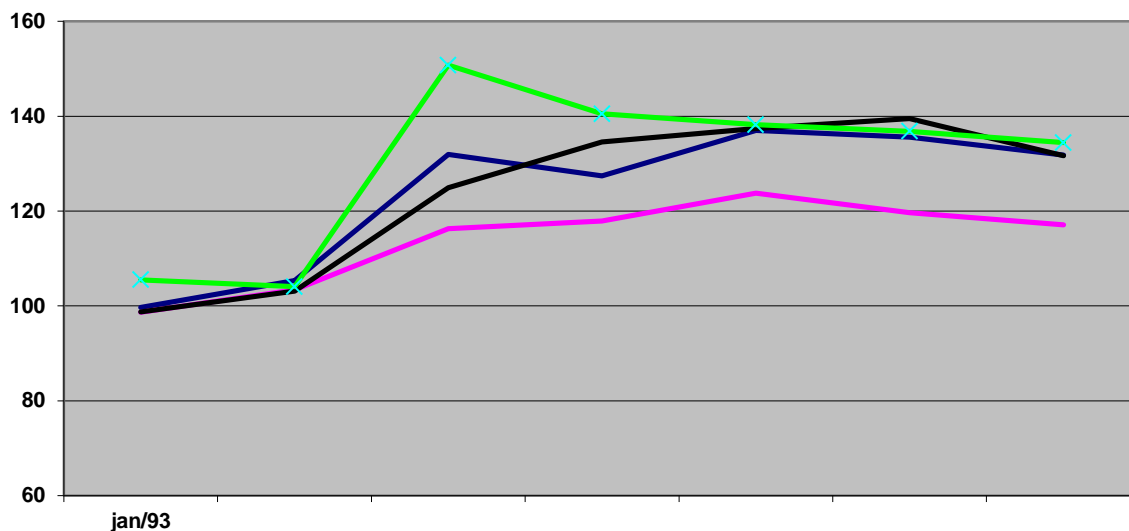


Figura 5.3 – UCM x RNA x AG: sete passos à frente

O método UCM não consegue fazer nenhuma previsão que seja melhor que os outros dois modelos, mas consegue por quatro vezes a segunda melhor previsão dos testes. As redes neurais conseguem valores mais próximos dos reais por cinco, dos sete meses utilizados nos testes, e uma das suas previsões ocupando o segundo melhor resultado. Os Algoritmos Genéticos conseguem por duas vezes prever os melhores resultados, e também por duas vezes o segundo melhor resultado. As posições de 1º, 2º e 3º lugares para os resultados apresentados, podem ser visualizadas na tabela abaixo.

TABELA 5.5 – Comparação das posições para sete passos à frente

Meses projetados	Métodos Utilizados		
	UCM	RNAs	Ags
Janeiro /93	2º	1º	3º
Fevereiro /93	2º	3º	1º
Março /93	2º	1º	3º
Abril /93	2º	1º	3º
Mai /93	3º	1º	2º
Junho /93	3º	2º	1º
Julho /93	3º	1º	2º

Os resultados apresentados sobre algoritmos genéticos foram extraídos 184 testes que serviram como base para a análise de resultados variando-se o percentual de elitismo e a taxa de mutação. Uma parte destes resultados é apresentada a seguir.

Em cada teste houve uma parametrização específica para as taxas de mutação e de elitismo.

O percentual de elitismo indica o número de indicativos da população inicial que irão permanecer para a geração seguinte. Por exemplo, em uma população de 100 indivíduos, um percentual de 10 por cento significa que dez indivíduos com melhor ajuste irão permanecer com seus fenótipos iguais para a geração seguinte.

O percentual de mutação faz parte de cada gene que compõe o genótipo de um indivíduo, e indica a probabilidade de neste gene ocorrer uma mutação. É gerado para cada gene do cromossomo, um valor de três casas após a vírgula, entre 0 e 1 como mostrado no capítulo 3. É gerado também, para cada gene outro valor aleatório de três casas após a vírgula, entre 0 e 1 que indica a probabilidade deste gene de sofrer ou não mutação. Caso este número aleatório seja menor que a taxa de mutação especificada, então neste gene irá ocorrer mutação.

Foram feitos 195 testes para saber quando o algoritmo deveria ser interrompido e apresentado o resultado da predição, isto é, quantas gerações seriam necessárias até obter-se o resultado da predição para esta base de dados. Foram utilizadas 1000 gerações para cada uma das predições, mas observou-se que 50 gerações são suficientes para o algoritmo estabilizar e gerar os resultados apresentados. Portanto, apesar de ter tido mil gerações os gráficos apresentados possuem apenas 50, pois a partir deste, há uma variação muito pequena no resultado que pode ser desprezada.

Para uma taxa de mutação igual a zero, foram feitas 50 gerações variando apenas a taxa de elitismo. A sequência de gráficos abaixo demonstra como ficaram os resultados.

