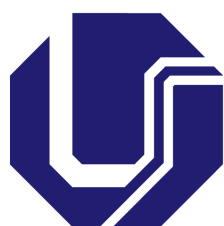

Algoritmo Genético Orientado à Desordem para a Otimização da Exploração de Ambientes por Enxames de Robôs

Gabriel Alcântara da Costa Batista



UFU

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO
BACHARELADO EM SISTEMAS DE INFORMAÇÃO

Uberlândia
2025

Gabriel Alcântara da Costa Batista

**Algoritmo Genético Orientado à Desordem para
a Otimização da Exploração de Ambientes por
Enxames de Robôs**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Faculdade de Computação da Universidade Fe-
deral de Uberlândia, como parte dos requisitos
exigidos para a obtenção do título de Bacharel
em Sistemas de Informação.

Área de concentração: Sistemas de Informação

Orientador: Dr. Claudiney Ramos Tinoco

Uberlândia
2025

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

B333 Batista, Gabriel Alcantara da Costa, 2000-
2025 Algoritmo Genético Orientado à Desordem para a Otimização da
Exploração de Ambientes por Enxames de Robôs [recurso
eletrônico] / Gabriel Alcantara da Costa Batista. - 2025.

Orientador: Claudiney Ramos Tinoco.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) - Universidade
Federal de Uberlândia, Graduação em Sistemas de Informação.

Modo de acesso: Internet.

Inclui bibliografia.

Inclui ilustrações.

1. Tecnologia da informação - Administração. I. Tinoco,
Claudiney Ramos, 1992-, (Orient.). II. Universidade Federal de
Uberlândia. Graduação em Sistemas de Informação. III. Título.

CDU: 658:681.3

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2:

Gizele Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091

Nelson Marcos Ferreira - CRB6/3074

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO
BACHARELADO EM SISTEMAS DE INFORMAÇÃO

Os abaixo assinados, por meio deste, certificam que leram e recomendam para a *Faculdade de Computação*, da *Universidade Federal de Uberlândia*, a aceitação da monografia intitulada “**Algoritmo Genético Orientado à Desordem para Otimização da Exploração de Ambientes por Enxames de Robôs**” por **Gabriel Alcântara da Costa Batista** como parte dos requisitos exigidos para a obtenção do título de **Bacharel em Sistemas de Informação**.

Uberlândia, 15 de maio de 2025

Orientador:

Prof. Dr. Claudiney Ramos Tinoco
Universidade Federal de Uberlândia (UFU)

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Luiz Gustavo Almeida Martins
Universidade Federal de Uberlândia (UFU)

Prof. Dra. Sara Luzia de Melo
Universidade Federal de Uberlândia (UFU)



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Faculdade de Computação

Av. João Naves de Ávila, nº 2121, Bloco 1A - Bairro Santa Mônica, Uberlândia-MG, CEP 38400-902

Telefone: (34) 3239-4144 - <http://www.portal.facom.ufu.br/> facom@ufu.br



ATA DE DEFESA - GRADUAÇÃO

Curso de Graduação em:	Bacharelado em Sistemas de Informação - campus Santa Mônica				
Defesa de:	FACOM31802 - Trabalho de Conclusão de Curso II				
Data:	15/05/2025	Hora de início:	10h00	Hora de encerramento:	11h00
Matrícula do Discente:	11811BSI213				
Nome do Discente:	Gabriel Alcântara da Costa Batista				
Título do Trabalho:	Algoritmo Genético Orientado à Desordem para a Otimização da Exploração de Ambientes por Enxames de Robôs				
A carga horária curricular foi cumprida integralmente?		(X) Sim () Não			

Reuniu-se, de forma remota, na plataforma Microsoft Teams (link: [Defesa](#)), da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Curso de Graduação em Sistemas de Informação - campus Santa Mônica, assim composta: Profa. Dra. Sara Luzia de Melo - FACOM/UFU; Prof. Dr. Luiz Gustavo Almeida Martins - FACOM/UFU; e, Prof. Dr. Claudiney Ramos Tinoco - FACOM/UFU, orientador do candidato.

Iniciando os trabalhos, o presidente da mesa, Prof. Dr. Claudiney Ramos Tinoco, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato, agradeceu a presença do público, e concedeu ao discente a palavra, para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do curso

A seguir, o senhor presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos examinadores, que passaram a arguir o candidato. Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o candidato:

(X) Aprovado, Nota [95]

OU

() Aprovado(a) sem nota.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Claudiney Ramos Tinoco, Professor(a) do Magistério Superior**, em 15/05/2025, às 19:24, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Luiz Gustavo Almeida Martins, Professor(a) do Magistério Superior**, em 15/05/2025, às 19:41, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Sara Luzia de Melo, Professor(a) do Magistério Superior**, em 15/05/2025, às 20:19, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **6342738** e o código CRC **70D01D69**.

Referência: Processo nº 23117.032437/2025-67

SEI nº 6342738

Este trabalho é dedicado ao meu Deus, que me sustentou e me trouxe até aqui, e também à minha família, que me ensinou o valor da educação e andou comigo nesta jornada.

Agradecimentos

Deixo aqui registrados os meus agradecimentos. Primeiramente e principalmente à Deus, que tem sido minha força e meu refúgio nesta jornada da vida. Agradeço sua bondade e fidelidade presentes em todo tempo, e o amor que demonstra por mim todos os dias.

Seguindo, gostaria de agradecer à toda minha família, em especial meu irmão Raphael, meu pai Pedro, que são meu núcleo familiar. Mas, gostaria de gratificar de forma ainda mais especial minha falecida mãe Cláudia, minha grande apoiadora que nunca me deixou sair dos caminhos da educação e nem permitiu que eu abaixasse a guarda contra as dificuldades da vida. Estendo o sentimento a todos os outros familiares que certamente contribuíram na caminhada.

Aos meus professores e mestres, muito obrigado. Valorizo o conhecimento, portanto, valorizo as pessoas que o buscam e o propagam. Desta forma, não poderia deixar de registrar os meus agradecimentos aos mestres, incentivadores e professores que participaram da minha formação, em especial aqueles que foram meus mentores de perto: Professor Eduardo Peixoto, Professora Alzira Dias, Professor Claudiney Tinoco e meu pai, um mestre que me ensina muito sobre a vida.

Concluindo, gostaria de agradecer aos amigos e irmãos que a vida me deu, aos queridos irmãos da Segunda Igreja Batista, que testemunharam e apoiaram minha trajetória. E aos meus amigos guerreiros, com os quais andei lado a lado, enfrentando os desafios da vida acadêmica. Agradeço desde os que sonhavam comigo ainda na escola, até os que me auxiliaram na construção de um futuro promissor no ensino superior.

A todos os citados e aos demais não citados, mas que participaram da minha vida até aqui, muito obrigado!

“O Senhor oculta algumas coisas aos sábios, mas as revela aos pequeninos.”
(Jesus Cristo)

Resumo

A robótica, como parte do cenário tecnológico, desenvolveu-se de maneira acelerada. Novas abordagens são constantemente buscadas para resolver questões cotidianas com o uso de robôs, o que tem gerado muitas soluções, mas também muitos desafios. Conforme as demandas se tornam mais específicas e o volume de dados aumenta, surge a necessidade de sistemas cada vez mais focados no aspecto técnico. Inserido nesse contexto, este trabalho propõe a aplicação e adaptação de um algoritmo evolutivo para otimizar os parâmetros do modelo de coordenação de enxames de robôs PheroCom. Para isso, a entropia foi adaptada para atuar como métrica de avaliação na função de aptidão do algoritmo, servindo como um índice multiplicativo em um sistema de penalização na execução da tarefa. Isso possibilita a identificação de configurações que favoreçam uma distribuição espacial mais equilibrada entre os robôs, aprimorando a eficiência na cobertura do ambiente e evitando tanto a concentração excessiva quanto a negligência de regiões. Os resultados experimentais mostraram que a entropia, como parte do critério de avaliação, permite uma análise eficaz da homogeneidade da exploração e promove uma ocupação mais coerente e distribuída do espaço pelos robôs. Além disso, os resultados também demonstraram eficiência satisfatória em relação ao modelo de referência.

Palavras-chave: Enxame de Robôs. Otimização. Algoritmos Genéticos. Entropia.

Abstract

Robotics, as part of the technological landscape, has developed at an accelerated pace. New approaches are constantly sought to address everyday problems through the use of robots, which has led to many solutions but also numerous challenges. As demands become more specific and data volumes increase, there is a growing need for systems that are increasingly focused on technical aspects. Within this context, this work proposes the application and adaptation of an evolutionary algorithm to optimize the parameters of the PheroCom robot swarm coordination model. To this end, entropy was adapted to act as an evaluation metric within the algorithm's fitness function, serving as a multiplicative index in a penalization system during task execution. This approach enables the identification of configurations that promote a more balanced spatial distribution among robots, improving environmental coverage efficiency while avoiding both excessive concentration and the neglect of certain regions. Experimental results show that entropy, as part of the evaluation criterion, allows for an effective analysis of exploration homogeneity and promotes a more coherent and distributed occupation of space by the robots. Furthermore, the results also demonstrate satisfactory efficiency when compared to the reference model.

Keywords: Swarm Robotics. Optimization. Genetic Algorithms. Entropy.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Exemplos de gene, cromossomo e população de um Algoritmo Genético (AG).	30
Figura 2 – Fluxograma de um Algoritmo Genético.	31
Figura 3 – Exemplo do método da roleta.	32
Figura 4 – Crossover com marcação em um ponto.	33
Figura 5 – Crossover Uniforme [Adaptado de Ikeda (2009)].	34
Figura 6 – Descrição do comportamento individual de cada robô através de uma MEF com 8 estados, e exemplos de grades (seis salas e tamanho (20×30) células) nas quais a MEF opera [Adaptado de Tinoco, Martins e Oliveira (2025)].	36
Figura 7 – Diagrama do AG integrando o modelo PheroCom na avaliação dos indivíduos.	48
Figura 8 – Exemplo de vetor de parâmetros para o modelo PheroCom.	48
Figura 9 – Representação dos ambientes utilizados nas simulações por meio de uma grade regular de células e grafos de conexão representando as ligações entre as salas.	56
Figura 10 – Evolução ao longo das gerações do AG – Configurações C1 a C5.	58
Figura 11 – Evolução ao longo das gerações do AG - Configurações de C6 a C10.	59
Figura 12 – Evolução ao longo das gerações do AG - Configurações de C11 a C15.	61
Figura 13 – Mapas de pegadas de espalhamento do enxame. A parametrização utilizada corresponde ao melhor indivíduo selecionado no processo evolutivo.	62

Lista de tabelas

Tabela 1 – Comparação: uso de AGs, aplicação em robótica e otimização de parâmetros.	42
Tabela 2 – Configurações de taxa de mutação e tamanho de população testadas no AG.	57
Tabela 3 – Médias populacionais por taxa de mutação e tamanho da população. .	60
Tabela 4 – Configuração do melhor indivíduo selecionado	61

Lista de siglas

AC Autômatos Celulares

AG Algoritmo Genético

EVD Entropia por Valores Distintos

EPI Entropia Proporcional à Intensidade

IAS *Inverted Ant System*

MaSS *Multi-agent Simulation System*

MEF Máquina de Estados Finita

Sumário

1	INTRODUÇÃO	25
1.1	Objetivos	26
1.2	Justificativa	27
1.3	Hipótese	27
1.4	Organização da Monografia	28
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	29
2.1	Conceitos Fundamentais	29
2.1.1	Algoritmos Genéticos	29
2.1.2	Modelo PheroCom	35
2.2	Trabalhos Correlatos	39
3	MATERIAIS E MÉTODOS	43
3.1	Visão Geral do Método	43
3.2	Recursos Tecnológicos	44
3.3	Métricas de Avaliação	44
4	PROPOSTA	47
4.1	Modelagem do Algoritmo Genético	47
4.2	Função <i>fitness</i>	50
4.2.1	Entropia por Valores Distintos	51
4.2.2	Entropia Proporcional à Intensidade	53
5	EXPERIMENTOS E ANÁLISES	55
5.1	Configuração Experimental	55
5.2	Experimentos	57
5.2.1	Exp-01: AG com população de 50 indivíduos	57
5.2.2	Exp-02: AG com população de 100 indivíduos	59
5.2.3	Exp-03: AG com população de 150 indivíduos	60

5.2.4 Exp-04: Mapas de Pegadas 62

5.3 Considerações e Análise da Métrica 62

6 CONCLUSÃO 65

REFERÊNCIAS 67

Introdução

A robótica envolve o projeto, a construção e o controle de robôs, com o objetivo de desenvolver soluções aplicáveis ao cotidiano (RAJ; KOS, 2022). Entretanto, o rápido avanço dessa área tem gerado desafios significativos. À medida que as demandas se tornam cada vez mais específicas e o volume de dados cresce, é essencial dedicar maior atenção aos detalhes técnicos dos projetos. Essa complexidade tornou-se ainda maior com o surgimento da robótica de enxames e a aplicação dos algoritmos bio-inspirados em modelos de coordenação (SHAHZAD et al., 2023), devido ao grande número de robôs envolvidos e à natureza intrinsecamente estocástica desses algoritmos.

Os enxames de robôs emergiram como alternativa às limitações de sistemas de controle centralizados e hierárquicos (ŞAHIN et al., 2008). Sistemas centralizados, por exemplo, tendem a reduzir a flexibilidade operacional, aumentando a complexidade do processo, já que dificultam a geração distribuída de múltiplas soluções (fator crítico para otimizar tempo e distribuir tarefas entre os robôs). Conforme destacado por Şahin (2004), três propriedades são fundamentais para otimizar o desempenho de enxames de robôs e impulsionar propostas na área: escalabilidade, robustez e flexibilidade.

No contexto de sistemas multi-robôs, os enxames são desenvolvidos com base nessas propriedades e podem ser definidos como *“uma abordagem para coordenar um grande número de robôs”* (BRAMBILLA et al., 2013). A ideia central é substituir a centralização das tarefas em um único robô pela estratégia de divisão-e-conquista. Isso permite criar uma rede de aprendizado coletiva, em que cada robô atua como um agente de busca no espaço de soluções potenciais, priorizando a colaboração como meio para alcançar eficiência (BAYINDIR, 2016). Como resultado, o tempo para atingir objetivos é reduzido e a carga operacional é distribuída de forma equilibrada entre os robôs.

Aplicações da robótica de enxames abrangem diversas áreas, como: (i) sistemas de vigilância (GARCIA-AUNON; CERRO; BARRIENTOS, 2019; TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025); (ii) agricultura de precisão, no monitoramento e controle de ervas daninhas (ALBANI et al., 2017); (iii) exploração espacial colaborativa (NGUYEN; HARMAN; FAIRCHILD, 2019; HUANG et al., 2020); (iv) inspeção de estruturas (JAHANSHAHI et

al., 2017; HALDER; AFSARI, 2023); e, logística (ALLAM et al., 2024).

Além disso, a investigação de algoritmos evolutivos para otimização de sistemas de coordenação e controle tem ganhado destaque na literatura (TINOCO; VIZZARI; OLIVEIRA, 2020; ZHAN et al., 2022). Esses algoritmos são compatíveis com enxames de robôs, pois princípios como flexibilidade e escalabilidade favorecem a otimização global do sistema, enquanto a robustez permite parametrizações menos restritivas. Entre os principais métodos evolutivos estão o Algoritmo Genético (AG) (WHITLEY, 1994), que utilizam conceitos de seleção natural e genética para buscar soluções aproximadas (KUMAR et al., 2010; PAPAOGLOU; BISKAS, 2023).

Diante desse cenário, este trabalho propõe a otimização dos parâmetros do modelo de coordenação de enxames PheroCom (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025) por meio da aplicação de AGs. Para isso, foi realizada uma adaptação da função *fitness*, integrando-a a medidas de entropia, com o objetivo de favorecer uma distribuição mais uniforme do enxame na vigilância de ambientes. Essa abordagem busca, assim, ampliar o equilíbrio da cobertura espacial e maximizar o desempenho coletivo do enxame.

