EEE933 - Design and Analysis of Experiments

Case Study 02

This version was compiled on May 14, 2018

Experiment: Comparação de desempenho de duas configurações de um algoritmo de otimização

Apresentação. Algoritmos baseados em populações são uma alternativa comum para a solução de problemas de otimização em engenharia. Tais algoritmos normalmente consistem de um ciclo iterativo, no qual um conjunto de soluções-candidatas ao problema são repetidamente sujeitas a operadores de variação e seleção, de forma a promover uma exploração do espaço de variáveis do problema em busca de um ponto de ótimo (máximo ou mínimo) de uma dada função-objetivo.

Dentre estes algoritmos, um método que tem sido bastante utilizado nos últimos anos é conhecido como *evolução diferencial* (DE, do inglês *differential evolution*)(Storn and Price, 1997). De forma simplificada, este método é composto pelos seguintes passos:

Suponha que um pesquisador está interessado em investigar o efeito de duas configurações distintas deste algoritmo em seu desempenho para um dado problema.

Atividades. Como forma de análise preliminar deste problema, cada equipe terá como tarefa a comparação experimental de duas configurações em um único problema de teste. O objetivo deste estudo é responder às seguintes perguntas:

Há alguma diferença no desempenho médio do algoritmo quando equipado com estas diferentes configurações, para o problema de teste utilizado? Caso haja, qual a melhor configuração em termos de desempenho médio (atenção: quanto menor o valor retornado, melhor o algoritmo), e qual a magnitude das diferenças encontradas? Há alguma configuração que deva ser recomendada em relação à outra?

Os seguintes parâmetros experimentais são dados para este estudo:

- Mínima diferença de importância prática (padronizada): $(d^* = \delta^*/\sigma) = 0.25$
- Significância desejada: $\alpha = 0.05$
- Potência mínima desejada (para o caso $d = d^*$): $\pi = 1 \beta = 0.85$

Informações operacionais. Para a execução dos experimentos, instale o pacote ExpDE (Campelo and Botelho, 2016):

```
install.packages("ExpDE")
library(ExpDE)
```

Os parâmetros fixos do algoritmo (ao longo de toda a experimentação) são dados por:

```
selpars <- list(name = "selection_standard")
stopcrit <- list(names = "stop_maxeval", maxevals = 50000, maxiter = 1000)
probpars <- list(name = "sphere", xmin = -seq(1, 20), xmax = 20 + 5 * seq(5, 24))</pre>
```

As configurações que deverão ser comparadas por cada equipe passaram por uma etapa anterior de ajuste de parâmetros. Suas definições são dadas por:

```
# Equipe A

## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_arith")
mutpars1 <- list(name = "mutation_rand", f = 4)
popsize1 <- 300

## Config 2
recpars2 <- list(name = "recombination_bin", cr = 0.7)
mutpars2 <- list(name = "mutation_best", f = 3)
popsize2 <- 300</pre>
```

```
# Equipe B

## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_exp", cr = 0.6)
mutpars1 <- list(name = "mutation_best", f = 2)
popsize1 <- 130

## Config 2
recpars2 <- list(name = "recombination_geo", alpha = 0.6)
mutpars2 <- list(name = "mutation_rand", f = 1.2)
popsize2 <- 70</pre>
```

```
# Equipe C

## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_blxAlphaBeta", alpha = 0, beta = 0)
mutpars1 <- list(name = "mutation_rand", f = 4)
popsize1 <- 200

## Config 2
recpars2 <- list(name = "recombination_linear")
mutpars2 <- list(name = "mutation_rand", f = 1.5)
popsize2 <- 250</pre>
```

```
# Equipe E
## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_lbga")
mutpars1 <- list(name = "mutation_rand", f = 4.5)
popsize1 <- 300

## Config 2
recpars2 <- list(name = "recombination_blxAlphaBeta", alpha = 0.1, beta = 0.4)
mutpars2 <- list(name = "mutation_rand", f = 3)
popsize2 <- 80</pre>
```

```
# Equipe F

## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_mmax", lambda = 0.25)
mutpars1 <- list(name = "mutation_best", f = 4)
popsize1 <- 375

## Config 4
recpars1 <- list(name = "recombination_npoint", N = 17)
mutpars1 <- list(name = "mutation_rand", f = 2.2)
popsize1 <- 225</pre>
```

```
## Equipe G

## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_blxAlphaBeta", alpha = 0, beta = 0)
mutpars1 <- list(name = "mutation_rand", f = 4)
popsize1 <- 200

## Config 2
recpars2 <- list(name = "recombination_exp", cr = 0.6)
mutpars2 <- list(name = "mutation_best", f = 2)
popsize2 <- 130</pre>
```

```
# Equipe I

## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_blxAlphaBeta", alpha = 0.4, beta = 0.4)
mutpars1 <- list(name = "mutation_rand", f = 4)
popsize1 <- 230

## Config 2
recpars2 <- list(name = "recombination_wright")
mutpars2 <- list(name = "mutation_best", f = 4.8)
popsize2 <- 113</pre>
```

```
# Equipe J

## Config 1
recpars1 <- list(name = "recombination_mmax", lambda = 0.25)
mutpars1 <- list(name = "mutation_best", f = 4)
popsize1 <- 375

## Config 2
recpars2 <- list(name = "recombination_geo", alpha = 0.6)
mutpars2 <- list(name = "mutation_rand", f = 1.2)
popsize2 <- 70</pre>
```