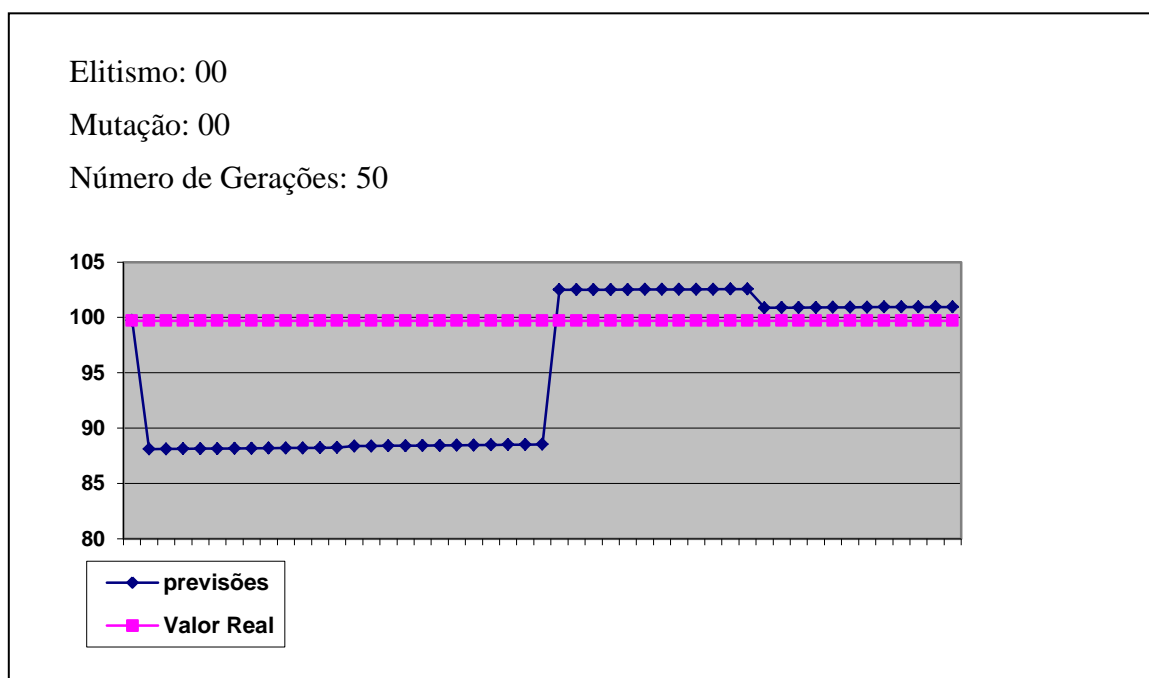


Figura 5.4 – Resultados para Elitismo 0% e Mutaç o 0%

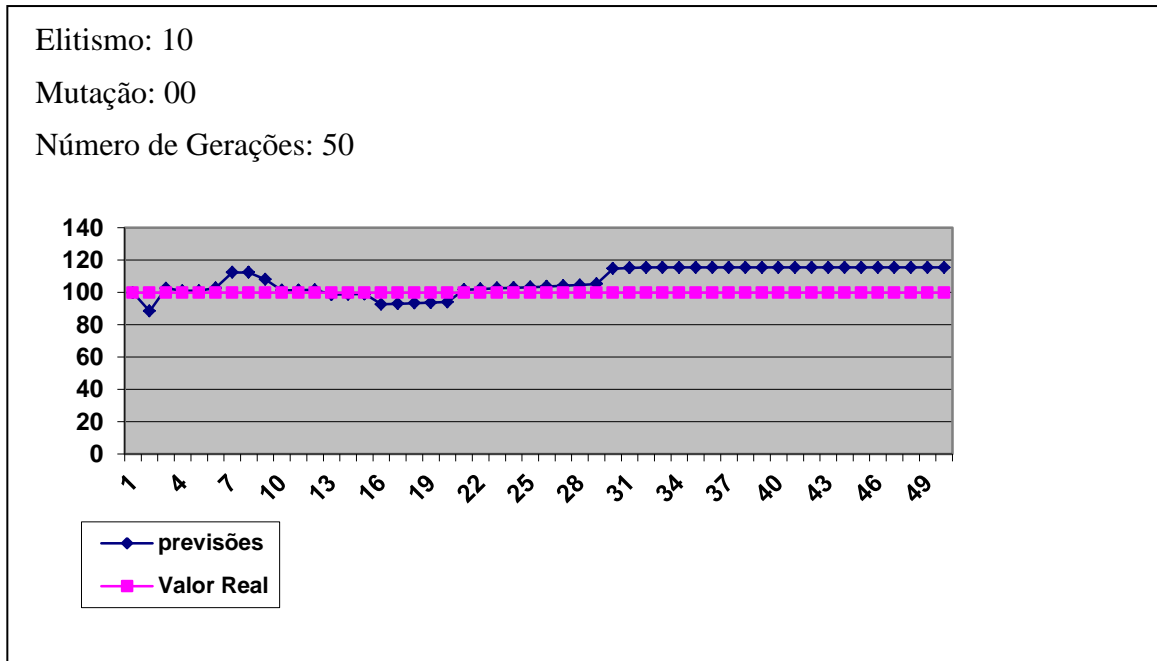


Figura 5.5 – Resultados para Elitismo 10% e Mutação 0%

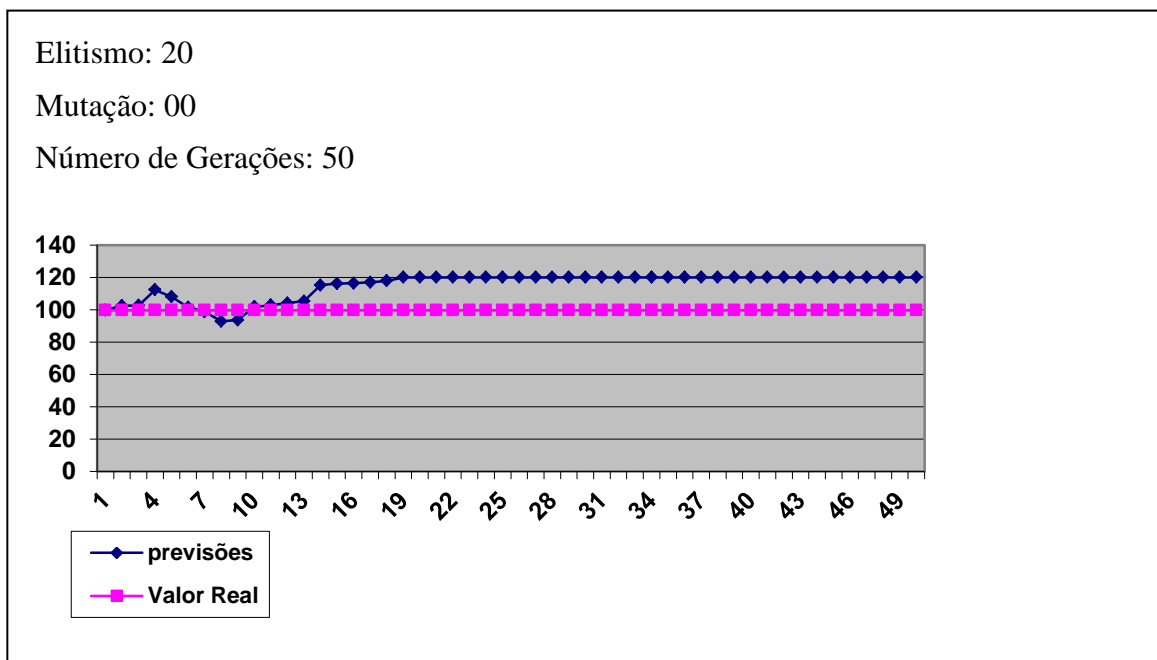


Figura 5.6 – Resultados para Elitismo 20% e Mutação 0%

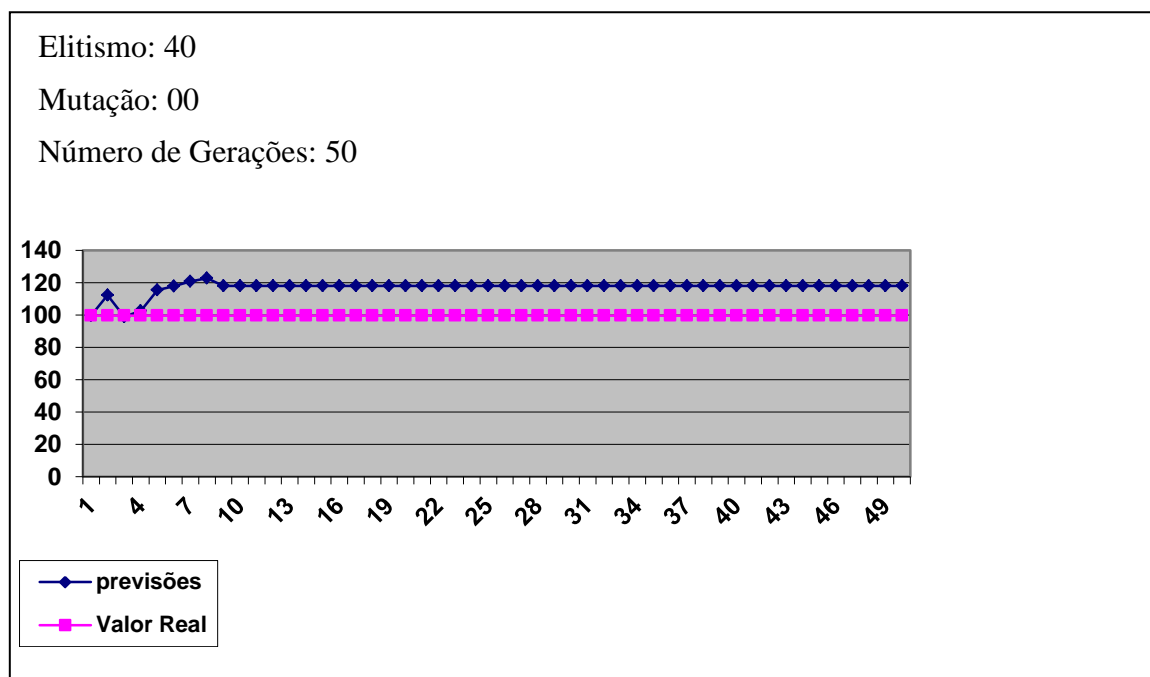


Figura 5.7 – Resultados para Elitismo 40% e Mutaç o 0%

Esta seq ncia de gr ficos demonstra que quanto mais alta for a taxa de elitismo, mais r pido o algoritmo estabiliza, mas ao contr rio do que se deseja, pior   o resultado apresentado. Isto se deve ao fato dos indiv duos, que permanecem para a geraç o seguinte, forçam o c lculo de ambiente para que este afaste a populaç o da modelagem certa do problema.