1.1 Objetivos

O objetivo geral deste trabalho é investigar a aplicação de AGs na otimização paramétrica do modelo de coordenação de enxames de robôs proposto por Tinoco, Martins e Oliveira (2025). Este objetivo se divide nos seguintes objetivos específicos:

- ❑ Implementar e analisar um AG básico, explorando variações operacionais (e.g., métodos de seleção, cruzamento e mutação) para assimilação e aprendizado de conhecimentos práticos no contexto desse método evolutivo;
- ❑ Caracterizar o modelo de coordenação de Tinoco, Martins e Oliveira (2025), analisando sua estrutura, parâmetros críticos e interações entre robôs em ambientes simulados;
- ❑ Avaliar sistematicamente a influência da parametrização do modelo de coordenação no desempenho do enxame, utilizando métricas quantitativas (e.g., tempo de convergência e cobertura do ambiente);
- ❑ Desenvolver um AG adaptado ao modelo de coordenação, projetando uma representação computacional que vincule cromossomos, genes e operadores genéticos aos parâmetros do sistema;
- ❑ Adaptar o conceito de avaliação do modelo de coordenação de enxame de robôs investigado, considerando o aspecto da homogeneidade, através incorporação da entropia como métrica de avaliação; e,

- Comparar estatisticamente o desempenho do enxame otimizado pelo AG com resultados empíricos e analisar a significância para validar a eficácia da abordagem proposta de otimização paramétrica.

1.2 Justificativa

A configuração manual dos parâmetros de controle em enxames de robôs representa um desafio prático significativo. O grande número de variáveis a serem ajustadas demanda tempo excessivo e compromete a eficiência dos robôs. Nesse contexto, este trabalho propõe a utilização de AGs como estratégia para automatizar a busca por combinações de parâmetros mais adequadas. Essa abordagem tem o potencial de proporcionar resultados mais ágeis e eficientes em comparação ao ajuste manual, favorecendo a redução do tempo de resposta, a qualidade da execução das tarefas e a organização geral do enxame.

Outro aspecto relevante refere-se às aplicações práticas desses sistemas, em especial em cenários de vigilância (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025). Em tarefas que exigem cobertura contínua de uma área, não basta que os robôs apresentem rapidez de deslocamento, é igualmente necessário que se distribuam de maneira equilibrada. Assim, este trabalho também contempla a avaliação da qualidade da cobertura por meio de métricas matemáticas, de modo a verificar se a distribuição espacial ocorre de forma uniforme e eficaz.

Por fim, uma justificativa relevante para este trabalho está associada ao potencial de aplicação prática dos enxames de robôs em diferentes cenários, especialmente em ambientes hostis ou de difícil acesso para seres humanos. Entre essas aplicações, destacam-se: (i) exploração de ambientes inóspitos, como locais de difícil acesso e com condições extremas (e.g., áreas de desastres naturais); (ii) busca e resgate, como na atuação em colaboração com equipes especializadas para a localização de vítimas; (iii) vigilância e proteção, como na implementação de sistemas integrados de monitoramento em ambientes diversificados; e, (iv) mapeamento topográfico, como no reconhecimento autônomo de territórios para aplicações cartográficas ou militares.

1.3 Hipótese

Esta pesquisa parte da premissa de que a eficiência na cobertura por enxames de robôs pode ser aprimorada com métricas que avaliem a homogeneidade da exploração. Para isso, propõe-se a seguinte hipótese:

- **Hipótese H1:** A incorporação da entropia como métrica de avaliação na função de aptidão de um AG permite identificar configurações que promovem uma distribuição mais homogênea dos robôs no ambiente, resultando em maior eficiência na cobertura.

1.4 Organização da Monografia

Este trabalho está organizado da seguinte forma: (i) o Capítulo 2 descreve o referencial teórico, no qual são abordados tópicos relacionados a AGs e ao modelo de coordenação para enxames de robôs; (ii) a apresentação do método de pesquisa é feita no Capítulo 3; (iii) a proposta principal deste trabalho é apresentada no Capítulo 4; (iv) o Capítulo 5 descreve os experimentos realizados, bem como a análise dos resultados; por fim, (v) o Capítulo 6 apresenta as principais conclusões e os trabalhos futuros.

Fundamentação Teórica

Neste capítulo, são apresentados os conceitos fundamentais para a compreensão deste trabalho. Além disso, são evidenciados trabalhos correlatos relevantes na literatura.

2.1 Conceitos Fundamentais

Nesta seção, são apresentados os conceitos fundamentais que sustentam a estrutura deste trabalho, abordando a base teórica e as técnicas essenciais dos AGs. Na Seção 2.1.1, são definidos os princípios centrais relacionados aos AGs. Já na Seção 2.1.2, introduz-se o Modelo PheroCom, com ênfase na estrutura operacional, no funcionamento sistêmico e na relevância dos parâmetros-chave em cada etapa do processo de coordenação.

2.1.1 Algoritmos Genéticos

Os AGs são inspirados nas características genéticas dos seres vivos e nos processos a elas relacionados, sendo aplicados na busca de soluções aproximadas para problemas complexos de otimização (KUMAR et al., 2010; PAPAOGLOU; BISKAS, 2023). Os métodos utilizados são inspirados em conceitos biológicos, especialmente na seleção natural, incorporando mecanismos como herança, reprodução, mutação e seleção.

Conforme ilustrado na Figura 1, um indivíduo corresponde a uma solução candidata dentro do conjunto de todas as possibilidades, denominado espaço de busca (SASTRY; GOLDBERG; KENDALL, 2005; KRAMER, 2017). A população representa o conjunto de indivíduos avaliados em uma determinada iteração. Cada indivíduo é descrito por um cromossomo, que corresponde à codificação de suas características em forma de sequência de genes. Os genes, por sua vez, ocupam posições específicas no cromossomo e definem os atributos do indivíduo. Cada gene assume um valor denominado alelo, o qual representa a característica efetiva do indivíduo naquela posição.

Os AGs buscam soluções por meio da competição inerente às características dos indivíduos. Conforme proposto por Darwin em sua Teoria da Evolução (SMITH, 1993), os

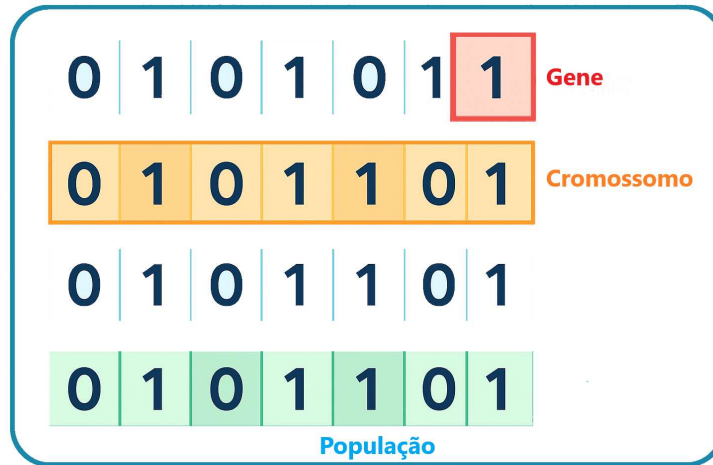


Figura 1 – Exemplos de gene, cromossomo e população de um AG.

genes que melhor se adaptam ao ambiente e às condições impostas tendem a perpetuar-se nos indivíduos, tornando-os mais aptos a sobreviver, enquanto genes inadequados ao contexto reduzem a aptidão dos portadores. Esse princípio reflete a ideia clássica da sobrevivência do mais apto. Assim, os AGs exploram configurações ideais de genes para resolver problemas, aproximando-se ou alcançando soluções eficientes.

A Figura 2 ilustra a estrutura geral de um AG. Resumidamente, uma população inicial é gerada e avaliada para selecionar indivíduos de maior aptidão. Em seguida, esses indivíduos são submetidos ao cruzamento (*crossover*), que recombina fragmentos de suas características para formar uma nova geração. A mutação é, então, aplicada para introduzir variabilidade genética, evitando a convergência prematura (mínimos e máximos locais), o que limitaria a busca a uma região restrita do espaço de soluções.

Após essas etapas, o algoritmo estabelece uma nova população e verifica se os critérios de parada (e.g., número máximo de gerações e aptidão mínima) foram atingidos. Esses critérios estão vinculados a uma função objetivo, que varia conforme o projeto. Se satisfeitos, o AG retorna a melhor solução encontrada; caso contrário, repete o ciclo para aprimorar os indivíduos até atender às necessidades do problema.

2.1.1.1 Geração da População Inicial

Inicialmente, uma população de indivíduos é gerada e avaliada, atribuindo a cada um deles uma pontuação de aptidão (*fitness*), que reflete sua adaptação ao ambiente. Essa etapa inicial baseia-se na aleatoriedade da distribuição dos valores dos genes, reproduzindo condições análogas às observadas em processos naturais (REEVES, 2010). Para garantir a validade do modelo, é essencial assegurar que a aleatoriedade na inicialização dos parâmetros não seja comprometida. Nesse contexto, destacam-se dois aspectos críticos: o tamanho da população inicial e o método de inicialização dos indivíduos.

Ao definir o tamanho da população, é necessário equilibrar a exploração do espaço de busca e o tempo computacional. De acordo com Reeves (2010), populações muito

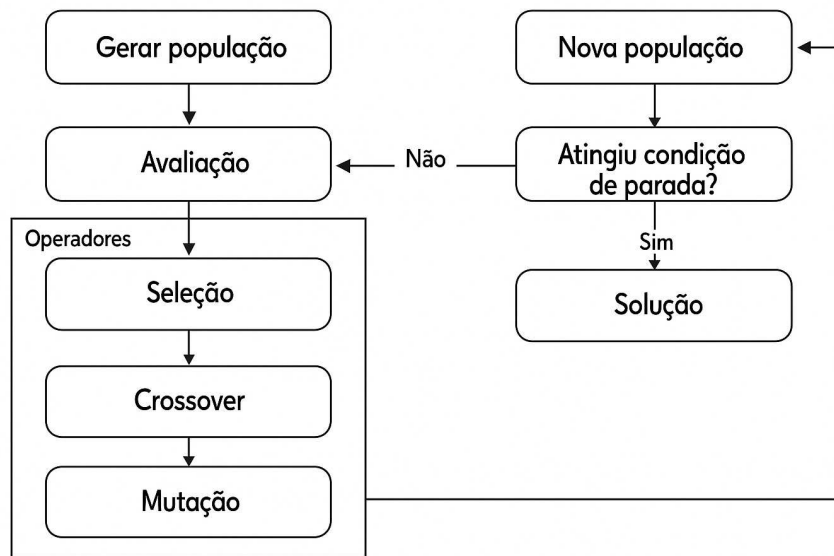


Figura 2 – Fluxograma de um Algoritmo Genético [Adaptado de Ikeda (2009)].

pequenas limitam a diversidade genética, reduzindo a capacidade de explorar combinações viáveis antes da convergência prematura. Já populações excessivamente grandes tornam o algoritmo inviável devido ao custo exponencial de avaliação das combinações.

Quanto à inicialização dos indivíduos, o método aleatório é o mais utilizado na literatura (REEVES, 2010), tendo em vista que os valores dos genes devem ser definidos de forma não tendenciosa. Em populações pequenas, é recomendável evitar a repetição ou a substituição frequente de valores genéticos entre os indivíduos, pois isso pode reduzir a diversidade da população, tornando os indivíduos muito semelhantes entre si e limitando a variabilidade genética necessária para uma busca eficaz no espaço de soluções. Alternativamente, é possível incorporar conhecimento prévio sobre o problema, como heurísticas ou informações do espaço de busca, para atribuir valores iniciais que acelerem a convergência do algoritmo. Essa abordagem, discutida por Reeves (1995) e Ahuja e Orlin (1997), apresenta eficiência superior à inicialização puramente aleatória em cenários específicos.

2.1.1.2 Função Objetivo (*fitness*)

O cálculo de aptidão de cada indivíduo é realizado por meio da função objetivo, que, ao processar os valores dos genes de um cromossomo, define uma métrica quantitativa da proximidade entre suas características e a solução ótima. Dado um problema de maximização, quanto maior essa proximidade, maior será o valor da aptidão bruta atribuída ao indivíduo; na minimização, maior a proximidade, menor será o valor atribuído.

Em métodos de seleção como a roleta, a probabilidade de um indivíduo ser selecionado para gerar descendentes está diretamente ligada ao valor da aptidão bruta. Essa relação ocorre porque o valor da aptidão é utilizado para calcular as probabilidades de seleção de

cada indivíduo, influenciando a composição da próxima geração. Dessa forma, a função objetivo desempenha um papel central na otimização das soluções, uma vez que direciona a evolução do sistema em busca da configuração ideal de parâmetros.

2.1.1.3 Seleção

Na seleção, o objetivo é escolher os indivíduos que participarão da operação de cruzamento, i.e., os cromossomos “pais”. Naturalmente, indivíduos com pontuações mais altas na função *fitness* têm maior probabilidade de serem selecionados para reprodução. Entre os métodos mais utilizados, destacam-se: roleta, ranqueamento linear e torneio.

No método da roleta, são atribuídas probabilidades proporcionais aos valores obtidos pela função *fitness* durante a avaliação dos indivíduos. Em outras palavras, cada indivíduo possui uma fatia da roleta proporcional à sua avaliação. Após M giros, são selecionados M indivíduos para o cruzamento, sendo que aqueles com maiores índices de aptidão têm mais chances de serem selecionados (MATHEW, 2012), mas, sem excluir totalmente os menos aptos, evitando assim a perda da variabilidade da população.

A Figura 3 ilustra um exemplo do método da roleta, onde cada indivíduo possui um valor de aptidão calculado e, a partir desse valor, é dada uma probabilidade proporcional à sua representação. Por exemplo, o indivíduo 2 tem mais chances de ser selecionado, visto que tem maior valor de aptidão, que é 30 (40,0% do total da soma de todos os valores) e, portanto, recebe uma maior fatia na roleta. Já o indivíduo 1, com um valor de aptidão igual a 20, possui apenas 26,7% de probabilidade, representando a menor fatia. Isso ilustra como a aptidão influencia diretamente na probabilidade de escolha.

Uma outra alternativa é o ranqueamento linear, que aplica uma abordagem mais controlada de seleção ao ordenar os indivíduos com base em sua aptidão e atribuir probabili-

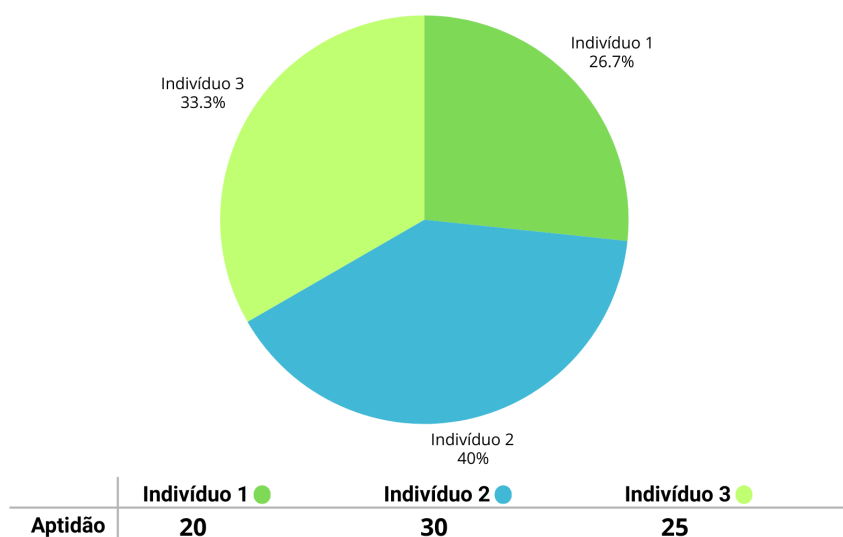


Figura 3 – Exemplo do método da roleta.

dades de seleção proporcionais ao seu *ranking*, e não diretamente aos valores absolutos da *fitness*. Embora esse método possa suavizar diferenças muito acentuadas entre indivíduos altamente aptos e menos aptos, o que pode resultar em uma perda parcial de informações, ele ajuda a evitar a convergência prematura. Além disso, o ranqueamento linear permite a aplicação de funções auxiliares, como a pressão de seleção, que regula a intensidade da competição entre os indivíduos, equilibrando a exploração do espaço de busca com a exploração das soluções mais promissoras.

Por fim, na seleção por torneio, indivíduos são selecionados aleatoriamente e comparados entre si, com base na aptidão de cada indivíduo. O vencedor de cada torneio é escolhido como “pai” para gerar descendentes. Esse processo é repetido até completar a seleção de todos os pais necessários (YADAV; SOHAL, 2017). Uma vantagem relevante desse método é sua flexibilidade: requer apenas uma ordenação relativa entre os indivíduos, dispensando a necessidade de uma função objetivo quantitativa. Isso permite sua aplicação em cenários com critérios subjetivos ou não formalizados (REEVES, 2010).

