Algorytmy minimalizacji stochastycznej

Dariusz Marecik, Michał Szymocha

Wprowadzenie

Cel i zakres projektu:

Celem projektu jest przeprowadzenie statystycznego porównania działania wybranych algorytmów minimalizacji stochastycznej. Do porównania wybraliśmy:

- Pure Random Search (PRS)
- Algorytm Genetyczny (GA).

Porównanie odbywa się na dwóch funkcjach z pakietu smoof, dla różnych liczby wymiarów (2, 10 i 20), co daje łącznie 6 przypadków testowych. Wybraliśmy poniższe funkcje:

- Rosenbrock
- Rastrigin

Opis algorytmów stochastycznych

Pure Random Search (PRS)

Pure Random Search (PRS) to prosty algorytm minimalizacji stochastycznej, w którym losujemy zadaną liczbę punktów z rozkładem jednostajnym w określonej dziedzinie. W każdym kroku algorytmu generowany punkt jest porównywany z dotychczas znalezionym minimum. Jeśli wartość funkcji minimalizowanej w nowo wylosowanym punkcie jest mniejsza niż wartość w dotychczasowym minimum, nowy punkt zostaje zapisany jako aktualne minimum. Proces ten trwa do wyczerpania określonego budżetu, którym jest liczba wywołań funkcji celu. PRS charakteryzuje się prostotą implementacji, jednak jego skuteczność jest ograniczona w przypadku bardziej złożonych funkcji, ponieważ nie wykorzystuje on żadnych informacji o strukturze przestrzeni poszukiwań.

Algorytm Genetyczny (GA)

Algorytm Genetyczny (GA) to metaheurystyczny algorytm minimalizacji, inspirowany procesami ewolucji biologicznej, takimi jak selekcja naturalna, rekombinacja (krzyżowanie) i mutacja. Proces rozpoczyna się od wygenerowania początkowej populacji osobników (punktów w przestrzeni poszukiwań). Każdy osobnik reprezentuje potencjalne rozwiązanie, którego jakość oceniana jest za pomocą funkcji celu. W kolejnych iteracjach algorytmu populacja ewoluuje poprzez wybór osobników o najlepszej wartości funkcji celu, ich rekombinację w celu generowania nowego potomstwa oraz wprowadzenie mutacji, aby zwiększyć różnorodność rozwiązań. Proces ewolucji trwa do wyczerpania budżetu, określonego przez liczbę wywołań funkcji celu. Algorytmy genetyczne są szczególnie efektywne w problemach złożonych i nieliniowych, ponieważ potrafią eksplorować przestrzeń rozwiązań w sposób globalny, unikając lokalnych minimów. W projekcie GA został zaimplementowany przy użyciu pakietu GA, z powodu utrudnionego dostępu do wyznaczone biblioteki ECR na systemie Linux.

Opis funkcji testowych

Rosenbrock

Funkcja Rosenbrocka, znana jako "dolina Rosenbrocka", jest popularnym benchmarkiem w optymalizacji. Jej globalne minimum wynosi 0 i znajduje się w punkcie $(1,1,\ldots,1)$. Funkcja charakteryzuje się wąską, zakrzywioną doliną, co utrudnia szybkie znalezienie globalnego minimum. Definicja funkcji w n-wymiarach to:

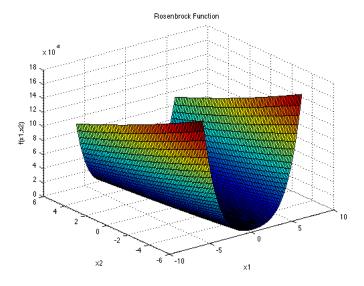


Figure 1: Funkcja Rosenbrocka

$$f(x) = \sum_{i=1}^{n-1} \left[100 \cdot (x_{i+1} - x_i^2)^2 + (1 - x_i)^2 \right]$$

Ze względu na swoją strukturę, jest używana do oceny wydajności algorytmów w trudnych problemach optymalizacyjnych.