Novos testes foram realizados mudando-se a taxa de mutaç o para 10%, permanecendo o n mero de geraç es em 50 e variando-se apenas a taxa de elitismo. Os pr ximos 2 gr ficos demonstram como ficaram os resultados.

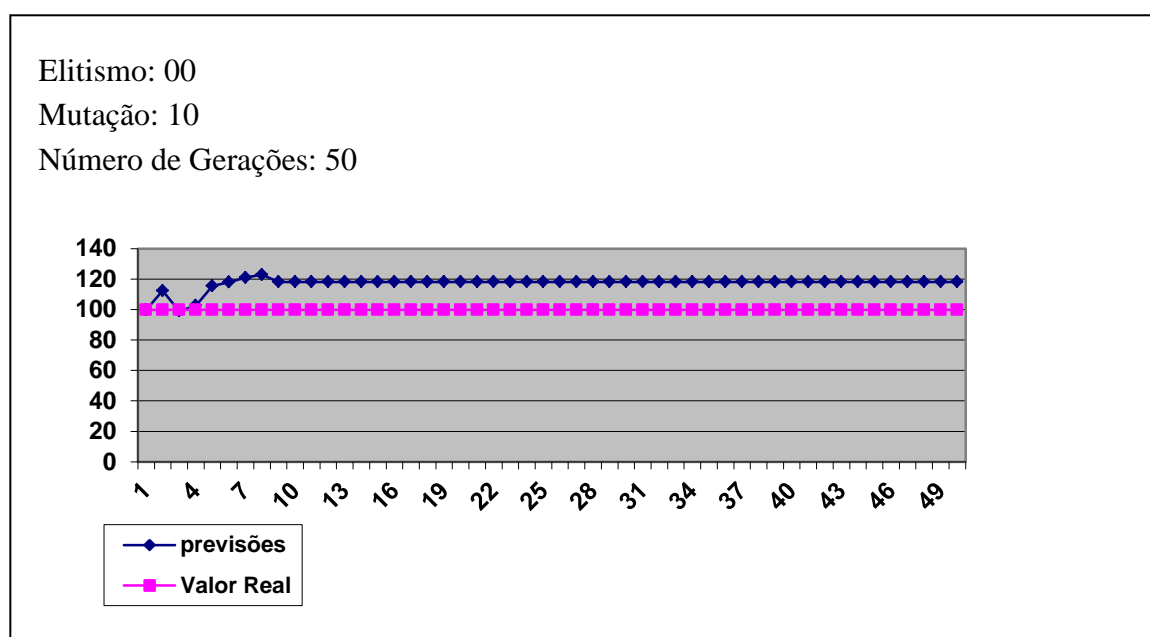


Figura 5.8 – Resultados para Elitismo 0% e Mutaç o 10%

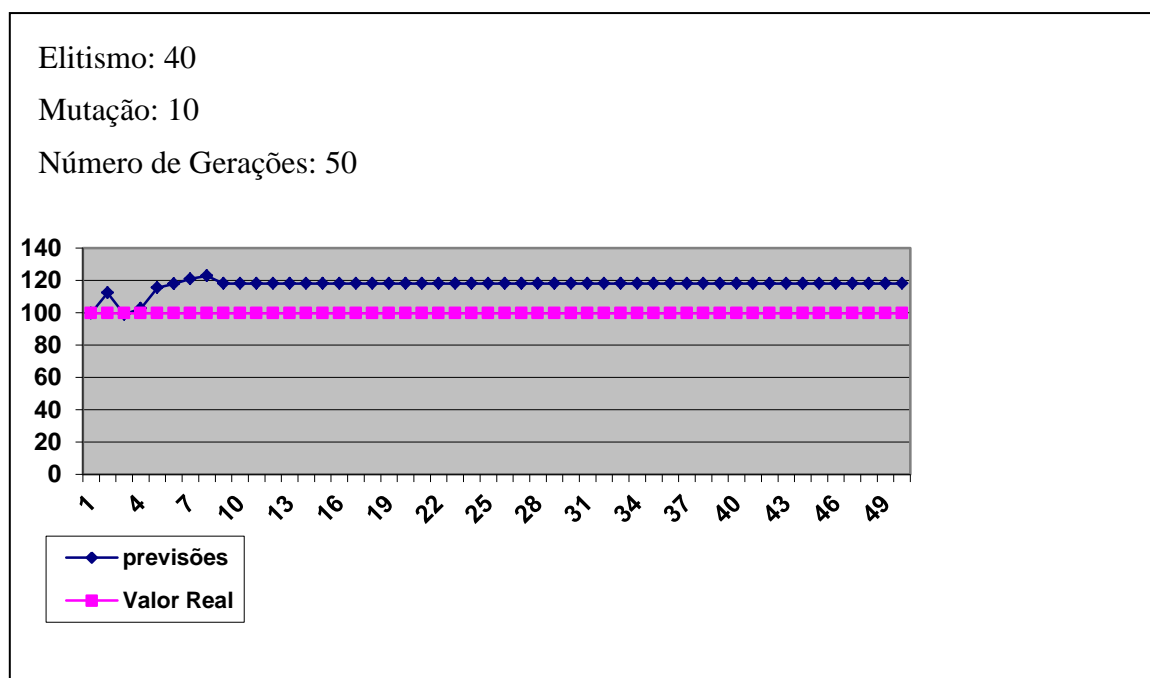


Figura 5.9 – Resultados para Elitismo 40% e Mutação 10%

Após a geração de número 50, os valores permanecem constantes ou com variações pouco significativas.