2.1.1.4 Cruzamento (*Crossover*)

A formação dos indivíduos descendentes ocorre por meio do cruzamento (*crossover*). Neste trabalho, são abordados dois tipos amplamente utilizados em algoritmos genéticos: *crossover* em um ou mais pontos e *crossover* uniforme.

No método de um ou mais pontos (Fig. 4), um ou mais locais de corte são definidos na sequência de genes. Esses pontos dividem os cromossomos dos “pais” em segmentos, que são re combinados para gerar os descendentes. Então, dois diferentes cromossomos “filhos” podem ser criados a partir da recombinação entre a parte anterior do primeiro cromossomo e a parte posterior do segundo. Por sua vez, o segundo filho herda o inverso. De acordo com Sastry, Goldberg e Kendall (2005), a definição de múltiplos pontos de corte amplia a diversidade genética, permitindo recombinações mais complexas.

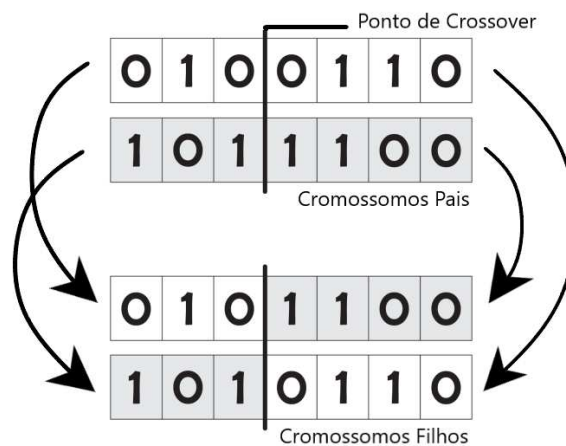


Figura 4 – Crossover com marcação em um ponto [Adaptado de Ikeda (2009)].

Já no *crossover* uniforme, uma máscara binária (gerada aleatoriamente) determina a origem de cada gene no descendente. Como ilustrado na Figura 5, se o *bit* na posição i da máscara for 1, o gene na posição i do primeiro pai é herdado. Caso contrário, o gene correspondente do segundo pai é selecionado. Esse método garante maior aleatoriedade na combinação de características, preservando a diversidade da população.



Figura 5 – Crossover Uniforme [Adaptado de Ikeda (2009)].

2.1.1.5 Mutação

Neste processo, é determinada uma probabilidade de mutação para cada gene. A mutação aumenta a confiabilidade dos resultados, pois uma exploração mais ampla do espaço de busca permite alcançar soluções mais representativas de todo o conjunto avaliado, evitando a convergência prematura em ótimos locais (REEVES, 2010). Embora possa ser aplicada sob diferentes modelos de representação genética, seu princípio básico é uniforme: alterar um ou mais genes para explorar regiões diversificadas do espaço de busca, promovendo variabilidade e robustez no processo evolutivo.

Diferentemente do cruzamento, a mutação não é necessariamente uma operação binária, podendo ser unária. Em casos de alelos com valores binários, o *bit* pode apenas ser alterado para o complemento do valor original, onde 0 se tornaria 1 e vice-versa (SASTRY; GOLDBERG; KENDALL, 2005). Outra estratégia comum é a troca de posições entre alelos selecionados aleatoriamente, modificando a configuração do cromossomo e introduzindo novas combinações genéticas.

Um exemplo de abordagem alternativa aos métodos supracitados é a mutação aditiva contínua: uma técnica amplamente utilizada em AGs com representação de genes em valores reais. Nesse método, a mutação ocorre por meio da adição de uma pequena perturbação aleatória ao valor atual de um gene, simulando uma leve alteração contínua. Essa perturbação geralmente é derivada de uma distribuição uniforme ou normal e pode assumir valores positivos ou negativos, promovendo uma variação sutil e controlada. O objetivo principal dessa abordagem é explorar o espaço de busca de forma refinada, permitindo que o algoritmo descubra soluções melhores sem perder a estabilidade populacional. Por exemplo, se um gene possui valor 0.75 e uma mutação aditiva de +0.02 for aplicada, o novo valor do gene será 0.77 – uma mudança pequena, mas suficiente para

gerar diversidade na população. Essa técnica é especialmente eficaz em problemas de otimização com parâmetros contínuos, pois preserva a viabilidade das soluções enquanto introduz diversidade genética de forma gradual.

2.1.1.6 Critério de Parada

Se resultados satisfatórios em termos de convergência para a solução desejada forem alcançados, o processo é finalizado. Caso contrário, o algoritmo reinicia o refinamento progressivo da qualidade dos indivíduos por meio de novas gerações, visando atingir a convergência global para o problema. Esse ciclo é repetido até que uma solução aceitável seja obtida ou outro critério de parada seja atingido.

Entre os critérios de parada mais utilizados, destacam-se aqueles que garantem resultados consistentes. Em problemas complexos, que exigem buscas mais extensas, demandam tempo e capacidade computacional consideráveis para convergir, o critério de parada costuma ser definido por um número máximo pré-estabelecido de iterações, especialmente quando há limitação de recursos.

Por outro lado, em problemas com tempo viável para a busca, adota-se o critério de parada baseado na função objetivo. Esse critério não se restringe ao número de iterações, mas na busca por soluções aproximadas, selecionando os indivíduos mais aptos nas gerações subsequentes. Ressalta-se que a convergência do algoritmo, seja essa rápida ou não, depende diretamente da natureza do problema e da parametrização adotada.

2.1.2 Modelo PheroCom

Nesta seção, é apresentado o modelo de coordenação de enxames de robôs PheroCom (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025), utilizado como base para a otimização de parâmetros, proposta central deste trabalho. O modelo integra Autômatos Celulares (ACs) e um sistema de feromônio repulsivo com difusão discreta, visando à vigilância de ambientes internos (*indoor*) por meio da coordenação autônoma dos robôs.

Tinoco, Martins e Oliveira (2025) propuseram a combinação de ACs e *Inverted Ant System* (IAS) para coordenar enxames de robôs. Os ACs são responsáveis pela discretização do ambiente e pela modelagem da dinâmica do feromônio: o mapa é dividido inicialmente em um reticulado de células quadradas idênticas, que é replicado para formar duas camadas. A camada física (Fig. 6a) representa a posição dos robôs, obstáculos e áreas livres, com cada célula assumindo os estados Livre (\mathcal{L}), Robô (\mathcal{R}) ou Obstáculo (\mathcal{O}). A camada de feromônio (Fig. 6b), por sua vez, é criada através da aplicação do IAS, que gerencia a comunicação indireta via feromônio repulsivo. Para se coordenarem, os robôs depositam o feromônio em suas células atuais e nas vizinhas, direcionando o movimento coletivo para evitar congestionamentos e otimizar a cobertura do ambiente.

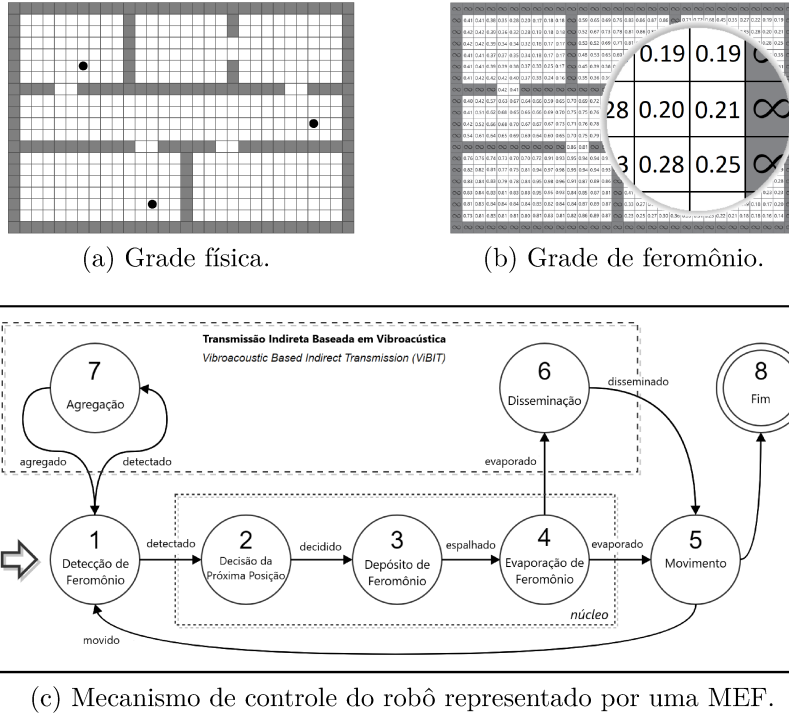


Figura 6 – Descrição do comportamento individual de cada robô através de uma MEF com 8 estados, e exemplos de grades (seis salas e tamanho (20×30) células) nas quais a MEF opera [Adaptado de Tinoco, Martins e Oliveira (2025)].

Ao longo do tempo, a concentração de feromônio nas células do reticulado decai devido a um processo de evaporação gradual, reduzindo a concentração por célula. Células com valores elevados de feromônio induzem repulsão nos robôs, que recalculam sua direção para áreas de menor concentração. Conforme discutido por Tinoco, Martins e Oliveira (2025), esse mecanismo cria um ciclo contínuo de depósitos e monitoramento, promovendo a cobertura dinâmica do ambiente e evitando superposições desnecessárias.

O comportamento individual de cada robô é definido por uma Máquina de Estados Finita (MEF) (Fig. 6c). Ela modela o processo de tomada de decisão de cada robô enquanto ele se move pelo ambiente e quando ele disseminará informações para outros robôs. Embora esses dois processos tenham escopo local, é possível gerar um comportamento global complexo capaz de executar a tarefa proposta. A autonomia garantida pela MEF permite que a tarefa seja executada mesmo com a falha de parte do enxame, assegurando continuidade operacional. A MEF opera com oito estados: cinco são cíclicos, dois são acionados sob demanda durante os ciclos e um representa o estado final:

- **Estado 1 - Detecção do Feromônio:** a primeira tarefa do robô é detectar a concentração de feromônio nas células vizinhas (conjunto M) à sua posição atual na grade, dentro de um raio de visão r . Esses valores, resultantes da deposição e evaporação do feromônio em cada célula, são processados para orientar a próxima movimentação do robô, garantindo uma navegação eficiente e adaptativa;

- **Estado 2 - Decisão da Próxima Posição:** o robô determina a próxima célula de movimento com base na concentração de feromônio nas células vizinhas. Conforme discutido por Tinoco e Oliveira (2018), diversas estratégias de movimento foram avaliadas. Para este trabalho, optou-se por uma composição heterogênea de estratégias, na qual $2/3$ dos robôs implementam uma estratégia inercial e $1/3$ adota uma estratégia determinística. Essa escolha baseia-se nos resultados positivos observados em pesquisas anteriores. O movimento inercial, inspirado no conceito físico de inércia, preserva a direção atual do robô e é combinado a uma busca constante por células com menores concentrações de feromônio. A concentração de feromônio em uma determinada célula x_{ij} no passo de tempo ts , define a probabilidade $P(x_{ij})$ (em estratégias estocásticas, ver Tinoco e Oliveira (2018)) de que essa célula será escolhida no passo de tempo $(ts + 1)$;
- **Estado 3 - Difusão do Feromônio:** cada robô deposita feromônio no ambiente de acordo com a Equação 1. O objetivo é informar tanto ao robô que realizou o depósito quanto aos outros robôs do enxame sobre a área monitorada. A quantidade de feromônio depositada em uma célula é calculada considerando a concentração de feromônio máxima (ψ_{max}) e a distância entre a célula e a posição atual do robô. Esse mecanismo visa garantir uma distribuição eficiente do feromônio, permitindo que os robôs realizem escolhas estratégicas sobre seus deslocamentos futuros;

$$\Delta_{ij}^k = (\psi_{max} - \psi_{ij}^{ts}) \cdot \left[\alpha \cdot (\delta \cdot e)^{\eta \cdot \frac{r}{\pi}} \right] \quad (1)$$

onde:

Δ_{ij}^k : concentração de feromônio depositado pelo robô $\{k\}$ na célula $\{ij\}$;

ψ_{max} : concentração máxima de feromônio em uma célula;

ψ_{ij}^t : concentração de feromônio na célula $\{ij\}$ no intervalo de tempo $\{ts\}$;

r : distância da célula $\{ij\}$ ao robô $\{r \in \mathbb{N} \mid 0 \leq r \leq r_d\}$;

e : constante exponencial (2,718281);

α : quantidade máxima possível de feromônio depositado;

δ : influência da taxa de deposição de feromônio; e,

η : compensação da taxa de evaporação do ambiente.

Estado 4 - Evaporação do Feromônio: é realizada a evaporação do feromônio registrado no mapa local de cada robô. A evaporação é simulada por meio da diminuição gradual da concentração de feromônio em cada célula ao longo do tempo. Cada robô determina a concentração atualizada de feromônio em suas células, considerando a concentração existente e uma taxa de evaporação (β). Esse processo

assegura que o feromônio não se acumule de forma permanente no ambiente e que os dados sejam constantemente atualizados, mantendo a relevância das informações para a navegação dos robôs. O cálculo final da concentração de feromônio em uma determinada célula é dado pela Equação 2:

$$\psi_{ij}^{ts+1} = [\psi_{ij}^{ts} - (\beta \cdot \psi_{ij}^{ts})] + \sum_{k=1}^N \Delta_{ij}^k \quad (2)$$

onde, a concentração de feromônio ψ em uma célula x_{ij} no intervalo de tempo $(ts + 1)$ é igual à concentração de feromônio ψ_{ij}^{ts} presente no intervalo de tempo ts , menos a porcentagem β de feromônio evaporado $\{\beta \in \mathbb{R} \mid 0.0 < \beta \leq 1.0\}$, somada à contribuição de depósito feita pelos N robôs para esta célula. Um robô contribui em uma célula x_{ij} se, e somente se, esta célula está dentro do seu raio de deposição.

□ **Estado 5 - Movimento:** o robô executa a transição da célula de origem para a célula de destino em sua vizinhança, conforme definido nos estágios anteriores. A cada passo de tempo, o robô atualiza o estado de duas células: a célula de origem, que é liberada, e uma célula vizinha anteriormente desocupada, passa a ser ocupada, indicando a nova posição do robô;

Estado 6 - Disseminação: os robôs disseminam as informações de seus mapas locais de feromônio aos demais robôs que estão em seu raio de comunicação. Cada robô envia mensagens contendo seu identificador, o instante atual e os dados de feromônio registrados. Essas mensagens são difundidas para que os demais robôs as recebam e atualizarem seus próprios mapas locais. Esse mecanismo possibilita um compartilhamento eficaz de informações entre os robôs, otimizando o processo decisório coletivo do enxame;

Estado 7 - Agregação: os robôs recebem as mensagens disseminadas por outros membros do enxame e agregam as informações obtidas para atualizar seus mapas locais de feromônio, desde que sejam novas e pertinentes. Cada robô mantém um registro das interações anteriores para evitar redundância de dados e assegurar que apenas as mensagens mais atualizadas sejam utilizadas na modificação do mapa local. Esse processo viabiliza que os robôs integrem informações coletivas de maneira eficaz, aprimorando a coordenação e o desempenho global do enxame; e,

□ **Estado 8 - Final:** é ativado quando o robô conclui a tarefa ou atinge um limite de T passos de tempo. Vale considerar que algumas tarefas (e.g., vigilância) podem ser executadas ciclicamente sem um momento final predefinido.

2.2 Trabalhos Correlatos

Nesta Seção, é apresentada a análise de trabalhos correlatos com o intuito de reforçar a relevância e a credibilidade dos referenciais teóricos adotados como fundamentos desta pesquisa, evidenciando contribuições existentes na literatura.

Inicialmente, Mucientes et al. (2007) apresentaram um projeto de um controlador difuso em robótica móvel usando algoritmos baseados na abordagem *Iterative Rule Learning*. Nessa abordagem, um parâmetro é definido para equilibrar a relação entre o número de regras do controlador, a sua qualidade e a sua precisão. Os autores ressaltaram que o projetista deve estabelecer o universo do discurso, a precisão de cada variável e uma função de pontuação. Não há restrições quanto ao número de rótulos linguísticos ou aos valores que definem as funções de pertinência.