Rastrigin

Funkcja Rastrigina to popularny benchmark w optymalizacji globalnej, charakteryzujący się wieloma lokalnymi minimami. Jej globalne minimum wynosi 0 i znajduje się w punkcie $(0,0,\ldots,0)$. Jest definiowana w n-wymiarach jako:

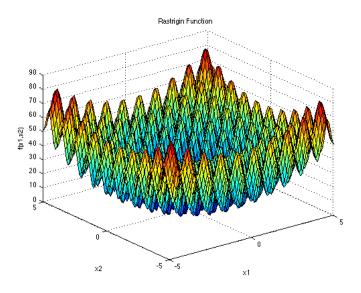


Figure 2: Funkcja Rastrigina

$$f(x) = 10n + \sum_{i=1}^{n} \left[x_i^2 - 10\cos(2\pi x_i) \right]$$

Ze względu na swoją oscylacyjną strukturę, jest wyzwaniem dla algorytmów optymalizacyjnych, które muszą unikać lokalnych minimów.

Wyniki pomiarów

Funkcja Rosenbrock_2d

$\mathbf{G}\mathbf{A}$

• Średnia: 0.0014457

• Wartość najmniejsza: 1.9954912×10^{-6}

- Wartość największa: 0.0113938 - Mediana: 4.5847671×10^{-4}

• Dolny kwartyl: 1.3906552×10^{-4}

• Górny kwartyl: 0.0019656

PRS

• Średnia: 0.6352191

• Wartość najmniejsza: 9.802483×10^{-4}

• Wartość największa: 3.1564301

• Mediana: 0.3594845

• Dolny kwartyl: 0.1115122

Górny kwartyl: 0.9464197

Funkcja Rosenbrock_10d

GA

• Średnia: 29.1559494

Wartość najmniejsza: 3.617606Wartość największa: 92.0651547

Mediana: 16.1750412Dolny kwartyl: 6.2920175Górny kwartyl: 46.7468387

PRS

• Średnia: 2.9121334×10^4

• Wartość najmniejsza: 5815.9839619• Wartość największa: 6.4402869×10^4

• Mediana: 2.8268442×10^4 • Dolny kwartyl: 2.0485542×10^4 • Górny kwartyl: 3.500127×10^4

Funkcja Rosenbrock_20d

GA

• Średnia: 91.3508244

Wartość najmniejsza: 17.3360315Wartość największa: 301.88964

Mediana: 80.2567057Dolny kwartyl: 59.8897617Górny kwartyl: 115.6388017

PRS

• Średnia: 2.9895274×10^5

- Wartość najmniejsza: 1.4818636×10^5 - Wartość największa: 5.1613703×10^5

• Mediana: 2.8429086×10^5 • Dolny kwartyl: 2.4049894×10^5 • Górny kwartyl: 3.4163166×10^5

