POP - dokumentacja wstępna

Piotr Jabłoński (325163) i Paweł Wysocki (325248)

Listopad 2024

Contents

1 Temat projektu

Celem naszego projektu jest rozwiązanie problemu plecakowego dla danych skorelowanych i nieskorelowanych używając algorytmu PBIL oraz porównanie jego działania z inną metodą. Należy dokonać dokładnej analizy statystycznej uzyskanych wyników.

Jako alternatywną metodę rozwiązania wybraliśmy **algorytm A***.

2 Opis problemu

Problem plecakowy jest jednym z najpopularniejszych problemów optymalizacyjnych. Dysponujemy w nim listą n przedmiotów, gdzie dla każdego z nich zdefiniowane są:
- wartość p_i,
- waga w_i.
Jest to problem maksymalizacyjny - należy wybrać z puli k przedmiotów, dla których:

- suma wartości $\sum_{i=1}^{n} x_i p_i$ jest największa,
- suma ich wag $\sum_{i=1}^{n} x_i w_i$ nie przekracza maksymalnej pojemności plecaka W,
- gdzie $x_i \in \{0, 1\}$ - decyzja o spakowaniu przedmiotu.

2.1 Funkcja celu

Maksymalizowaną funkcją celu w problemie plecakowym jest wspomniana wcześniej suma wartości:

$$f(x) = \sum_{i=1}^{n} x_i \cdot p_i$$

Rozwiązania niespełniające wymagania wagowego **zostaną obciążone funkcją kary w postaci sumy wartości wszystkich dostępnych przedmiotów**.

2.2 Reprezentacja rozwiązania

W klasycznym problemie plecakowym reprezentacją zadania jest wektorem bitów, gdzie i-ty bit informuje o decyzji, czy i-ty przedmiot został spakowany (efektywnie jest to reprezentacja wspomnianej we wcześniejszych wzorach zmiennej x_i).
Przykładowe reprezentacje mogą wyglądać następująco:

```
01101011        spakowanie przedmiotów nr 2,3,5,7 i 8
11111111        spakowanie wszystkich przedmiotów
00000000        niespakowanie żadnego przedmiotu
```

3 Algorytmy

3.1 PBIL (Population-Based Incremental Learning)

Algorytm PBIL należy do rodziny algorytmów EDA (Estimation of Distribution Algorithm), polegających na próbkowaniu i oszacowywaniu rozkładu prawdopodobieństwa wybranych rozwiązań zawartych w populacji, zamiast klasycznej ewolucji przez losowe krzyżowanie osobników. Dystrybucja prawdopodobieństwa kolejnych bitów w chromosomie jest niezależna od punktu startowego, dzięki temu algorytm można swobodnie modyfikować i optymalizować pod kątem własnych potrzeb.

Algorytm działa na zasadzie iteracyjnej poprawy populacji początkowej poprzez:

1. generację M osobników z populacji P^t
2. ewaluację i wybór najlepszych N wygenerowanych osobników - podzbiór O^t
3. tworzenie nowej populacji P^{t+1} na podstawie populacji P^t oraz O^t
4. mutację populacji P^{t+1}

3.1.1 Pseudokod algorytmu

Algorithm 1 Algorytm PBIL

```
initialize(p^0)                    ▷ Inicjalizacja wektora prawdopodobieństw
t = 0
while !stop do
    P^t = sample(p^t, M)           ▷ Generowanie M osobników zgodnie z rozkładem p^t
    O^t = select(P^t, N)           ▷ Selekcja N najlepszych osobników z wygenerowanej populacji
    p^{t+1} = update(O^t, p^t, a)  ▷ Aktualizacja wektora z użyciem wybranych osobników
    p^{t+1} = mutate(p^{t+1})      ▷ Mutacja wektora prawdopodobieństw
    t+ = 1
end while
```

Warunkiem stopu będzie osiągnięcie limitu iteracji, osiągnięcie satysfakcjonującego rozwiązania lub ustabilizowanie się wektora prawdopodobieństwa (bardzo mały stopień poprawy jakości dla kolejnych generacji).

3.1.2 Reprezentacja zadania

W klasycznych algorytmach ewolucyjnych rozwiązaniem zadania jest konkretny osobnik, a w każdej iteracji osobniki są mutowane indywidualnie. Natomiast w przypadku algorytmów EDA optymalizuje się cały genotyp populacji na raz. Każda populacja jest reprezentowana jako dystrybucja prawdopodobieństwa. Algorytm PBIL reprezentuje populację jako wektor prawdopodobieństw (p^t):

$$p^t = [p_1^t, p_2^t, \ldots, p_n^t]$$

Wektor ten będzie optymalizowany według funkcji celu. Jest on inicjowany wartościami 0.5, dzięki czemu początkowy rozkład jest równomierny i poszukiwanie rozwiązania nie jest obciążone.