Em outra aplicação, AGs são empregados no planejamento de trajetórias de robôs em ambientes estáticos. Conforme discutido por Ismail, Sheta e Al-Weshah (2008), o objetivo foi auxiliar o robô a encontrar um caminho ótimo entre pontos iniciais e finais em um ambiente estruturado em grade, reduzindo o número de passos necessários para percorrer a distância entre origem e destino pré-definidos. Os autores destacaram que os AGs contornam limitações de técnicas tradicionais, como métodos baseados em gradiente, permitindo que o algoritmo proposto gerencie movimentos em quatro direções e se adapte a estruturas complexas de baixa dimensionalidade no espaço de busca. Os resultados positivos em ambientes simulados validaram a eficácia da abordagem.

O estudo de Wang et al. (2017) propôs um método de otimização de parâmetros para o modelo *Center Pattern Generator (CPG)* aplicado a peixes robóticos biomiméticos. Esses robôs têm potencial para tarefas subaquáticas, utilizando o CPG (amplamente empregado em controladores de locomoção) para gerenciar padrões de natação. Embora o CPG permita gerar múltiplos padrões com uma única rede instanciada, a grande quantidade de parâmetros envolvidos motivou a proposta de um método de otimização baseado em enxame de partículas. O objetivo foi alcançar movimentos mais suaves e aumentar a velocidade durante a natação. Simulações demonstraram que os sinais de entrada combinados resultaram em ondulações mais fluidas, enquanto testes experimentais confirmaram ganhos simultâneos de velocidade e suavidade nos movimentos dos robôs.

Chin e Lin (2018) propuseram um AG robusto aliado a um mecanismo de inferência difusa, integrado a um controlador de modo deslizante (*Sliding-Mode Control (SMC)*) para robôs subaquáticos com dinâmicas incertas. O estudo combina dados imprecisos de veículos operados remotamente, obtidos por meio de modelos de dinâmica de fluidos, considerando a natureza não-linear e incerta desses sistemas. Para lidar com essas incertezas, o AG direciona a evolução dos parâmetros do SMC, enquanto o mecanismo de inferência difusa ajusta o controle em tempo real. A eficácia do método na redução da sensibilidade do esquema de controle, eventuais perturbações externas e variações paramétricas foi validada por simulações e testes em ambiente marinho.

O aprendizado por reforço profundo aliado a AGs para otimização de parâmetros permite que robôs tomem decisões baseadas em funções de recompensa. No trabalho de Sehgal et al. (2019), um AG foi utilizado para ajustar os parâmetros do *Deep Deterministic Policy Gradient* combinado ao *Hindsight Experience Replay*, visando acelerar o processo de aprendizagem do agente. O método foi aplicado em ações como busca, alcance, deslocamento, empurrão, coleta e posicionamento de objetos, além da abertura de portas em tarefas de manipulação robótica. A avaliação experimental demonstrou que a abordagem otimizada supera o algoritmo original em velocidade e eficiência.

Em seguida, é apresentado um método de planejamento de caminho autônomo baseado em AGs multi-objetivo para robôs reconfiguráveis do tipo tetro-articulados. No estudo de Cheng et al. (2020), desenvolveu-se uma estratégia sistemática para modelar o robô *hTetro*, reconfigurável no espaço de trabalho, e propôs-se o algoritmo *hTetro-GA* para planejar trajetórias eficientes. O método aborda o problema como uma otimização multi-objetivo, avaliando o desempenho por meio de quatro funções de aptidão. O *hTetro-GA* foi testado em seis ambientes virtuais com diferentes *layouts* de obstáculos e tamanhos populacionais, validando sua adaptabilidade e eficiência em cenários complexos.

Outro trabalho correlato, é o estudo de López-González et al. (2020), que propôs uma abordagem de formação baseada em distâncias para multi-robôs utilizando um AG paralelo. O método utiliza AGs para definir ângulos, distâncias e velocidades constantes entre os robôs, evitando colisões. O algoritmo foi estendido a um esquema paralelo, aprimorando seu desempenho e implementando conceitos de Inteligência Artificial Distribuída, em que os robôs compartilham soluções por meio de migração para convergir a distâncias desejadas e alcançar consenso. Embora a abordagem não seja prática para grandes quantidades de robôs, os testes demonstraram eficiência e rapidez em ambientes com poucos agentes, cumprindo o objetivo principal da proposta.

Ma et al. (2020) propuseram um método de planejamento de trajetórias suaves utilizando curvas de Bézier para resolver problemas de nós redundantes e pontos de inflexão abruptos. Na primeira etapa, operadores genéticos definem os pontos de controle das curvas de Bézier. Em seguida, o caminho mais curto é selecionado por meio de critérios de otimização, ajustando o comprimento da curva conforme a disposição dos pontos. Para garantir a segurança, a função de aptidão é adaptada com um fator de penalidade e uma distância mínima entre os robôs e os obstáculos. Os resultados demonstram que o método gera trajetórias mais curtas, fluidas e seguras do que as abordagens convencionais.

No estudo de Stolfi et al. (2020), foi proposto uma abordagem coevolutiva cooperativa para maximizar a cobertura de vigilância realizada por enxames de Veículos Aéreos Não Tripulados (VANTs). O artigo apresenta a parametrização e a otimização do *Chaotic Ant Colony Optimization for Coverage (CACOC)*, um modelo de mobilidade que utiliza soluções caóticas de sistemas dinâmicos e feromônios para otimizar a exploração do ambiente. Para aprimorar o desempenho de cobertura, a proposta se baseou na otimização

dos parâmetros do CACOC por meio de um AG padrão e dois AGs coevolutivos cooperativos. Experimentos foram realizados em quatro estudos de caso, que demonstraram que as abordagens cooperativas permitem uma exploração mais eficiente do espaço de busca, otimizando individualmente os parâmetros de cada VANT.

Por sua vez, no trabalho de Hao et al. (2020), foi proposto um Algoritmo Genético de Migração Multipopulacional (MPMGA) para planejamento de rotas de robôs móveis. A estratégia consiste em dividir uma população inicialmente grande em subpopulações menores, com o mesmo número de indivíduos. O mecanismo de seleção é substituído por um de migração entre subpopulações, enquanto os operadores de mutação e *crossover* são aprimorados para aumentar a eficiência. Os resultados das simulações demonstram que o MPMGA é adequado para mapas de simulação com diferentes escalas e distribuições de obstáculos, além de superar o desempenho de algoritmos genéticos convencionais, resolvendo problemas como convergência prematura e baixa diversidade.

Tinoco, Vizzari e Oliveira (2021) propuseram uma abordagem evolutiva para aprimorar um modelo de coordenação de enxames de robôs, utilizando AGs para otimizar os parâmetros do *Inverted Ant Cellular Automata with Discrete pheromone diffusion and Inertial motion* (IACA-DI). O modelo IACA-DI combina técnicas bio-inspiradas, como autômatos celulares e um sistema de formigas invertido, para coordenar enxames de robôs em tarefas de vigilância, exploração e forrageamento. Experimentos em diferentes ambientes e estratégias de movimento validaram a abordagem, demonstrando melhorias significativas no desempenho em comparação com ajustes empíricos. Os resultados contribuíram para uma compreensão mais detalhada da influência dos parâmetros no comportamento do sistema, reforçando a eficácia do método proposto.

Com o objetivo de otimizar o consumo de energia em robôs industriais, Nonoyama et al. (2022) propuseram uma estratégia para reduzir gastos e melhorar a eficiência energética. Dois algoritmos metaheurísticos são aplicados para ajustar os parâmetros gerados por um controlador PID (*Proportional-Integral-Derivative*), otimizando os movimentos do robô de dois braços duAro. Os resultados demonstram que robôs com dois braços equipados com o sistema proposto consomem menos energia do que robôs de um braço. Além disso, o uso combinado dos algoritmos com o controlador PID reduziu significativamente o consumo energético em comparação à parametrização exclusiva pelo PID.

Finalmente, Torres et al. (2024) investigou o uso de AGs na otimização de rotas de robôs móveis, com foco na melhoria da acessibilidade em ambientes diversos. Diferentemente dos métodos tradicionais, que apresentam limitações na adaptação a mudanças em tempo real, o algoritmo proposto é capaz de ajustar dinamicamente os trajetos dos robôs. Testes e simulações demonstraram a eficácia da abordagem, promovendo uma navegação mais acessível e inclusiva. O estudo evidenciou o potencial dos AGs para impulsionar a mobilidade autônoma com maior eficiência e adaptabilidade.

A Tabela 1 compara três aspectos centrais deste trabalho com os demais estudos cor-

Autores	Otimização	Robôs [multi-robôs]	Algoritmos Genéticos	
			Iterações	Pop. Inicial
Mucientes et al. (2007)	✓	Sim [não]	50	300
Ismail, Sheta e Al-Weshah (2008)	×	Sim [não]	80;40;30	10;20;50
Tsai, Huang e Chan (2011)	×	Sim [sim]	100	50
Wang et al. (2017)	✓	Sim [não]	Não utiliza AG	
Chin e Lin (2018)	✓	Sim [não]	100	50
Sehgal et al. (2019)	✓	Sim [não]	30	30
Cheng et al. (2020)	✓	Sim [não]	25;50;100	1000
López-González et al. (2020)	×	Sim [sim]	1000	1000
Ma et al. (2020)	✓	Sim [não]	50;100	100
Stolfi et al. (2020)	✓	Sim [sim]	Não utiliza AG	
Hao et al. (2020)	×	Sim [não]	200;500	60;120
Tinoco, Vizzari e Oliveira (2021)	✓	Sim [sim]	100	100
Nonoyama et al. (2022)	✓	Sim [não]	10;20;30;50	100;200;300;
Torres et al. (2024)	✓	Sim [não]	100	50
Este trabalho	✓	Sim [sim]	100	50;100;150

Tabela 1 – Comparação: uso de AGs, aplicação em robótica e otimização de parâmetros.

relatos: Otimização de Parâmetros; Robôs (presença ou ausência de robôs e, quando aplicável, de sistemas multi-robôs [indicados entre colchetes]); e, Algoritmos Genéticos (número de iterações e tamanho populacional). Esses critérios permitem avaliar a convergência metodológica entre as pesquisas, destacando a contribuição deste trabalho na aplicação prática de algoritmos evolutivos.

Como evidenciado, os trabalhos correlatos apresentam alinhamento temático significativo e metodológico com esta pesquisa, compartilhando enfoques centrais na área explorada. Conforme descrito na Tabela 1, todas as pesquisas analisadas abordam pelo menos dois dos três critérios comparativos (Algoritmos Genéticos, Robótica e Otimização), o que confere robustez ao embasamento teórico e prático deste estudo.

Adicionalmente, destaca-se o uso predominante de AGs nos trabalhos analisados. Dos doze estudos que mencionam AGs, apenas dois não os aplicam de forma prática, enquanto os demais os empregam, principalmente, na otimização de parâmetros. Na Tabela 1, a subcoluna “Iterações” indica o limite máximo de iterações definido ou alcançado em cada estudo, enquanto a subcoluna “População Inicial” registra o número de indivíduos gerados para a inicialização do algoritmo. Cada trabalho adota valores específicos para o número de iterações e tamanho da população inicial, os quais serviram de referência para definir os parâmetros do AG utilizado nesta pesquisa.

Materiais e Métodos

Neste capítulo, são apresentados os materiais e métodos utilizados neste trabalho. A Seção 3.1 descreve, de forma geral, a metodologia que orientou a execução desta pesquisa, integrando aspectos teóricos e práticos. Na Seção 3.2, são identificados e brevemente contextualizados os recursos tecnológicos que serviram como ferramentas essenciais durante o desenvolvimento do estudo. Por fim, na Seção 3.3, definem-se as métricas de avaliação adotadas para a análise dos resultados obtidos.

3.1 Visão Geral do Método

A primeira etapa consistiu em analisar estudos já publicados sobre Algoritmos Bio-inspirados e Computação Evolutiva, especialmente os AGs. Para isso, foi feita uma revisão bibliográfica detalhada, seguida pela implementação de métodos que aplicam esses algoritmos na prática. Os resultados mostraram, de forma clara, como esses algoritmos funcionam e quais são suas principais características, o que auxiliou na definição de uma estratégia para integrá-los a um modelo de coordenação de enxame de robôs.

Em seguida, foram realizados estudos sobre enxames de robôs para compreender o contexto dos parâmetros a serem otimizados. Esse processo foi dividido em duas etapas: (i) revisão da literatura correlata; e, (ii) análise e reprodução de um modelo já existente que aplica algoritmos bio-inspirados na coordenação de enxames. Para a segunda etapa, selecionou-se o modelo PheroCom (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025), que aborda a coordenação de enxames. O projeto envolveu a replicação desse modelo, a análise detalhada de seus parâmetros e a avaliação de possíveis otimizações.

Após a análise detalhada dos aspectos anteriores, foi realizada a integração de um AG ao Modelo PheroCom. Essa etapa teve como objetivo testar técnicas de otimização com base nos AGs analisados, visando reformular o processo que definição dos parâmetros do modelo PheroCom. O objetivo consistiu em comparar os resultados do modelo reformulado com os do modelo original, ambos previamente implementados, utilizando métricas estatísticas para aumentar a precisão na avaliação dos dados obtidos.

Por fim, após definir os critérios de comparação, os modelos analisados (Modelo Phe-roCom e AGs) foram avaliados com base nas métricas estabelecidas. Para isso, foram considerados indicadores de desempenho como tempo de execução, homogeneidade do espalhamento do enxame pelo ambiente e registros de sucesso durante as simulações. Esses resultados confirmaram a hipótese H1 (referir à Seção 1.3), demonstrando que a otimização de parâmetros, para aumentar a homogeneidade no espalhamento de robôs, pode ser efetivamente realizada por meio de AGs orientados à desordem.

3.2 Recursos Tecnológicos

Esta seção descreve os recursos tecnológicos utilizados como ferramentas fundamentais para a implementação do modelo e execução dos experimentos propostos nesta pesquisa.

- **Multi-agent Simulation System (MaSS)** (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025): O MaSS é uma plataforma de simulação desenvolvida para experimentos em larga escala. Sua principal característica é a abstração de aspectos físicos dos robôs e do ambiente, priorizando a simulação do comportamento coletivo do enxame. Após os testes de estresse no MaSS, o modelo pode ser adaptado mais facilmente para uma implementação futura em uma plataforma de simulação 3D, onde fatores adicionais (e.g., física e *hardware*) passam a ser considerados.

3.3 Métricas de Avaliação

Esta seção apresenta as métricas de avaliação utilizadas para analisar os resultados do algoritmo e da proposta de otimização deste trabalho.

- **Média Aritmética:** Conceito estatístico utilizado para representar o valor central de um conjunto de dados. Seu cálculo é realizado pela soma de todos os valores do conjunto, seguida da divisão pelo número total de elementos (Eq. 3). Embora seja uma medida de tendência central útil para compreender o comportamento geral dos dados, ela pode ser afetada por valores extremos (muito altos ou muito baixos), o que pode comprometer a sua precisão na representação da amostra.

$$M(X) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i = \frac{x_1 + x_2 + \dots + x_n}{n} \quad (3)$$

onde:

$M(X)$: a média aritmética do conjunto de dados X ;

n : é a quantidade de valores no conjunto de dados; e,

a_i : representa cada valor no conjunto de dados.

- **Pontos de tarefa (*task-points*):** Os pontos de tarefa representam a conclusão de um ciclo da tarefa de vigilância, que acontece quando todas as salas do ambiente são visitadas por pelo menos um robô. Cada ponto de tarefa registrado indica que o enxame cobriu integralmente o ambiente. Essa métrica permite quantificar a eficiência na cobertura do ambiente, analisando a frequência com que todas as salas são visitadas dentro do tempo estipulado, bem como a consistência temporal: intervalos excessivos entre a conclusão de pontos de tarefa podem revelar anomalias, como atrasos na locomoção e ineficiência nas trocas de salas.

Definição 1 *Seja A um ambiente composto por m salas e E um enxame composto por n robôs. Uma sala i pertencente ao ambiente A é descrita como $\{s_i \mid (i \leq m) \text{ and } (i \in \mathbb{N}^*)\}$. De forma semelhante, um robô i pertencente ao enxame E é descrito como $\{rb_i \mid (i \leq n) \text{ and } (i \in \mathbb{N}^*)\}$. Portanto, um ponto de tarefa é alcançado se, e somente se, cada sala $s_i \in A$ receber uma visita de ao menos um robô $rb_i \in E$.*

- **Mapas de Pegadas:** Os mapas de pegadas fornecem uma representação visual da distribuição do enxame pelo ambiente. Como o ambiente é discretizado em uma grade de células regulares, cada passagem de um robô por uma célula incrementa um contador de pegadas. As células são coloridas de acordo com a frequência de visitas: tonalidades quentes (tendendo ao vermelho) indicam maior número de pegadas, enquanto tonalidades frias (tendendo ao azul) representam menor número ou ausência de pegadas. Essa técnica de visualização permite identificar se a distribuição do enxame é uniforme e se há áreas que estão sendo negligenciadas.