Observou-se que os melhores resultados foram obtidos com uma taxa de elitismo de 0%. Variando-se esta taxa em até 3%, os valores permanecem aceitáveis, com pequena variação no resultado final.

Pode-se observar nos dois gráficos anteriores, com percentuais de elitismo diferentes, que quanto maior o grau de elitismo mais afastam-se os resultados do valor real, mesmo com uma taxa de mutação maior, confirmando a sequência de testes realizados anteriormente.

Outro fato importante observado foi que a taxa de mutação também tem o seu limite, pois valores altos também afastam o resultado final do prognóstico real. Isto é demonstrado na figura 5.10.

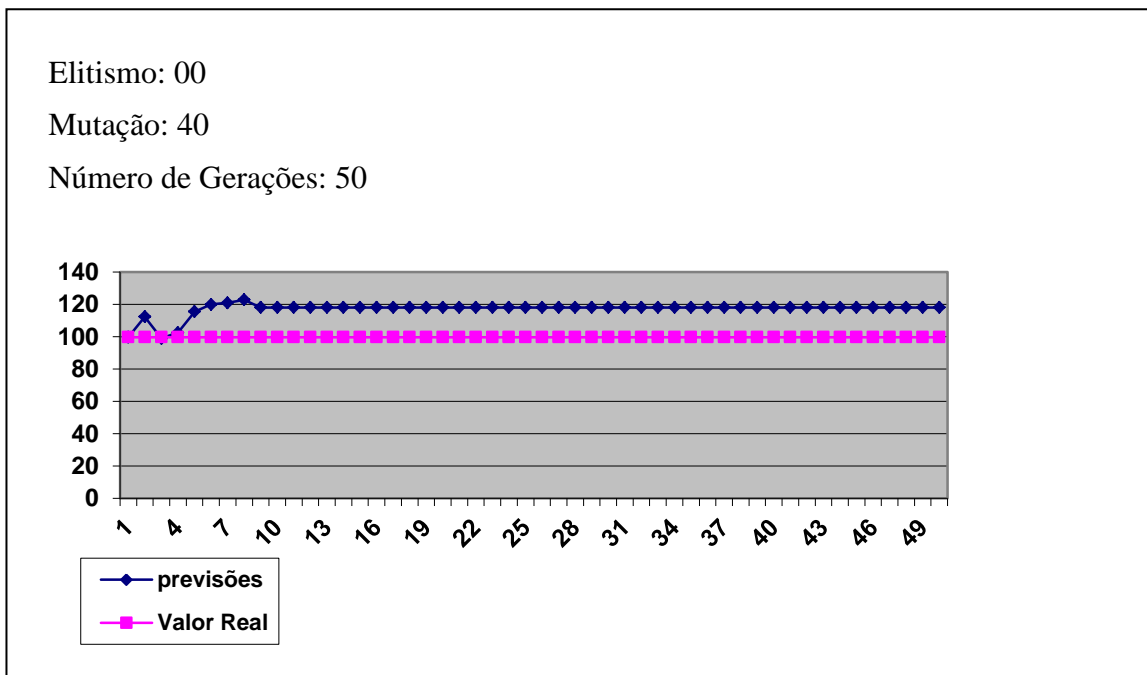


Figura 5.10 – Resultados para Elitismo 0% e Mutação 40%

Os valores referentes às gerações acima de 50 até 1000 permanecem iguais.

A figura 5.10 é apenas um exemplo para demonstrar esta conclusão, pois foram realizados 17 testes, variando-se apenas a taxa de mutação, para cada um dos percentuais de elitismo (entre 0 e 20%), em um total de 76 testes.

Este afastamento ocorre porque quando a mutação é elevada, acabam criando-se muitos indivíduos na população cujos valores não correspondem mais a normalidade. Em outras palavras, a alta taxa de mutação leva a muitos indivíduos “mutantes”, e quando o número de mutantes é elevado demais, acabam influenciando a projeção do ambiente para as próximas gerações, com isto desviando a predição para valores que se afastam do real.

6. CONCLUSÃO

O estudo da composição do código genético e o interesse para conhecer em detalhes seu funcionamento deu origem a um modelo matemático chamado Algoritmo Genético (AG). Os AGs, embora muito distantes ainda do modelo natural, vem demonstrando ter um grande potencial para solucionar problemas de otimização, classificação e adaptação, como por exemplo, os algoritmos de pesquisa para predição de séries temporais.

O objetivo inicial deste trabalho foi o desenvolvimento de um sistema baseado no paradigma de algoritmos genéticos para comprovar que estes seriam capazes de realizar prognósticos confiáveis de valores futuros de séries temporais.

O passo inicial foi a definição da forma de modelar um sistema de série temporal que pudesse representar o problema sem descaracterizá-lo, mantendo suas principais características de tendência, sazonalidade e cíclica, inerentes a séries temporais.