3.1.3 Funkcja `update`

Funkcja ta jest odpowiedzialna za aktualizację wektora prawdopodobieństw na podstawie częstotliwości występowania jedynek dla każdego genu wśród osobników ze zbioru O^t. Wzór funkcji przedstawiono poniżej:

$$p^{t+1} = (1 - a) \cdot p^t + a \cdot \frac{1}{N} \sum_{x \in O^t} x$$

gdzie:

- a - learning rate
- $\mathbf{x}$ - pojedynczy osobnik, binarny wektor opisany w reprezentacji rozwiązania

3.1.4 Hiperparametry

Zadanie wymaga ustalenia wartości następujących parametrów:

- M - rozmiar generowanej populacji
- N - liczba najlepszych osobników wybieranych z wygenerowanej populacji
- a - learning rate algorytmu

3.2 Algorytm A*

Algorytm A* jest przykładem algorytmu wyczerpującego przeszukiwania przestrzeni. Jest to algorytm zupełny i optymalny, czyli gwarantuje znalezienie optymalnego rozwiązania, jeżeli tylko takowe istnieje. Jest on powszechnie wykorzystywany do rozwiązywania problemów reprezentowanych przez strukturę drzewiastą. Jego gwarancja znalezienia optymalnego rozwiązania czyni go bardzo ciekawym w kontekście porównania wyników z algorytmem PBIL.

3.2.1 Reprezentacja rozwiązania w A*

Algorytm A* wymaga reprezentacji przestrzeni rozwiązań w strukturze drzewiastej, więc reprezentację z pierwszego podejścia należy rozszerzyć o dodatkową wartość ?, która oznacza, że **nie podjęto jeszcze decyzji o tym przedmiocie**. Na każdym następnym poziomie drzewa znajdujący się najbardziej na lewo ? zostaje zastąpiony wartością 0 (przedmiot nie został spakowany) lub 1 (przedmiot spakowano). Węzły terminalne to takie, które nie spełniają założeń zadania niezależnie od tego, jakie decyzje zostaną jeszcze podjęte (przekroczenie wagi), lub takie, dla których zostały podjęte wszystkie decyzje. Przykładowe reprezentacje wyglądają następująco:

```
????????      punkt startowy algorytmu, nie podjęto żadnej decyzji
01??????      spakowanie 2; reszta nieznana - poziom 2 drzewa
01101???      spakowanie 2,3,5; reszta nieznana
01101110      spakowanie 2,3,5,6,7; węzeł końcowy
```

3.2.2 Funkcja celu

W przypadku algorytmu A*, **maksymalizowana** funkcji celu ma postać:

$$f(x) = g(x) + h(x)$$

gdzie:

- $g(x)$ - funkcja zysku
- $h(x)$ - funkcja heurystyczna

3.2.3 Funkcja zysku

Funkcja zysku ma postać:

$$g(x) = \sum_{i=1}^{n} x_i \cdot p_i$$

Jest ona trywialna - stanowi sumę wartości spakowanych przedmiotów.

3.2.4 Funkcja heurystyczna

Musi być:

- dopuszczalna: $g(x) + h(x) \geq g(x_t)$ - musi cechować się tzw. "nadmiernym optymizmem", czyli przeszacowywać możliwy zysk.
- monotoniczna: $g(x_j) + h(x_j) \leq g(x_i) + h(x_i)$ - błąd oszacowania musi maleć wraz ze zbliżaniem się do rozwiązania.

Zaproponowana przez nas funkcja heurystyczna to:

$$h(x) = \sum_{i:x_i=?}^{n} y_i \cdot p_i$$

gdzie:

- $i : x_i =?$ - indeksy w x dla przedmiotów, dla których nie podjęto jeszcze decyzji
- $y_i \in [0; 1]$ - zmienna ułamkowa (**w funkcji heurystycznej dopuszczamy pakowanie części przedmiotów**) wyznaczana wg wzoru:

$$\sum_{i:x_i=?}^{n} y_i \cdot w_i = W - \sum_{i=1}^{n} x_i \cdot w_i$$

Maksymalizacja funkcji celu sprawia, że w funkcji heurystycznej będą premiowane przedmioty o najwyższych współczynnikach $\frac{p_i}{w_i}$. Funkcja ta jest dopuszczalna i monotoniczna, więc nadaje się na funkcję heurystyczną do naszego zadania.

4 Plan eksperymentów

W celu przeprowadzenia dokładnej analizy statystycznej porównującej efektywność obu metod, wymagane jest odpowiednie środowisko testowe. Do tego zadania wybraliśmy 3 różne problemy plecakowe, które różnią się od siebie poziomem skorelowania danych:

1. Dane nieskorelowane
2. Dane średnio skorelowane
3. Dane mocno skorelowane

Testy przeprowadzimy dla różnej maksymalnej ilości przedmiotów, wagi przedmiotu oraz pojemności plecaka. Takie podejście pozwoli na sprawdzenie efektywności metody PBIL w porównaniu do algorytmu A*, który zawsze znajdzie optymalne rozwiązanie.

4.1 Badane czynniki

W naszej analizie skupimy się na następujących czynnikach:

- jakość wyznaczonego rozwiązania
- czas dojścia do optymalnego rozwiązania
- wpływ parametrów na działanie algorytmu

Wszelkie eksperymenty zostaną wykonane wielokrotnie w celu uwiarygodnienia wyników i eliminacji wpływu czynników zewnętrznych (np. dodatkowe obciążenie w tle podczas mierzenia czasu wyznaczania rozwiązań). Dodatkowo, skorzystamy ze standardowych metryk analizy statystycznej, tj. wartości maksymalnej, średniej i odchylenia standardowego dla każdego czynnika. Wszelkie zebrane dane zostaną przedstawione na odpowiednich wykresach i szczegółowo przeanalizowane.