A principal aplicação dos mapas de pegadas neste trabalho reside na avaliação empírica da homogeneidade da ocupação do ambiente pelos robôs ao longo da exploração. Além disso, a construção desses mapas requer a coleta contínua de dados ao longo de múltiplas iterações do modelo, já que uma única execução não possui significância estatística suficiente. Para mitigar a influência de *outliers*, são realizadas 30 simulações com parâmetros idênticos, gerando múltiplos mapas de pegadas. Posteriormente, um mapa consolidado é produzido aplicando-se uma medida de tendência central – neste caso, a média aritmética (Equação 3) –, garantindo uma análise robusta e representativa dos padrões de movimentação.

- **Entropia:** conhecida como Entropia de Shannon (SHANNON, 1948), é uma medida que representa o nível de incerteza ou imprevisibilidade de um conjunto de dados. Quanto mais variados forem os dados, maior será a entropia; quanto mais repetitivos em poucos valores, menor será a entropia. Por exemplo, considere o conjunto $A = \{2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2\}$. Nesse caso, todos os valores são iguais. Isso significa que, ao escolher um elemento aleatoriamente, a chance de obter o número 2 é de 100%.

Como não há incerteza, a entropia é igual a 0,0, i.e., completamente previsível. Agora, considere o conjunto $B = \{1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10\}$, em que todos os valores são diferentes e aparecem com a mesma frequência. Ao sortear um número, cada valor tem a mesma probabilidade de ser escolhido (10%). Nesse cenário, não é possível prever qual número será selecionado com facilidade, o que caracteriza uma entropia de maior valor, i.e., alta imprevisibilidade.

Neste trabalho, uma adaptação da entropia será aplicada ao conjunto de dados constituído pelas frequências de pegadas das células do mapa de pegadas (descrito no tópico anterior). A Equação 4 descreve o cálculo da entropia.

$$E(X) = - \sum_{i=1}^n (P(x_i) \times \log_2(P(x_i))) \quad (4)$$

onde:

$E(X)$: a entropia do conjunto de dados X ;

n : é a quantidade de valores distintos no conjunto de dados;

x_i : representa cada valor distinto no conjunto de dados; e,

$P(x_i)$: a probabilidade de ocorrência de x_i no conjunto de dados.

Proposta

Este trabalho propõe a otimização dos parâmetros do modelo PheroCom (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025) por meio da aplicação de AGs. Para isso, foi feita uma adaptação para a função *fitness* baseada em entropia, com o objetivo de promover uma distribuição mais homogênea dos enxame pelo ambiente. Essa função tem como papel principal avaliar o desempenho coletivo do enxame, favorecendo configurações que levem a uma cobertura mais equilibrada. A Seção 4.1 apresenta a modelagem do AG e a integração do modelo PheroCom. Em seguida, a Seção 4.2 descreve a métrica de entropia utilizada como base para a função *fitness*, suas limitações e uma proposta de adaptação.

4.1 Modelagem do Algoritmo Genético

Nesta seção, a modelagem do AG utilizado neste trabalho é descrita, detalhando como o modelo PheroCom é incorporado ao AG e a especificação dos parâmetros e das configurações adotadas na estruturação do código genético dos indivíduos.

A Figura 7 ilustra o processo de integração entre o AG e o PheroCom. O valor da função *fitness* atribuído a cada indivíduo é composto pela entropia da dispersão do enxame e a quantidade de pontos-de-tarefa atingidos ao longo da execução da tarefa. A entropia mede o quão uniformemente os robôs se distribuem pelas áreas exploradas, enquanto os pontos de tarefa indicam o desempenho do modelo em realizar a tarefa de vigilância. A combinação dessas duas métricas permite avaliar simultaneamente a eficácia e a qualidade da cobertura realizada, orientando o AG na busca por configurações de parâmetros que resultem em um comportamento coletivo mais eficiente e homogêneo.

Inicialmente, o algoritmo gera uma população com um número pré-definido de indivíduos, onde cada indivíduo é representado por um vetor com sete valores reais (Fig. 8). Cada um desses valores corresponde a um parâmetro do modelo PheroCom: *evaporation*, *elitist*, *stochastic*, *inertial*, *alpha*, *delta* e *eta*. O parâmetro *evaporation* define a taxa de evaporação do feromônio nas células percorridas pelos robôs. Já os parâmetros *elitist* e *stochastic* estão relacionados à tomada de decisão dos movimentos do robô. Por sua vez, o

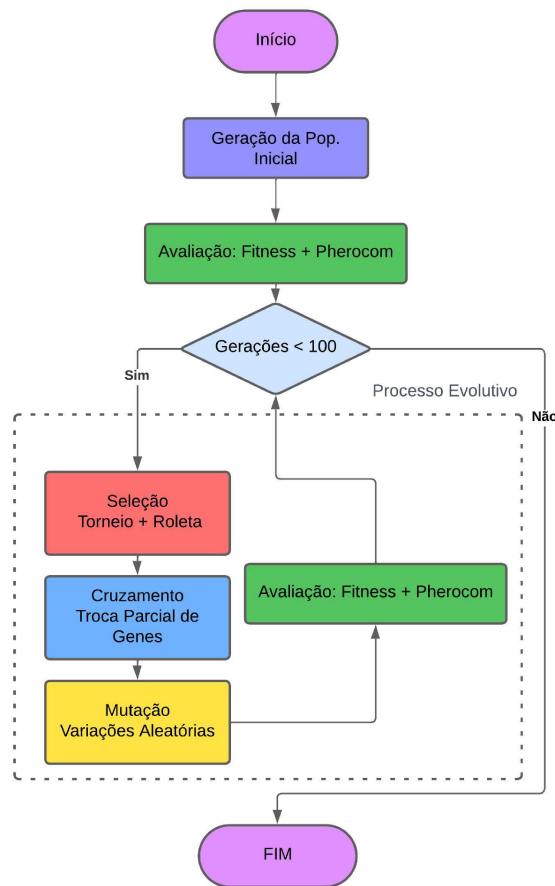


Figura 7 – Diagrama do AG integrando o modelo PheroCom na avaliação dos indivíduos.

parâmetro *inertial* influencia a tendência de um robô a manter sua direção atual. Por fim, os parâmetros *alpha*, *delta* e *eta* regulam a forma e a intensidade da difusão de feromônio no ambiente, desempenhando papel essencial na coordenação coletiva.

Parâmetros do Modelo Pherocom

[0]	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]
0.72	0.56	0.84	0.29	0.63	0.45	0.91
<i>evaporation</i>	<i>elitist</i>	<i>stochastic</i>	<i>inertial</i>	<i>alpha</i>	<i>delta</i>	<i>eta</i>

Figura 8 – Exemplo de vetor de parâmetros para o modelo PheroCom.

Após a geração da população inicial, cada indivíduo é avaliado por meio da função *fitness*, a qual atribui um valor numérico que representa a qualidade de sua configuração. Com os indivíduos avaliados, inicia-se o processo evolutivo, composto pelas etapas tradicionais de seleção, cruzamento e mutação. A seleção é realizada por meio de uma combinação entre os métodos de torneio e roleta, permitindo que os indivíduos com melhor desempenho sejam escolhidos para reprodução. Em seguida, o cruzamento (*crossover*) uniforme (referir à Seção 2.1.1.4) é aplicado, promovendo o intercâmbio parcial de genes

entre pares de indivíduos, o que introduz diversidade genética. A etapa de mutação utiliza mutação contínua com perturbação aditiva (referir à Seção 2.1.1.5) e é aplicada a uma parte da nova população. Essa mutação gera pequenas variações nos genes para evitar a convergência prematura do algoritmo. Por fim, executado o processo de mutação, os novos indivíduos são avaliados pela função *fitness*.

A seleção final da geração é feita com base em elitismo e torneio: os melhores indivíduos são mantidos, e novos indivíduos selecionados se somam a eles, formando a próxima geração. Esse processo se repete por um número pré-definido de gerações, permitindo a descoberta progressiva de configurações mais eficazes.

O Algoritmo 1 apresenta o pseudocódigo que ilustra o cálculo da função *fitness* aplicada ao AG. Inicialmente, definem-se os valores de início e fim de iteração (conjunto de indivíduos que serão avaliados): para a primeira população (linha 2), o início corresponde ao primeiro indivíduo, e o fim é delimitado pelo tamanho da população inicial; caso contrário, i.e., nas gerações subsequentes (linha 5), o início torna-se o tamanho da população mais um ($|Population| + 1$), e o fim corresponde ao tamanho da população inicial somado à quantidade de filhos que gerados ($|Population| + |Crossover|$).

Realizada a inicialização, executa-se a avaliação de todos os indivíduos dentro do intervalo estabelecido (linha 9). Cada indivíduo é avaliado por meio de 30 invocações da função PheroCom (linha 12). Da mesma forma, os resultados dessas execuções são armazenados no vetor *scores*, que contém os valores de *fitness* de cada uma das 30 execuções do modelo PheroCom. Os valores do vetor *scores* são então acumulados na variável soma (linha 13), permitindo o cálculo da média aritmética dos valores de *fitness*. Essa média constitui a avaliação final de cada indivíduo da população.

Algoritmo 1 – Pseudocódigo da função *fitness* do AG

```

1: if Population  $\neq$  NULL then
2:   if local == 0 then
3:     inicio  $\leftarrow$  local  $\leftarrow$  1
4:     fim  $\leftarrow$   $|Population|$ 
5:   else
6:     inicio  $\leftarrow$   $|Population| + 1$ 
7:     fim  $\leftarrow$   $|Population| + |Crossover|$ 
8:   end if
9:   for i  $\leftarrow$  inicio to fim do
10:    soma  $\leftarrow$  0.0
11:    for j  $\leftarrow$  1 to 30 do
12:      scores[j]  $\leftarrow$  PheroCom(populacao.individuos[i].codigoGenetico)
13:      soma  $\leftarrow$  soma + scores[j]
14:    end for
15:    populacao.individuos[i].avaliacao  $\leftarrow$  soma/30.0
16:  end for
17: end if

```

4.2 Função *fitness*

A função *fitness* é o componente central do processo de otimização conduzido pelos AGs. Ela é responsável por avaliar o desempenho de cada indivíduo testado. Neste trabalho, ela considera não apenas a capacidade dos robôs em cumprir a tarefa proposta, mas também a forma como se distribuem pelo ambiente. Para isso, propõe-se uma função *fitness* baseada na combinação de pontos de tarefa e entropia (Seção 3.3). A Equação 5 descreve o cálculo da função *fitness* aplicada no AG proposto.

$$\alpha = E \times \tau \quad (5)$$

onde:

- α : valor final da função *fitness*, considerando a entropia e os pontos-de-tarefa;
- E : valor da entropia; e,
- τ : quantidade de pontos de tarefa alcançados na execução do modelo PheroCom.

Para avaliar um indivíduo, o AG aplica os valores dos genes desse indivíduo no modelo PheroCom. Ao executar o modelo (Algoritmo 1, linha 12), é retornada uma avaliação (Equação 5): o produto entre a entropia do mapa de pegadas e a quantidade total de pontos de tarefa atingidos. O objetivo desse produto é direcionar a busca para indivíduos que mantenham uma execução eficiente da tarefa de vigilância e que, ao mesmo tempo, garantam uma boa distribuição pelo ambiente.

De forma geral, entropia pode ser utilizada como uma forma de medir a dispersão dos robôs pelo ambiente. Nesse sentido, a entropia representa uma medida que busca incentivar a homogeneidade no espalhamento do enxame. A ideia é que, ao considerar não apenas o resultado final dos pontos de tarefa, mas também o grau de homogeneidade na dispersão dos robôs, o AG possa selecionar indivíduos cujos parâmetros favoreçam uma atuação eficiente e uma distribuição mais homogênea.

Vale ressaltar que as células que representam as paredes dos ambientes não são selecionadas para entrarem no conjunto de valores utilizados no cálculo da entropia. Isto porque as paredes não possuem pegadas e os valores das células iguais a 0 causariam interferência no cálculo, poluindo a significância real da entropia. Por isso, são consideradas apenas as células que podem ser ocupadas pelos robôs.

Dessa forma, esta Seção apresenta a métrica de entropia utilizada como parte da função *fitness*, discute as limitações observadas em sua forma original e descreve uma adaptação voltada à promoção de maior homogeneidade na atuação do enxame.

4.2.1 Entropia por Valores Distintos

A Entropia por Valores Distintos (EVD), representa a entropia de Shannon em sua forma original (ver Seção 3.3). Contudo, ao aplicar essa métrica, surgem três problemas importantes: (i) Valores não-Normalizados: os valores da entropia pura podem ser maiores que 1,0; (ii) Valores Invertidos: a entropia representa o grau de desordem de um sistema, i.e., um mapa de pegadas totalmente homogêneo resultaria em uma entropia igual a zero; e, (iii) Homogeneidade Distorcida: a concentração alta de pegadas em algumas células, com distribuição razoável nas restantes, tende a apresentar algum grau de homogeneidade.

4.2.1.1 Problema I: Valores Não-Normalizados

O primeiro problema encontrado consiste no fato de que os valores máximos de entropia dependem do tamanho dos conjuntos analisados (neste caso, a quantidade de células da grade que representa o ambiente). Uma vez que a entropia é utilizada como uma forma de validação (ou, penalização) dos pontos-de-tarefa, seus valores precisam estar entre zero e um ($E \in \mathbb{R}/(0, 0 \leq E \leq 1, 0)$).

Para solucionar esse problema, e sabendo que o valor máximo da entropia seja $\log_2(n)$ e que n é o tamanho do conjunto de dados, os valores da entropia foram normalizados dividindo-os por $\log_2(n)$. A normalização, descrita pela Equação 6, modifica a entropia para que essa represente um peso entre 0,0 e 1,0, mantendo a proporção de sua influência, mesmo em conjuntos variáveis.

$$E_{\text{norm}} = \frac{E_{\text{Sh}}}{\log_2(n)} \quad (6)$$

onde:

E_{norm} : valor da entropia normalizada;

E_{Sh} : valor da entropia de Shannon (ver Equação 4), gerado a partir dos valores do mapa de pegadas; e,

n : número total de células livres verificadas no mapa.

4.2.1.2 Problema II: Valores Invertidos

O segundo desafio identificado está ligado à forma como a entropia é tradicionalmente interpretada. Por definição, a entropia mede o grau de desordem ou imprevisibilidade em um sistema. Assim, um mapa de pegadas perfeitamente homogêneo (com distribuição uniforme) teria entropia zero, pois não há variação ou “desordem” nos dados. No entanto, no contexto deste trabalho, essa interpretação entra em conflito com o objetivo prático: quando o enxame se distribui de maneira uniforme pelo ambiente (mapa homogêneo) é considerado um resultado ideal, pois indica uma boa cobertura.

Para solucionar esse problema, propõe-se que a entropia seja invertida, garantindo que os pontos-de-tarefa atingidos sejam preservados. Dessa forma, quanto mais homogêneo for o mapa de pegadas (i.e., quanto mais uniforme for a distribuição do enxame no ambiente), maior será o valor da entropia. Como a entropia mede desordem, a sua inversão traduz o resultado para uma escala de ordem, onde 1,0 indica máxima homogeneidade. Essa inversão é descrita pela Equação 7.

$$E_{\text{inv}} = 1.0 - E_{\text{norm}} \quad (7)$$

onde:

E_{inv} : entropia invertida; e,

E_{norm} : entropia normalizada, calculada pela Equação 6.

4.2.1.3 Problema III: Homogeneidade Distorcida

A aplicação direta da entropia de Shannon (ver Equação 4) pode gerar interpretações semanticamente equivocadas no contexto de cobertura espacial por robôs. Isso se deve ao fato de que essa métrica quantifica a diversidade de categorias em um conjunto de dados, tratando cada valor único como uma categoria distinta, i.e., a entropia é calculada com base na frequência relativa de cada valor.

Por exemplo, considere o conjunto de dados $\{71, 1, 1, 1, 1\}$, no qual há duas categorias ($n = 2$). Assim, $P(71) = 1/5$ e $P(1) = 4/5$. Substituindo na fórmula da Equação 4, obtém-se: $-(1/5 \log_2(1/5) + 4/5 \log_2(4/5)) \approx 0,72$. Normalizando o valor pela Equação 6, mantém-se: $0,72/\log_2(2) \approx 0,72$. Invertendo o resultado, de acordo com a Equação 7, para representar o grau de ordem do sistema, tem-se: $1,0 - 0,72 \approx 0,28$. Embora esse valor sugira algum grau de ordem no sistema, visualmente observa-se uma alta concentração de pegadas em uma única célula.