Uma das grandes dificuldades encontradas foi transformar um sistema evolutivo como algoritmos genéticos em um sistema preditivo. Uma vez que os AGs são caracterizados como algoritmos adaptativos.

Na realidade, Algoritmos Genéticos não fornecem apenas um resultado, mas sim um conjunto de possíveis soluções para o problema apresentado. Apesar dos resultados obtidos serem bons, quando comparados aos outros dois métodos expostos, não significa que estes sejam os melhores. Foi observado que na última população existiam indivíduos que não foram escolhidos como a melhor solução, mas que estariam bem mais próximos do valor real. A tabela 6.1 demonstra esta situação.

TABELA 6.1 – Indivíduo não escolhido

Valor Real	Valor do AG	Valor do Indivíduo não escolhido
99,70	100,95	99,85

Isto acontece não só porque VA é projetado como estimativa, incorporando sempre um percentual de erro. Acontece, principalmente porque este problema faz parte das características de um sistema preditivo.

No panorama de Predição de Séries Temporais destacam-se os modelos estruturais clássicos, conhecidos normalmente por Unobservable Components Models (UCM). Naturalmente, existem outros modelos de predição como por exemplo, o modelo ARIMA (Auto Regressive Integrate Moving Average), mas como este modelo não permite aprendizado através de erros ele foi desconsiderado (FERNANDES 1995).

Este trabalho não possui a pretensão de estabelecer que Algoritmos Genéticos, ou mais especificamente a forma de implementação utilizada, apresente-se como o melhor método de realização de prognósticos de valores futuros, porque o trabalho realizado não pode ser considerado abrangente o suficiente para tal afirmação.

Porém, pelo que foi apresentado é possível dizer que este paradigma pode ser considerado como uma ferramenta de grande utilidade para realização de predições de séries temporais, pois são capazes de realizar prognósticos com o mesmo nível de predição que um dos métodos estatísticos mais respeitados como o UCM, e também com níveis bastante interessantes ao ser comparado com os resultados de um dos modelos de rede neural mais respeitado, e que possui uma base de aplicação cada vez mais sólida que é o modelo de Perceptron Multicamadas com Retropropagação de Erros.

Uma sugestão que poderá ser estudada em futuros trabalhos, seria a utilização deste paradigma em outras séries para que este pudesse se afirmar como uma maneira eficiente de predição, pois as séries possuem características diferenciadas que as tornam, de certa forma, únicas para cada problema. Outra sugestão é a hibridização deste paradigma, utilizando suas características adaptativas, com outras técnicas, tais como Redes Neurais, Lógica Fuzzy, ou ainda, com os métodos preditivos estatísticos, buscando o melhor aproveitamento de cada um dos paradigmas.

REFERÊNCIAS

AUSTIN, Scott. An Introduction to Genetic Algorithms. **AI Expert**, San Francisco, v.5, n 3, p. 48-53, mar. 1990.

ABELÉM, A. J.; PACHECO, M. A. C.; VELLASCO, M. B. R.; BRITO, O. F. G. Modelagem de Redes Neurais Artificiais para Previsão de Séries Temporais. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE REDES NEURAIAS, 2.; ESCOLA DE REDES NEURAIAS, 3., 1995a, Curitiba, **Anais...** [S.I.: Conselho Nacional de Redes Neurais: Sociedade Brasileira de Redes Neurais], [1995?].

ABELÉM, A. J.; PACHECO, M. A. C.; VELLASCO M. B. R.; BRITO, O. F. G. Previsão de Séries Temporais Financeiras por Redes Neurais. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE REDES NEURAIAS, 2.; ESCOLA DE REDES NEURAIAS, 3., 1995b, Curitiba. **Anais...** [S.I.: Conselho Nacional de Redes Neurais: Sociedade Brasileira de Redes Neurais], [1995?].

AZOFF, E. M. Reducing Error in Neural Network Time Series Forecasting. **Neural Computing & Applications**, Londres, v.1, n.4, p.240-247, 1993. Disponível em: <<http://link.springer.com/article/10.1007/BF02098741?null>>. Acesso em: 5 mar. 2012.

BARONE, D. A. C.; NEWTON C. K. B.; JOELSON C.; ANDRÉ M. S.: Speed Evaluation of a Genetic Algorithm for Mobile Robots Trajectory Control, In: CONGRESS OF BRAZILIAN COMPUTER SOCIETY. 17.; WORKSHOP ON INTELIGENT ROBOTICS. WRI 1997, Brasília. **Proceedings...** [S.I.: s.n.], 1997. p. 176-182.

BEN J.; LIU, C. Studies on the Evolution of Market and Customer Behavior. **IEEE Intelligent Computer on Systems Magazine**. China, p.220-225. 1996.

BOX, G. E.; JECKINS, G. M.; REINSEL, G. C. **Times Series Analysis: Forecasting and Control**, San Francisco: Holden-Day, 1976. 553p.

BRILL, F.; BROWN, D.; MARTIN, W. Fast Genetic Selection of Features for Neural Network Classifiers. **IEEE Transaction on Neural Networks**, Virginia. v.3., n.2., p.324-328, mar. 1992.