Cada observação individual do desempenho do algoritmo equipado com um dado operador pode ser obtida através dos comandos abaixo:

onde *popsizeX*, *mutparsX* a *recparsX* devem ser substituídos pelas variáveis apropriadas (e.g., *popsize1*, *popsize2* etc.).

Outras definições. Este estudo de caso consiste das seguintes etapas:

- 1. Formulação das hipóteses de teste;
- 2. Cálculo do tamanho amostral;
- 3. Coleta e tabulação dos dados;
- 4. Teste das hipóteses;
- 5. Estimação dos tamanhos de efeito e dos intervalos de confiança;
- 6. Verificação das premissas dos testes;
- 7. Derivação de conclusões;
- 8. Discussão sobre possíveis limitações do estudo e sugestões de melhoria.

Lembre-se que as conclusões devem ser colocadas no contexto das perguntas técnicas de interesse.

Relatório. Cada equipe deverá entregar um relatório detalhando o experimento e a análise dos dados. O relatório será avaliado de acordo com os seguintes critérios:

- Obediência ao formato determinado (ver abaixo);
- Reproducibilidade dos resultados;
- Qualidade técnica;

- Estrutura da argumentação;
- Correto uso da linguagem (gramática, ortografia, etc.);

O relatório deve *obrigatoriamente* ser produzido utilizando R Markdown (opcionalmente utilizando estilos distintos, como o do presente documento), e deve conter todo o código necessário para a reprodução da análise obtida, embutido na forma de blocos de código no documento. Os grupos devem enviar:

- O arquivo .Rmd para geração do relatório.
- O arquivo .pdf compilado a partir do .Rmd.
- O arquivo de dados utilizado, em formato .csv.

O arquivo **.Rmd** deve ser capaz de ser compilado em um pdf sem erros, e deve assumir que o arquivo de dados se encontra no mesmo diretório do arquivo do relatório. Modelos de estudos de caso estão disponíveis no repositório da disciplina no github. Caso a equipe deseje utilizar o estilo do presente documento, pode consultar seu código-fonte no repositório (note que o mesmo requer a instalação do pacote *pinp*).

Importante: Salve seu arquivo .Rmd em UTF-8 (para evitar erros na compilação em outros sistemas). Importante: Inclua no relatório os papéis desempenhados por cada membro da equipe (Relator, Verificador etc.) Relatórios serão aceitos em português ou inglês.

Entrega. Os arquivos relativos a este estudo de caso (pdf + rmd + csv) deverão ser comprimidos em um .ZIP e submetidos via Moodle, na atividade **Case Study 02**, até a data-limite de **Sexta-feira**, **25 de maio de 2018**, às **23:55h**. Após esta data o sistema estará fechado para recebimento.

Importante: Apenas uma submissão por equipe é necessária.

Importante: Relatórios não serão recebidos por e-mail ou em formato impresso.

References

Campelo F, Botelho M (2016). "Experimental Investigation of Recombination Operators for Differential Evolution." In *Proc. Genetic and Evolutionary Computation Conference - GECCO'2016*.

Storn R, Price K (1997). "Differential Evolution: A Simple and Efficient Heuristic for Global Optimization over Continuous Spaces." *J. of Global Optimization*, **11**(4), 341–359.