Além disso, se essa concentração aumentar (e.g., $\{996, 1, 1, 1, 1\}$), o valor da entropia por valores distintos continua a ser 0,28. Isso ocorre porque essa métrica considera apenas o número de categorias ($n = 2$) e suas frequências relativas ($P(996) = 1/5$ e a $P(1) = 4/5$), ignorando a magnitude das diferenças entre os valores. Essa característica não é desejável para avaliar a distribuição de um enxame de robôs.

Em um cenário com uma melhor distribuição de pegadas (não necessariamente uma distribuição perfeita), essa entropia pode ainda resultar em um baixo grau de ordem. Por exemplo, seja o conjunto $\{12, 18, 15, 16, 14\}$; $n = 5$; e, $P(12, 18, 15, 16, 14) = 1/5$. Pela Equação 4: $-(5 \times 1/5 \log_2(1/5)) \approx 2,32$; pela Equação 6: $2,32/\log_2(5) = 1,0$; e, pela Equação 7: $1,0 - 1,0 = 0,0$. Apesar do conjunto apresentar uma maior homogeneidade, a entropia por valores distintos não consegue capturar a proximidade entre os seus valores (*entropia* = 0,0), e apenas os categoriza como sendo totalmente independentes.

Dessa forma, a entropia por valores distintos é útil para medir a diversidade de categorias, mas é “cega” à distribuição espacial real. Para resolver o problema III, foi proposta a aplicação de uma entropia proporcional à intensidade.

4.2.2 Entropia Proporcional à Intensidade

A Entropia Proporcional à Intensidade (EPI) resolve a limitação empregada pela EVD (ver Seção 4.2.1) ao incorporar a proporção de cada valor analisado de acordo com a soma total de valores. Isto é, células com densidades similares recebem maior contribuição para a homogeneidade, capturando melhor a distribuição espacial real do enxame.

Dado que x_{ij} representa uma célula da grade do ambiente na posição (i, j) , a Equação 11 representa o cálculo final da EPI, que pode ser descrita pelos passos a seguir (considere que apenas células livres são incluídas no cálculo, i.e., $[(x_{ij} \wedge x_{kl}) \in \{\mathcal{L} \cup \mathcal{R}\}]$, onde \mathcal{L} e \mathcal{R} são os conjuntos de células que podem receber robôs):

Para a Frequência Proporcional (FP) de uma célula x_{ij} no conjunto L , tem-se:

$$FP_{ij} = \frac{FB_{ij}^\gamma}{\sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m FB_{kl}^\gamma} \quad (8)$$

Substituindo a frequência relativa pela frequência proporcional na Equação de Shannon (Eq. 4), mantendo o contexto de células, obtém-se:

$$E_{int} = - \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m (FP_{ij} \cdot \log_2 (FP_{ij})) \quad (9)$$

Substituindo a Equação 8 na Equação 9, obtém-se:

$$E_{int} = - \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \left(\frac{FB_{ij}^\gamma}{\sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m FB_{kl}^\gamma} \cdot \log_2 \left(\frac{FB_{ij}^\gamma}{\sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m FB_{kl}^\gamma} \right) \right) \quad (10)$$

Aplicando a solução do Problema I (referir à Seção 4.2.1.1), referente à normalização dos valores, na Equação 10, tem-se:

$$E_{int} = - \frac{1}{\log_2(N)} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \left(\frac{FB_{ij}^\gamma}{\sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m FB_{kl}^\gamma} \cdot \log_2 \left(\frac{FB_{ij}^\gamma}{\sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^m FB_{kl}^\gamma} \right) \right) \quad (11)$$

onde:

- E_{int} : valor resultante da EPI, gerado a partir dos valores do mapa de pegadas, normalizado e intensificado à potência γ para realçar as diferenças das pegadas;
- FP_{ij} : frequência proporcional de visitação à célula ij ;
- FB_{kl} : frequência bruta de visitação à célula k ;
- γ : amplificador de diferenças nas visitas às células; e,
- $n \times m$: número total de células ocupáveis verificadas no mapa.

A entropia foi adaptada neste trabalho ao ser aplicada sobre uma distribuição de probabilidades derivada das pegadas elevadas a uma potência (γ), a fim de acentuar diferenças nas frequências de visitação. A seguir, esses valores foram normalizados pela soma total, gerando uma distribuição contínua que reflete não só os valores absolutos, mas a proporção relativa entre as visitas. Com isso, uma distribuição homogênea resulta corretamente em entropia máxima (próxima de 1,0), enquanto padrões desbalanceados levam a valores menores. Portanto, tem-se uma métrica semanticamente coerente para avaliar a homogeneidade de exploração espacial pelos robôs.

Ambas as métricas oferecem perspectivas complementares. A EVD responde à pergunta “quantos tipos diferentes existem?”, enquanto a EPI responde “quão equilibrados são os pesos desses tipos?”. Portanto, a EPI representa melhor o contexto deste trabalho, que busca avaliar quão homogênea é a dispersão de enxames de robôs.

Experimentos e Análises

Neste capítulo, são apresentados os experimentos e as análises realizadas. O objetivo principal consiste em otimizar os parâmetros do modelo PheroCom (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025) por meio de AGs. Para isso, foi proposta uma função *fitness* baseada em entropia (ver Seção 4.2.2), que premia a homogeneidade do espalhamento do enxame. A Seção 5.1 detalha a configuração experimental, incluindo o ambiente de simulação e os parâmetros adotados. Já a Seção 5.2 expõe os resultados obtidos e as discussões.

5.1 Configuração Experimental

Todos os experimentos foram executados na plataforma MaSS (ver Seção 3.2). Devido à alta demanda de processamento exigida por algoritmos evolutivos de otimização, foi necessário o uso de uma linguagem de programação de alto desempenho, priorizando a eficiência computacional. Para isso, foram evitados custos desnecessários com interfaces gráficas e simulações de forças físicas, características já integradas à plataforma.

A Figura 9 ilustra a configuração dos ambientes utilizados. Esses ambientes possuem dimensões de (20×30) células, representando espaços internos (*indoor*) fechados, compostos por salas interligadas por portas. Para simplificar a interpretação, foram adotadas duas representações: uma grade regular de células e um grafo de conexão. Na grade, o ambiente é discretizado em células quadradas equidistantes, em que células cinzas indicam paredes (obstáculos intransponíveis) e células brancas representam áreas livres (permitem movimentação dos robôs). O grafo de conexão, por sua vez, exibe as relações entre as salas, com vértices simbolizando salas e arestas representando portas. Essa abordagem facilita a identificação de padrões estruturais, como regiões de acesso restrito.

Foram utilizados três ambientes distintos (Fig. 9): (i) o ambiente A1 (Fig. 9a) possui sete salas e sete portas, e o fluxo entre os lados esquerdo e direito do ambiente é definido por um único caminho. O seu grafo (Fig. 9b) revela agrupamentos entre as salas 1, 4 e 6, bem como entre as salas 2, 3, 5 e 7; (ii) o ambiente A2 (Fig. 9c) apresenta seis salas e cinco portas, concentrando o fluxo na sala central. O seu grafo (Fig. 9d) exibe uma

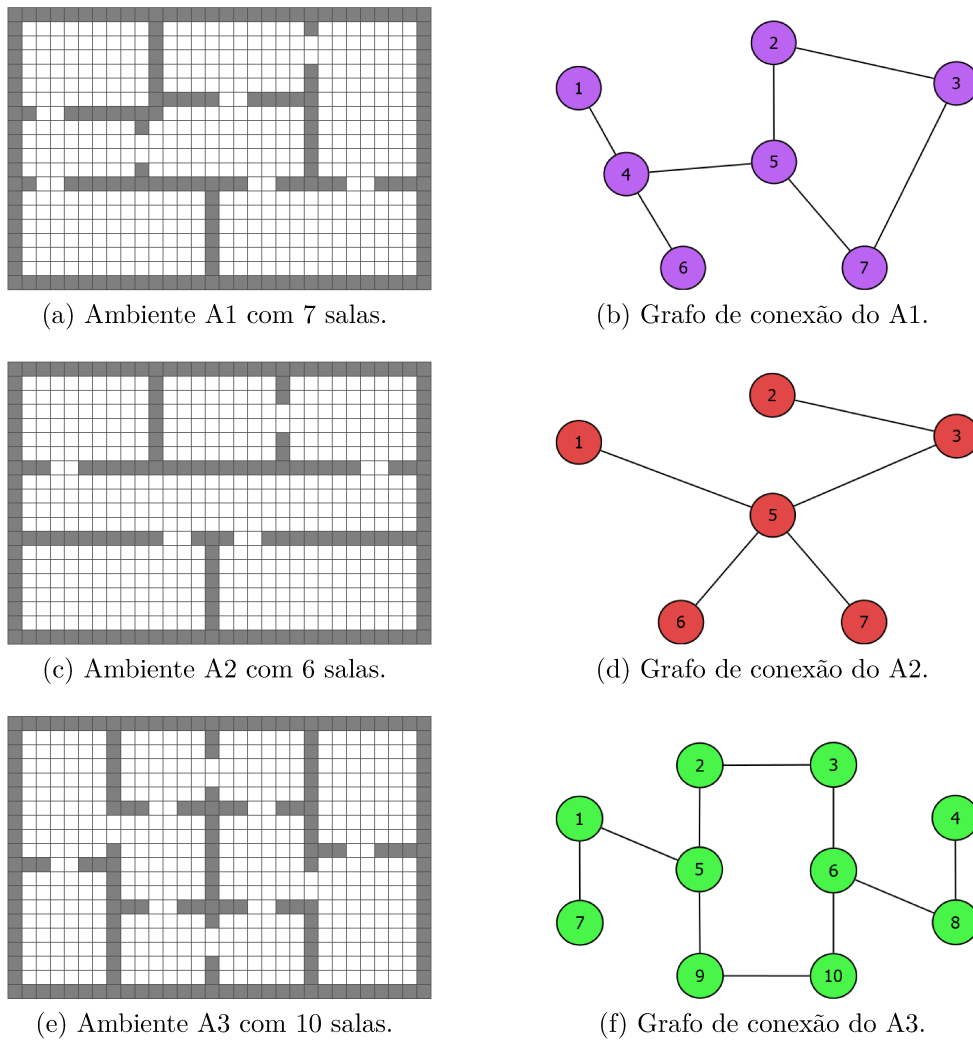


Figura 9 – Representação dos ambientes utilizados nas simulações por meio de uma grade regular de células e grafos de conexão representando as ligações entre as salas.

estrutura mais esparsa, refletindo menor conectividade entre as salas; e, por fim, (iii) o ambiente A3 (Fig. 9e) contém dez salas e dez portas, com bloqueio entre as salas centrais e isolamento das salas nas extremidades inferior esquerda e superior direita. O seu grafo (Fig. 9f) destaca a simetria e a maior complexidade em relação aos demais, sendo o mais simétrico e com a maior quantidade de salas dentre os três ambientes.

Em relação aos parâmetros adotados no AG, foram avaliados três tamanhos de população inicial: 50, 100 e 150 indivíduos. Em todas as configurações, o número máximo de gerações foi definido como 100. Durante a avaliação de cada indivíduo, o modelo PheroCom foi executado¹ 30 vezes, visando obter uma amostra estatisticamente significativa, com cada execução contemplando 1000 passos de tempo. Dadas as dimensões dos ambientes e a quantidade de salas, foi utilizado um time composto por três robôs. Adicionalmente, para comparar o desempenho do AG sob diferentes condições, foram avaliadas

¹ Os experimentos foram conduzidos em uma máquina Dual Intel Xeon E5-2680v4 CPU @2.40GHz – 3.30GHz (28 núcleos e 56 threads), 128GB RAM, AMD Radeon RX580 8GB, rodando Fedora 42.

cinco configurações distintas de taxa de mutação para cada tamanho da população inicial. Os detalhes completos dessas configurações são apresentados na Tabela 2.

Configurações	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15
Mutação (%)	2	4	6	8	10	2	4	6	8	10	2	4	6	8	10
População	50	50	50	50	50	100	100	100	100	100	150	150	150	150	150

Tabela 2 – Configurações de taxa de mutação e tamanho de população testadas no AG.

A Tabela 2 detalha 15 combinações paramétricas que foram avaliadas nos experimentos, organizando as taxas de mutação (2%, 4%, 6%, 8% e 10%) e os tamanhos de população (50, 100 e 150 indivíduos) em configurações sequenciais (C1 – C15). Pode-se observar que cada tamanho populacional foi associado às cinco taxas de mutação, totalizando cinco configurações por grupo (e.g., C1 – C5 para população 50; C6 – C10 para população 100; e, C11 – C15 para população 150). Essa abordagem sistemática permite avaliar como as variações nos parâmetros influenciam a convergência e a eficiência do modelo.

5.2 Experimentos

Nesta seção, são apresentados os resultados dos experimentos conduzidos conforme as configurações descritas na Seção 5.1. Os gráficos de resultados incluem cinco índices principais: Melhor Indivíduo, Pior Indivíduo, Média, Desvio Padrão e *Ground Truth*. O primeiro índice representa o valor máximo de avaliação em cada geração, e o segundo representa o valor mínimo. Já a média e o desvio padrão são obtidos a partir dos valores de todos os indivíduos da geração. O *ground truth* corresponde ao valor de referência obtido por Tinoco, Vizzari e Oliveira (2020), sendo fixado em 101 para todas as 15 configurações analisadas. Vale destacar que a avaliação de cada indivíduo é calculada a partir da média de 30 execuções do PheroCom (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025).

5.2.1 Exp-01: AG com população de 50 indivíduos

A Figura 10 apresenta os resultados dos experimentos conduzidos com uma população de 50 indivíduos (configurações C1 – C5, conforme a Tabela 2). Ao examinar a evolução da função *fitness* ao longo de 100 gerações, verificou-se que a configuração C4 (com taxa de mutação de 8%) obteve os maiores valores, alcançando 117 pontos de tarefa (Fig. 10a). Todas as configurações testadas superaram o valor de referência (*ground truth*) ao término das execuções. Além disso, os melhores indivíduos das demais configurações não só permaneceram próximos ao *ground truth*, como também o ultrapassaram em suas avaliações. Isso indica que, mesmo com a aplicação de uma penalização motivada pela entropia (a qual tende a reduzir as pontuações do AG), as diferenças em relação ao *ground truth* foram pouco expressivas. Esses achados sugerem que a cobertura realizada