CHAKRBORTY, K. et al. Forecasting the Behavior of Multivariate Times Series Using Neural Networks. **Neural Networks**, E.U.A., n.5, p.961-970, 1992.

DAVIS, Lawrence. **Handbook of Genetic Algorithms**. New York, Van Nostrand Reinhold, 1991. 385p.

FAHLMAN S. E., LEBIERE C. **The Cascade-Correlation Learning Architecture**. Carnegie Mellon, Technical Report, CMU-CS-90-100, Pittsburgh, 1990.

FERNANDES L. G.; PORTUGAL, M. S.; NAVAU, P. Um Estudo Experimental do Poder Preditivo das Redes Neurais Artificiais Comparando a Métodos Econométricos Tradicionais. In: I SIMPÓSIO BRASILEIRO DE REDES NEURAI, 1994. Minas Gerais. **Anais...** p.139-144.

FERNANDES L. G. **Utilização de Redes Neurais na Análise e Previsão de Séries Temporais**, Dissertação (Mestrado em Computação) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre. 1995. Disponível em <<http://www.lume.ufrgs.br/handle/10183/25774>>. Acesso em: 08 oct. 2012.

FOGEL, D. B. An Introduction to Simulated Evolutionary Optimization. **IEEE Transaction on Neural Networks**, V. 5., n.1., p.1-11, jan. 1994.

GALLAN, S. I. Three Constructive Algorithms for Neural Learning. In: 8th ANNUAL CONFERENCE OF COGNITIVE SCIENCE SOC. **Proceedings...** [S.I.:s.n.], 1986.

GOLDBERG, D. E. **Genetic Algorithms**. Van Nostrand Reinhold, New York. [s.n.]. 1991.

GRUFENSTETTE, J. Optimization of Control Parameters for Genetic Algorithms. In: IEEE TRANSACTIONS ON SYSTEMS, MAN, AND CYBERNETICS. Vol. SMC-16(1) n.1. p. 122-128. 1986.

GRUTINSKI, G. Important Factors in Neural Networks' Forecasts of Gold Future Price. In: NEURAL NETWORK IN CAPITAL MARKETS, 1. Londres, **Anais...** [S.I.:London Business School]. nov. 1993. p.18-19. 1993.

HANSEN, L. K.; LARSEN, J.; FOG, L. T. Training and Evaluation of Neural Networks for Multi-Variate Times Series Processing. In: IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEURAL NETWORKS, Australia, **Proceedings...** Nov. 27-dec. 1. 1995.

HARSON, P. J.; STEVENS, C. F. A Bayesian Approach to Short Term Forecasting. **Operational Research Quarterly**. vol. 22. pgs. 341-362. 1971.

HARVEY, A. C. A Unified View of Statistical Forecasting Procedures. **Journal of Forecasting**. London. vol.3. pgs. 245-283. 1984.

HARVEY, A. C. Applications of the Kalman Filter in Econometrics. In: T. F. Bewley (ed) **Advances in Econometrics** – fifth World Congress. vol 1. Cambridge University Press, Cambridge. 1987. P. 285-312.

HARVEY, A. C. **Forecasting Structural Time Series Models and the Kalman Filter.** Cambridge University Press, Cambridge. 1989. 556p.

HOPTROFF, R. G. The principles and practice of time series forecasting and business modelling using neural nets. **Neural Computing & Applications Journal.** Londres, n.1, p59-66, 1993.

HOLLAND, J. **Adaptation in Neural and Artificial Systems.** Ann Arbor: Univ. of Michigan Press. Michigan. 1975. 183p.

KALMAN, R. P. A New Approach to Linear Filtering and Prediction Problems. **Journal of Basic Engineering.** Transaction of the ASME, n.82 (Series D). pgs. 35-45. 1960.

KENNEDY, S. A., Five Ways to Smarter Genetic Algorithm. **AI Expert**, p. 35-40, dez. 1993.

KIMOTO, T. et al, Stock Market Prediction with Modular Neural Networks. **Proceedings... IJCNN-90, San Diego, 1990.**

KINGDON, J. Neural nets for time series forecasting: criteria for performance with an application in gilt futures pricing. In: **NEURAL NETWORK IN CAPITAL MARKETS**, 1. 1993. Londres. **Anais...** [S.I.:Londres, London Business School]. 1993.

KOSKO, B. **Neural Networks and Fuzzy System: A Dynamical Approach to Machine Intelligence.** Englewood Cliffs: Prentice Hall. 1991. 449 p.

LANE, A. Genetic Cryptography. **AI Expert.** [S.I. s.n] p. 13-19, set. 1994.

MADDALA, G. S. **Introduction to Econometrics.** New York, Macmilan. 1988. 472p.

MANIEZZO, V. Genetic Evolution of the Topology and Weight Distribution of Neural Networks. **IEEE. Transactions on Neural Networks**, Vol. 5, No 1, p39-52, jan. 1994.

MARGARITA, S. Neural Networks, Genetic Algorithms and Stock Trading. In: **ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS.** (Ed) Kohonen, T.; Makisara K.; Simula, O. e Kangas; J. North-Holland: Elsevier Science Publishers B. V. 1991. p. 25-30.