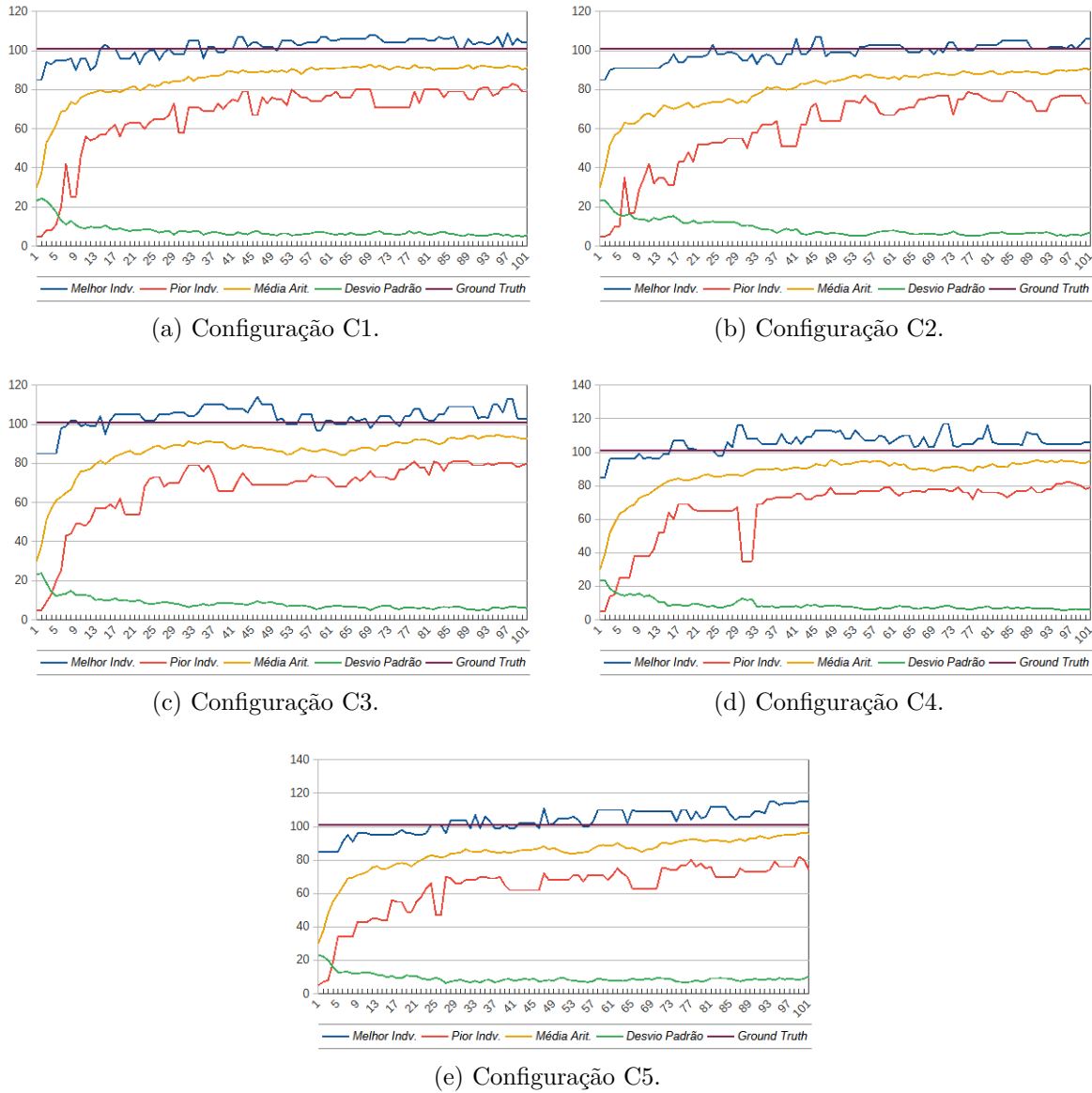


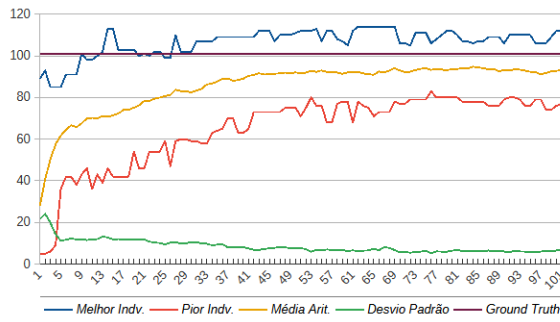
Figura 10 – Evolução ao longo das gerações do AG – Configurações C1 a C5.

pelos robôs manteve-se especialmente próxima da homogeneidade, i.e., a penalização não comprometeu de forma significativa a eficácia qualitativa do modelo.

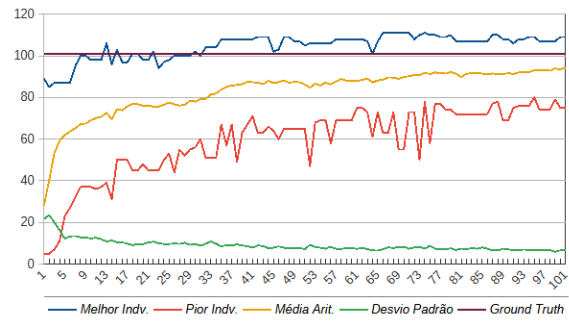
Outra observação importante é a evolução da qualidade da população. Tanto o valor do melhor quanto o do pior indivíduo evoluíram, o que reduziu a amplitude da distribuição. Na configuração C4, a média atingiu um pico de $95,16 \pm 5,86$ na geração 94 ($\approx 5,8\%$ abaixo do *ground truth* 101), indicando um aumento consistente na qualidade média da população. Esse padrão é compatível com o elitismo e operadores genéticos aplicados: os indivíduos mais aptos foram preservados e, ao mesmo tempo, originaram descendentes de maior qualidade, elevando tanto os extremos quanto a média. Além disso, os melhores dos piores indivíduos nas configurações C1–C5 apresentaram uma média de $81,4\%$ ($\approx 80,7\%$ do *ground truth*). Isso sugere que o limite inferior permaneceu elevado e consistente entre as configurações, corroborando uma melhoria generalizada da população.

5.2.2 Exp-02: AG com população de 100 indivíduos

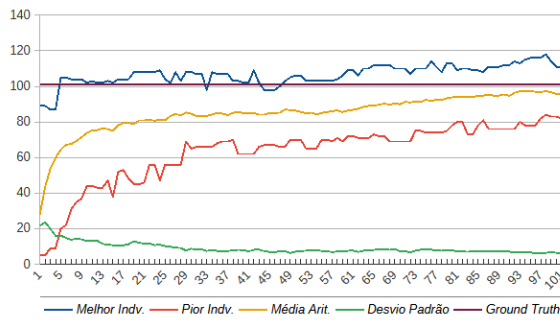
O AG também foi executado com uma população inicial de 100 indivíduos (Fig. 11). Novamente, todas as configurações analisadas (C6 – C10) superaram o *ground truth*. O pico máximo observado (119 pontos de tarefa na geração 26) ocorreu novamente com uma taxa de mutação de 8% (configuração C9), o que sugere que essa taxa proporciona o melhor equilíbrio entre exploração global (mutação) e exploração local (reprodução/*crossover*). Em comparação com os experimentos com 50 indivíduos (ver Seção 5.2.1), as diferenças no número de pontos de tarefa alcançados foram pequenas: a variação ficou na faixa de 3 a 5 pontos entre configurações com taxas de mutação similares. Além disso, todas as configurações apresentaram aumento percentual na média populacional, indicando que o AG explorou a variabilidade populacional para identificar soluções de melhor qualidade.



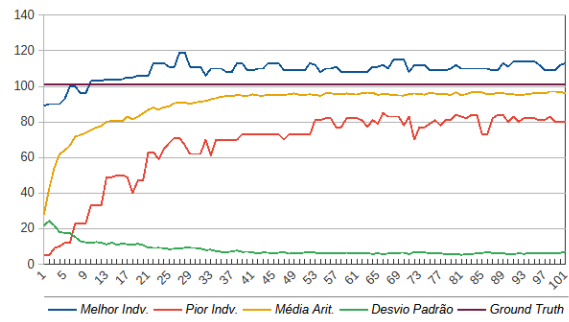
(a) Configuração C6.



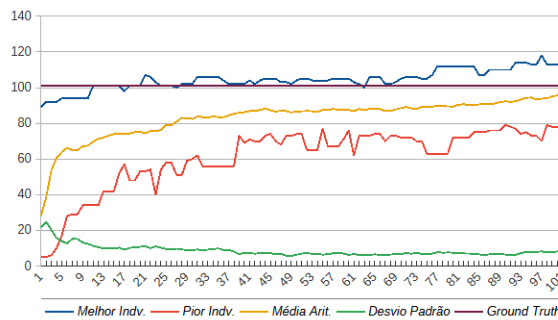
(b) Configuração C7.



(c) Configuração C8.



(d) Configuração C9.



(e) Configuração C10.

Figura 11 – Evolução ao longo das gerações do AG - Configurações de C6 a C10.

Taxas de mutação mais elevadas tendem a produzir oscilações mais frequentes nas curvas de desempenho, tanto em quedas abruptas (encontrando indivíduos piores) quanto em recuperações substanciais (encontrando indivíduos melhores). Essa dinâmica é consistente com o efeito esperado da mutação: ao introduzir variabilidade genética, reduz-se o risco de convergência prematura para ótimos locais, preservando a diversidade populacional e permitindo uma exploração mais ampla do espaço de busca. Por outro lado, essa mesma variabilidade aumenta a flutuação momentânea das métricas de aptidão ao longo das gerações. Assim, o comportamento oscilatório observado indica que o AG conseguiu, na prática, equilibrar mecanismos de intensificação e de exploração, favorecendo a busca global sem comprometer a capacidade de produzir soluções de alta qualidade.

5.2.3 Exp-03: AG com população de 150 indivíduos

Por fim, os experimentos foram conduzidos com uma população inicial de 150 indivíduos (Fig. 12). Nessa configuração, observaram-se as maiores margens de superação dos melhores indivíduos em relação ao *ground truth*: todas as cinco configurações (C11 – C15) o ultrapassaram ao longo da evolução, atingindo $\approx 24,4\%$ a mais de pontos de tarefa, o que indica um ganho consistente na qualidade das soluções. Além disso, esse comportamento está refletido nas médias populacionais compiladas na Tabela 3. Nos valores apresentados, os números fora dos colchetes correspondem ao aumento percentual das médias ao se passar de 50 para 100 indivíduos, enquanto os valores entre colchetes indicam o aumento percentual ao se passar de 50 para 150 indivíduos.

Tabela 3 – Médias populacionais por taxa de mutação e tamanho da população.

Mutação	Média das Populações			Aumento (%)
	População 50	População 100	População 150	50 \rightarrow 100 [100 \rightarrow 150]
2%	92,84	94,80	104,46	$\approx 2,11$ [12,52]%
4%	91,00	94,22	94,54	$\approx 3,54$ [3,89]%
6%	94,68	97,50	102,68	$\approx 2,98$ [8,45]%
8%	95,16	97,06	104,17	$\approx 2,00$ [9,47]%
10%	96,44	95,63	95,08	$\approx -0,84$ [-1,41]%

Nota-se que o maior incremento médio das médias populacionais ocorreu na configuração C11 (Fig. 12a – 2% de taxa de mutação), que apresentou um aumento de aproximadamente 12,51% ao comparar populações de 150 e 50 indivíduos (Tabela 3). A configuração C14 (Fig. 12d – 8% de taxa de mutação) também exibiu um ganho médio relevante, de aproximadamente 9,47%, enquanto a configuração C15 (Fig. 12e – 10% de taxa de mutação) apresentou uma redução média de cerca de -1,41%, indicando que uma taxa de mutação muito elevada pode degradar a performance média.

Do ponto de vista dinâmico, C14 e C15 exibem comportamentos distintos: (i) em C14, o *ground truth* foi ultrapassado já nas primeiras gerações (geração 6), houve uma

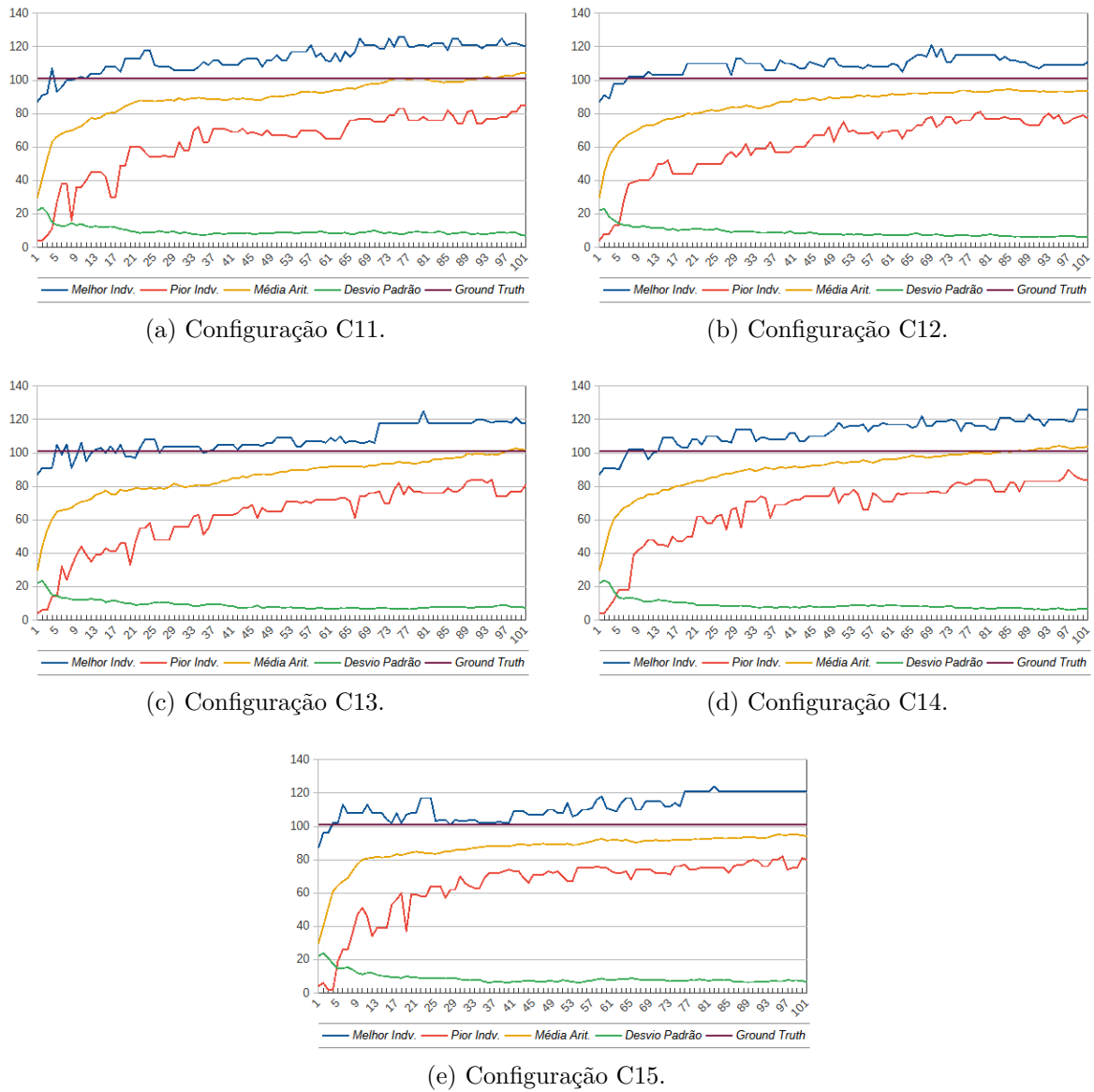


Figura 12 – Evolução ao longo das gerações do AG - Configurações de C11 a C15.

breve queda (geração 10) e uma posterior estabilização (geração 12); por sua vez, (ii) em C15, a primeira superação ocorreu ainda mais cedo (geração 3) e manteve-se sem retornos subsequentes. Em termos de valores máximos absolutos observados, C11 e C14 apresentaram os maiores valores na quantidade de pontos de tarefas atingidos, chegando a 126 pontos de tarefa em ambas as configurações.

Dessa forma, foi selecionada a configuração que apresentou o melhor balanceamento entre a homogeneidade de cobertura e a quantidade de pontos de tarefa atingidos:

Tabela 4 – Configuração do melhor indivíduo selecionado (ver Figura 8).

[0]	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]
0.005	0.350	0.030	2.501	0.838	0.126	0.127

5.2.4 Exp-04: Mapas de Pegadas

Os mapas de pegadas (ver Seção 3.3) representam a dispersão e acumulam a trajetória completa do enxame. Dessa forma, permitem verificar a homogeneidade da dispersão e identificar a frequência de visitação. Por acumularem toda a evolução, esses mapas possibilitam avaliar tanto a cobertura espacial quanto a persistência da vigilância.

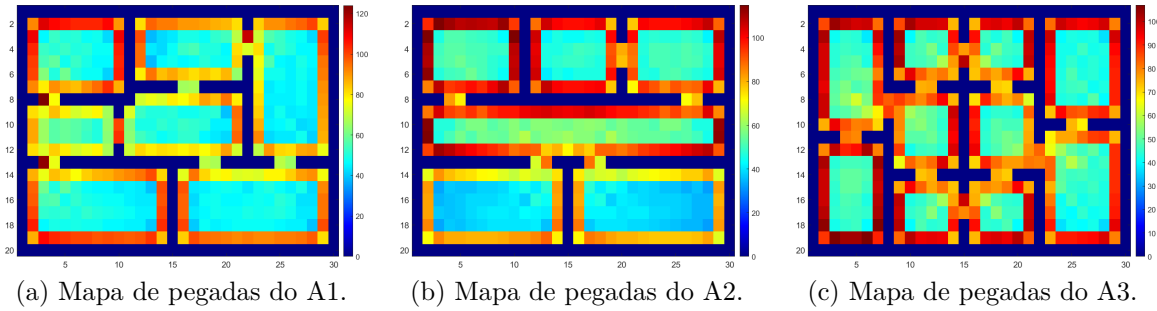


Figura 13 – Mapas de pegadas de espalhamento do enxame. A parametrização utilizada corresponde ao melhor indivíduo selecionado no processo evolutivo.

A Figura 13 apresenta os resultados dos experimentos realizados com mapas de pegadas, aplicando a parametrização do melhor indivíduo selecionado (Tabela 4). As Figuras 13a, 13b e 13c correspondem aos ambientes A1 (7 salas), A2 (6 salas) e A3 (10 salas), respectivamente. A análise empírica indica uma distribuição majoritariamente uniforme, com a maioria das células exibindo cores similares (entre azul claro e verde), correspondentes a ≈ 45 pegadas. Entretanto, algumas salas, como as salas 4 e 5 do ambiente A1 e a sala 5 do ambiente A2, registraram frequências mais elevadas, em torno de ≈ 65 pegadas. Esse padrão era esperado, pois essas salas atuam como pontos centrais de conexão entre outras regiões dos ambientes, conforme evidenciado nos grafos 9b e 9d, onde tais salas aparecem como vértices de maior grau.

Observa-se também um aumento significativo de pegadas em células adjacentes às paredes (≈ 100 pegadas). Embora esse efeito comprometa parcialmente a homogeneidade espacial, ele decorre da formulação da função de entropia adotada e da dinâmica probabilística do sistema: células próximas às paredes tendem a receber mais visitas dos robôs, influenciados pelo feromônio repulsivo. Assim, apesar da cobertura global ser adequada, a distribuição desigual evidencia oportunidades de ajuste para melhorar a uniformidade da exploração, particularmente em células com menor conectividade.

5.3 Considerações e Análise da Métrica

Nenhum dos experimentos apresentou uma convergência completa da população, i.e., os valores do melhor e do pior indivíduo nunca se igualaram. Isso confirma que a variabilidade genética foi mantida no AG, evitando que o algoritmo se estagnasse em ótimos

locais, o que garantiu a continuidade da evolução. Esse efeito positivo pode ser visto no comportamento das sequências de valores dos piores indivíduos, i.e., a presença de quedas (representadas pelas linhas vermelhas) mostra a mutação atuando para introduzir diversidade, validando a eficácia do AG aplicado.

Por outro lado, o melhor indivíduo apresentou oscilações nos gráficos e foi se aproximando progressivamente do *ground truth*, como era esperado. Os picos de alta na linha do melhor indivíduo reforçam o papel da variabilidade genética, uma vez que a mutação e o *crossover* geram soluções diferentes. A tendência de crescimento da curva indica que os valores não só se aproximaram do *ground truth*, como na maioria dos casos o superaram, alinhando-se à evolução esperada do algoritmo.

O desvio padrão, por sua vez, embora não tenha permanecido constante, sua redução moderada ao longo das gerações reflete uma convergência parcial, necessária para estabilizar semelhanças entre indivíduos (“parentes” genéticos). No entanto, a ausência de valores próximos a zero confirma que a diversidade foi preservada, equilibrando similaridade e variabilidade, o que é essencial para evitar uma estagnação precoce.

A entropia adaptada (ver Seção 4.2.2), funciona como um sistema de penalização que reduz as pontuações dos indivíduos no AG, sem deixá-los permanentemente abaixo do *ground truth*. Isso acontece porque o AG redefine continuamente os padrões de desempenho por meio de mutação e *crossover*, permitindo que surjam soluções melhores do que a referência inicial. A natureza estocástica do algoritmo faz com que as soluções iniciais (geradas aleatoriamente) variem em qualidade, podendo persistir ou não abaixo do *ground truth*. Apesar disso, os resultados são positivos, pois, mesmo com penalizações e incertezas, várias soluções foram equivalentes ou superiores ao *ground truth*.

Por fim, os experimentos mostraram que os melhores indivíduos tendem a melhorar à medida que o tamanho da população inicial aumenta. Além disso, nos experimentos com mapas de pegadas, a observação visual da dispersão dos robôs pelo ambiente confirmou a homogeneidade esperada, alinhando-se com os dados quantitativos da entropia adaptada. Essa correlação entre homogeneidade observada e eficiência na cobertura confirma a hipótese H1 (ver Seção 1.3): a inclusão da entropia como métrica no AG de fato permitiu identificar configurações que levam a uma distribuição mais uniforme dos robôs no ambiente, conforme proposto inicialmente.

Conclusão

Este trabalho investigou a aplicação de AGs no ajuste automático dos parâmetros do modelo PheroCom (TINOCO; MARTINS; OLIVEIRA, 2025). Por meio da adaptação da entropia na avaliação das soluções, buscou-se ampliar o equilíbrio da cobertura espacial e maximizar o desempenho coletivo do enxame.

A hipótese central deste trabalho está na utilização da entropia como métrica para analisar a homogeneidade da exploração do ambiente pelo enxame. Partiu-se do pressuposto de que, ao integrar essa métrica à função de aptidão (*fitness*) do AG, seria possível guiar o processo evolutivo rumo a distribuições mais equilibradas, elevando a eficiência global da cobertura. Para isso, a entropia foi adaptada especificamente ao contexto da cobertura espacial, oferecendo uma medida matemática capaz de quantificar o grau de uniformidade na exploração. Entre os desafios enfrentados, destacam-se o ajuste fino da influência da entropia, exigindo múltiplas iterações para encontrar um equilíbrio entre sensibilidade e robustez, e a elevada demanda computacional do processo.

Os resultados obtidos validaram a hipótese H1 deste trabalho (ver Seção 1.3): a integração da entropia como métrica de avaliação permitiu analisar a homogeneidade da exploração de forma eficaz, favorecendo soluções com a distribuição mais equilibrada dos robôs pelo ambiente e evitando a negligência de determinadas regiões. Além disso, foi possível observar que a parametrização por meio de AGs superou a configuração manual, aumentando a eficiência geral do modelo em $\approx 24,75\%$. No entanto, identificou-se que a métrica de entropia, por si só, não avalia diretamente a continuidade da vigilância, o que poderia limitar a sua aplicação em tarefas de monitoramento contínuo.

Dentre os trabalhos futuros, destacam-se: (i) a incorporação de métricas complementares à entropia; (ii) a exploração de técnicas de paralelização para reduzir o tempo de simulação; (iii) a análise do modelo otimizado em diferentes mapas com topologias variadas; (iv) a extensão do método para outros contextos, como a coordenação de UAVs em agricultura de precisão; (v) a investigação de outras abordagens de otimização bioinspiradas; e, (vi) a otimização da cobertura quanto à homogeneidade temporal.

Referências

AHUJA, R. K.; ORLIN, J. B. Commentary—developing fitter genetic algorithms. **INFORMS Journal on Computing**, INFORMS, v. 9, n. 3, p. 251–253, 1997. Disponível em: <<https://doi.org/10.1287/ijoc.9.3.251>>.

ALBANI, D. et al. Monitoring and mapping with robot swarms for agricultural applications. In: IEEE. **2017 14th IEEE International Conference on Advanced Video and Signal Based Surveillance (AVSS)**. Lecce, Italy, 2017. p. 1–6. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/AVSS.2017.8078478>>.

ALLAM, A. R. et al. Exploring swarm robotics for enhanced coordination and efficiency in logistics operations. **Robotics Xplore: USA Tech Digest**, v. 1, n. 1, p. 137–156, 2024.

BAYINDIR, L. A review of swarm robotics tasks. **Neurocomputing**, Elsevier, v. 172, p. 292–321, 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.neucom.2015.05.116>>.

BRAMBILLA, M. et al. Swarm robotics: a review from the swarm engineering perspective. **Swarm Intelligence**, Springer, v. 7, n. 1, p. 1–41, 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s11721-012-0075-2>>.

CHENG, K. P. et al. Multi-objective genetic algorithm-based autonomous path planning for hinged-tetro reconfigurable tiling robot. **IEEE Access**, IEEE, v. 8, p. 121267–121284, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3006579>>.

CHIN, C. S.; LIN, W. P. Robust genetic algorithm and fuzzy inference mechanism embedded in a sliding-mode controller for an uncertain underwater robot. **IEEE/ASME Transactions on Mechatronics**, IEEE, v. 23, n. 2, p. 655–666, 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/TMECH.2018.2806389>>.

GARCIA-AUNON, P.; CERRO, J. D.; BARRIENTOS, A. Behavior-based control for an aerial robotic swarm in surveillance missions. **Sensors**, MDPI, v. 19, n. 20, p. 4584, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/s19204584>>.

HALDER, S.; AFSARI, K. Robots in inspection and monitoring of buildings and infrastructure: A systematic review. **Applied Sciences**, MDPI, v. 13, n. 4, p. 2304, 2023. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/app13042304>>.

- HAO, K. et al. Path planning of mobile robots based on a multi-population migration genetic algorithm. **Sensors**, MDPI, v. 20, n. 20, p. 5873, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/s20205873>>.
- HUANG, Y. et al. A multi-agent reinforcement learning method for swarm robots in space collaborative exploration. In: IEEE. **2020 6th international conference on control, automation and robotics (ICCAR)**. Singapore, 2020. p. 139–144. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/ICCAR49639.2020.9107997>>.
- IKEDA, P. A. **Introdução aos Algoritmos Genéticos**. 2009. Disponível em: <<https://www.ime.usp.br/~gold/cursos/2009/mac5758/PatriciaGenetico.pdf>>.
- ISMAIL, A.; SHETA, A.; AL-WESHAH, M. A mobile robot path planning using genetic algorithm in static environment. **Journal of Computer Science**, v. 4, n. 4, p. 341–344, 2008.
- JAHANSHAHI, M. R. et al. Reconfigurable swarm robots for structural health monitoring: a brief review. **International Journal of Intelligent Robotics and Applications**, Springer, v. 1, p. 287–305, 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s41315-017-0024-8>>.
- KRAMER, O. **Genetic Algorithm Essentials**. Berlin, Germany: Springer, 2017.
- KUMAR, M. et al. Genetic algorithm: Review and application. **Available at SSRN 3529843**, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3529843>>.
- LÓPEZ-GONZÁLEZ, A. et al. Multi robot distance based formation using parallel genetic algorithm. **Applied Soft Computing**, Elsevier, v. 86, p. 105929, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.asoc.2019.105929>>.
- MA, J. et al. Robot path planning based on genetic algorithm fused with continuous bezier optimization. **Computational intelligence and neuroscience**, Hindawi, v. 2020, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1155/2020/9813040>>.
- MATHEW, T. V. Genetic algorithm. **Report submitted at IIT Bombay**, p. 53, 2012.
- MUCIENTES, M. et al. Design of a fuzzy controller in mobile robotics using genetic algorithms. **Applied Soft Computing**, Elsevier, v. 7, n. 2, p. 540–546, 2007. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.asoc.2005.05.007>>.
- NGUYEN, L. A.; HARMAN, T. L.; FAIRCHILD, C. Swarmathon: a swarm robotics experiment for future space exploration. In: IEEE. **2019 IEEE International Symposium on Measurement and Control in Robotics (ISMCR)**. 2019. p. B1–3. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/ISMCR47492.2019.8955661>>.
- NONOYAMA, K. et al. Energy-efficient robot configuration and motion planning using genetic algorithm and particle swarm optimization. **Energies**, MDPI, v. 15, n. 6, p. 2074, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/en15062074>>.
- PAPAZOGLU, G.; BISKAS, P. Review and comparison of genetic algorithm and particle swarm optimization in the optimal power flow problem. **Energies**, MDPI, v. 16, n. 3, p. 1152, 2023. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/en16031152>>.

- RAJ, R.; KOS, A. A comprehensive study of mobile robot: History, developments, applications, and future research perspectives. **Applied Sciences**, MDPI, v. 12, n. 14, p. 6951, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/app12146951>>.
- REEVES, C. R. A genetic algorithm for flowshop sequencing. **Computers & operations research**, Elsevier, v. 22, n. 1, p. 5–13, 1995. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/0305-0548\(93\)E0014-K](https://doi.org/10.1016/0305-0548(93)E0014-K)>.
- _____. Genetic algorithms. **Handbook of metaheuristics**, Springer, p. 109–139, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-1665-5_5>.
- ŞAHİN, E. Swarm robotics: From sources of inspiration to domains of application. In: SPRINGER. **International workshop on swarm robotics**. Berlin, Alemanha, 2004. p. 10–20. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-540-30552-1_2>.
- ŞAHİN, E. et al. Swarm robotics. In: **Swarm intelligence: introduction and applications**. Springer, 2008. p. 87–100. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-540-74089-6_3>.
- SASTRY, K.; GOLDBERG, D.; KENDALL, G. Genetic algorithms. **Search methodologies: Introductory tutorials in optimization and decision support techniques**, Springer, Boston, Estados Unidos, p. 97–125, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/0-387-28356-0_4>.
- SEHGAL, A. et al. Deep reinforcement learning using genetic algorithm for parameter optimization. In: IEEE. **2019 Third IEEE International Conference on Robotic Computing (IRC)**. Nápoles, Itália, 2019. p. 596–601. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/IRC.2019.00121>>.
- SHAHZAD, M. M. et al. A review of swarm robotics in a nutshell. **Drones**, MDPI, v. 7, n. 4, p. 269, 2023. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/drones7040269>>.
- SHANNON, C. E. A mathematical theory of communication. **The Bell system technical journal**, Nokia Bell Labs, v. 27, n. 3, p. 379–423, 1948. Disponível em: <<https://doi.org/10.1002/j.1538-7305.1948.tb01338.x>>.
- SMITH, J. M. **The theory of evolution**. United Kingdom: Cambridge University Press, 1993.
- STOLFI, D. H. et al. A cooperative coevolutionary approach to maximise surveillance coverage of uav swarms. In: IEEE. **2020 IEEE 17th annual consumer communications & networking conference (CCNC)**. Las Vegas, Estados Unidos, 2020. p. 1–6. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/CCNC46108.2020.9045643>>.
- TINOCO, C. R.; MARTINS, L. G. A.; OLIVEIRA, G. M. PheroCom: Decentralised and asynchronous robot swarm coordination framework based on virtual pheromone and vibroacoustic communication. **Swarm and Evolutionary Computation**, Elsevier, v. 99, p. 102083, 2025. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.swevo.2025.102083>>.
- TINOCO, C. R.; OLIVEIRA, G. M. B. Pheromone interactions in a cellular automata-based model for surveillance robots. In: SPRINGER. **Cellular Automata: 13th International Conference on Cellular Automata for Research and Industry (ACRI)**. Como, Italy, 2018. p. 154–165. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-99813-8_14>.

TINOCO, C. R.; VIZZARI, G.; OLIVEIRA, G. M. B. Parameter adjustment of a bio-inspired coordination model for swarm robotics using evolutionary optimisation. In: SPRINGER. **Cellular Automata: 14th International Conference on Cellular Automata for Research and Industry (ACRI)**. Łódź, Poland, 2020. p. 146–155. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-030-69480-7_15>.

_____. Parameter adjustment of a bio-inspired coordination model for swarm robotics using evolutionary optimisation. In: SPRINGER. **Cellular Automata: 14th International Conference on Cellular Automata for Research and Industry, ACRI 2020, December 2–4, 2020, Proceedings 14**. Lodz, Poland, 2021. p. 146–155. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-030-69480-7_15>.

TORRES, G. A. S. et al. Genetic algorithm-driven optimization for enhanced accessibility in mobile robotics. In: IEEE. **10th International Conference on Control, Automation and Robotics (ICCAR)**. Orchard District, Singapore, 2024. p. 109–115. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/ICCAR61844.2024.10569344>>.

TSAI, C.-C.; HUANG, H.-C.; CHAN, C.-K. Parallel elite genetic algorithm and its application to global path planning for autonomous robot navigation. **IEEE Transactions on Industrial Electronics**, IEEE, v. 58, n. 10, p. 4813–4821, 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/TIE.2011.2109332>>.

WANG, M. et al. A PSO-based CPG model parameter optimization method for biomimetic robotic fish. In: IEEE. **Chinese Automation Congress (CAC)**. Jinan, China, 2017. p. 3445–3449. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/CAC.2017.8243376>>.

WHITLEY, D. A genetic algorithm tutorial. **Statistics and computing**, Springer, v. 4, n. 2, p. 65–85, 1994. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/BF00175354>>.

YADAV, S. L.; SOHAL, A. Comparative study of different selection techniques in genetic algorithm. **International Journal of Engineering, Science and Mathematics**, International Journals of Multidisciplinary Research Academy, v. 6, n. 3, p. 174–180, 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/ABLAZE.2015.7154916>>.

ZHAN, Z.-H. et al. A survey on evolutionary computation for complex continuous optimization. **Artificial Intelligence Review**, Springer, v. 55, n. 1, p. 59–110, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s10462-021-10042-y>>.