MARQUES, I. S. **Algoritmos Genéticos em Predição de Séries Temporais.** 1996. 38 f. Trabalho Individual (Mestrado Ciência da Computação) – Instituto de Informática, UFRGS. Porto Alegre. 1996.

MARQUES, I. S. Utilização de Algoritmos Genéticos em Sistemas Preditivos. In: **SEMANA ACADÊMICA DO CPGCC. Anais...** Porto Alegre: CPGCC UFRGS, set. 9-13. p. 259-262.

MICHALEWICZ, Z. **Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs.** Springer. New York, Springer. 1996. 387 p.

MIGUEL, L. J.; REVILLA, E.; RODRIGUES, M. Application of Fuzzy Artmap Neural Network Architecture to Bank Failure Predictions. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS., Sitges. **Proceedings...**[S.I., s.n.]. mar. 1993. p. 720-725.

MORETTIN, P. A.; TOLOI, C. M. C. **Modelos para Previsão de Séries Temporais**. Rio de Janeiro. IMPA. 1981. 136.

MORETTIN, P. A.; MESQUITA, A. R.; ROCHA, J. G. C. Times Series Analysis: Theory and Practice 6. **Rainfall at Fortaleza in Brazil Revisited**, In: ANDERSON, O. D.; ROBINSON, E. A. and ORD, K. (eds). North Holland Amsterdam. Elsevier Science Ltd. 1985. 316 p.

NETO, J. S. Uma estrutura Fuzzy-Neural-Genética-Caótica para Predição da Tendência Global de Curto Prazo do Mercado de Ações. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE REDES NEURAIAS, 2. ESCOLA DE REDES NEURAIAS, 3. Curitiba, 29out – 01nov. **Proceedings...** [s.n.]. 1995.

PORTUGAL, M. S. Neural Networks Times Series: A Forecasting Exercise. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON FORECASTING, 14., **Stockholm School of Economics**, Stockolm, Weden, 1994.

RAMOS, A. R.M.; BARONE, Dante A.C.; **Aplicação de Algoritmo Genético no Controle da Trajetória de um Veículo**. 1994. 55 p. Trabalho Individual (Mestrado em Computação) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre. 1994.

RAMOS A. R. M. **Aplicação de Sistemas Híbridos em Problemas de Otimização**. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre 1996.

REFENES, A. N. Currency Exchange Rate Prediction and Neural Network Desing Strategies. **Neural computing & Applications Journal**. Londres, v.1, n.1, p.45-58, 1992.

RIBEIRO, F. J. L.; TRELEAVEN, P. C. Genetic Algorithm Programming Enviroments Computer. In: IEEE COMPUTER SOCIETY. v.27. p. 28-43. jul. 1994. London. **Proceedings...** [s.n.]. 1994.

ROCK, D.; HIRSH, J. GAs Breed with Aerospace?. **AI Expert**. v.8 n.12. p.29-34, dez. 1993.

SCHAFFER, J. D.; RICHARD A. C.; LARRY, J. E.; and RAJARSHI, D. A Study of Control Parameters Affecting Online Performance of Genetic Algorithms for Function Optimization. In: SHAFFER, J. D. (ed.), **Proceedings...** The Third International Conference on Genetic Algorithms. San Mateo, California, Morgan Kaufman Publishers. 1989. P. 51-60.

SOUZA, R. C. Modelos para Previsão de Séries Temporais, Abordagens Clássicas e Bayesiana. In: COLÓQUIO BRASILEIRO DE MATEMÁTICA, 17. Rio de Janeiro. **Proceedings...** CNPq e. IMPA. 1989.

SPIEGEL, M. R. **Estatística**. 3 ed. São Paulo. Makron Books. 1993.

SRINIVAS, M. PATNAIK, L. Genetic Algorithms: A Survey. **Computer**. [S.I.]. p.17-26, jun. 1994.

TANG, Z., et al. Time Series Forecasting Using Neural Network vs. Box-Jenkins Methodology. In: ARTIFICIAL NEURAL NETWORK: FORECASTING TIME SERIES. E.U.A. **Proceedings...** [S.I.], IEEE Press. p. 20-27, 1994.

TRELEAVEN, P. GOONATILAKE, S. Intelligent Financial Technologies. In: WORKSHOP ON EUROSTAT.; Workshop: Parallel Problem Solving from Nature: Application in Statistics and Economics. London, **Proceedings...** [S.I.]. 1992.

WIGGINS, R. A. Genetic Approach. **AI Expert**. [S.I. s.n.]. p. 28-35, mai. 1992.

WEIGEND, A. S.; HUBERMAN B. A.; RUMELHART D. E. Predicting the future: A Connectionist approach, In: INTERNATIONAL JOURNAL OF NEURAL SYSTEMS. **Proceedings...** Stanford University Technical Report Sanford-PDP-90-01. 1990.

WEST, M.; HARRISON, J. **Bayesian Forecasting and Dynamic Models**. New York. Springer Verlag. 1989.

ZEBULUM, R. S.; GUEDES, K.; PACHECO, M. A. C. e VELLASCO, M. M. B. R. **An Intelligent Load Forecasting System**. In: IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON ELECTRICITY SECTOR DEVELOPMENT AND DEMAND SIDE MANAGEMENT. **Proceedings...** ESDDSM95, Kuala Lumpur, Malásia, p. 96-103. nov. 1995.