Funkcja Rastrigin 2d

$\mathbf{G}\mathbf{A}$

• Średnia: 1.740871×10^{-5}

- Wartość najmniejsza: 5.6730443×10^{-9} - Wartość największa: 2.9424851×10^{-4}

• Mediana: 1.6763119×10^{-6}

• Dolny kwartyl: 4.8846002×10^{-7} • Górny kwartyl: 1.4728852×10^{-5}

PRS

• Średnia: 1.8839707

Wartość najmniejsza: 0.2035502
Wartość największa: 5.0465975

• Mediana: 1.8695663

Dolny kwartyl: 1.146566Górny kwartyl: 2.4386977

Funkcja Rastrigin_10d

$\mathbf{G}\mathbf{A}$

• Średnia: 0.3847043

• Wartość najmniejsza: 6.2681732×10^{-4}

• Wartość największa: 6.2663592

Mediana: 0.0140312Dolny kwartyl: 0.0066094Górny kwartyl: 0.0356625

PRS

• Średnia: 87.0750391

Wartość najmniejsza: 63.3698613Wartość największa: 106.6035558

Mediana: 88.3131415Dolny kwartyl: 81.5843454Górny kwartyl: 92.6782105

Funkcja Rastrigin_20d

GA

• Średnia: 3.1371451

Wartość najmniejsza: 0.0456128Wartość największa: 58.0898348

Mediana: 0.3551376Dolny kwartyl: 0.1480951Górny kwartyl: 2.815574

PRS

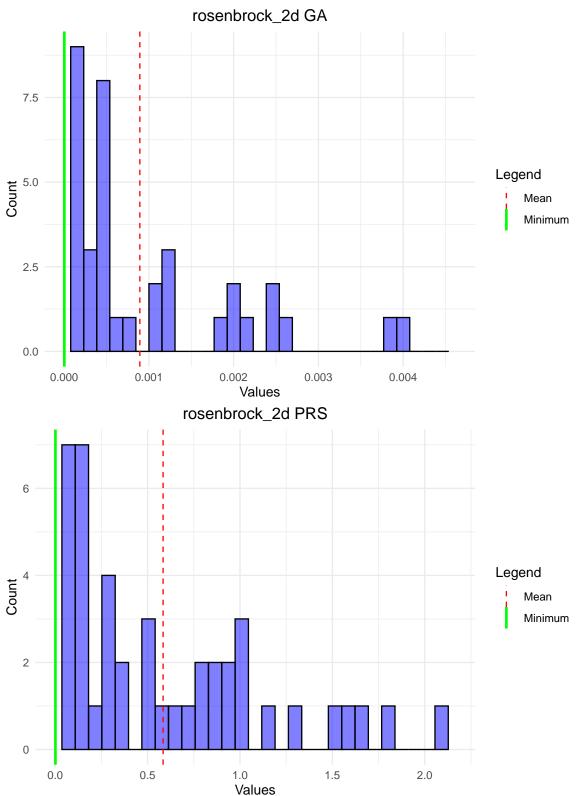
• Średnia: 225.1859569

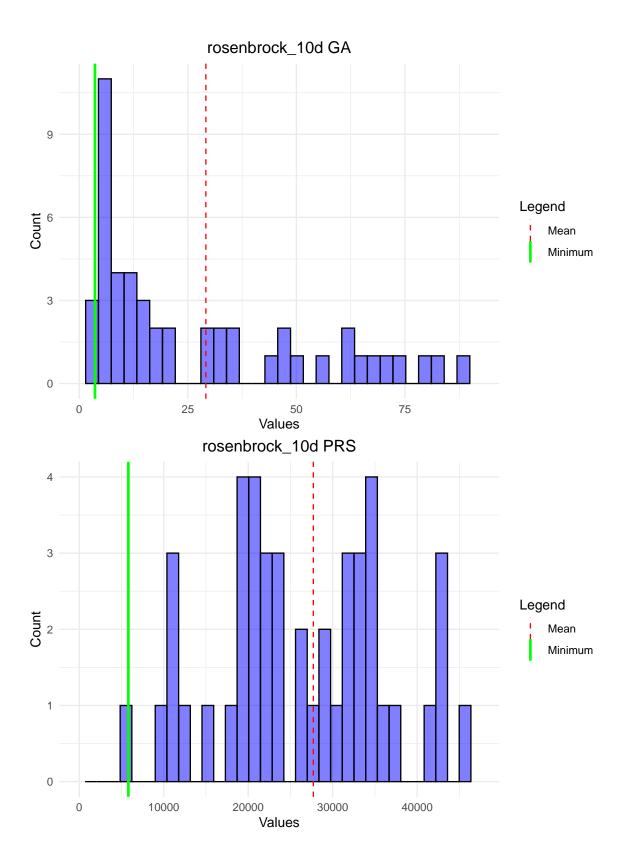
Wartość najmniejsza: 171.4281188Wartość największa: 252.1713921

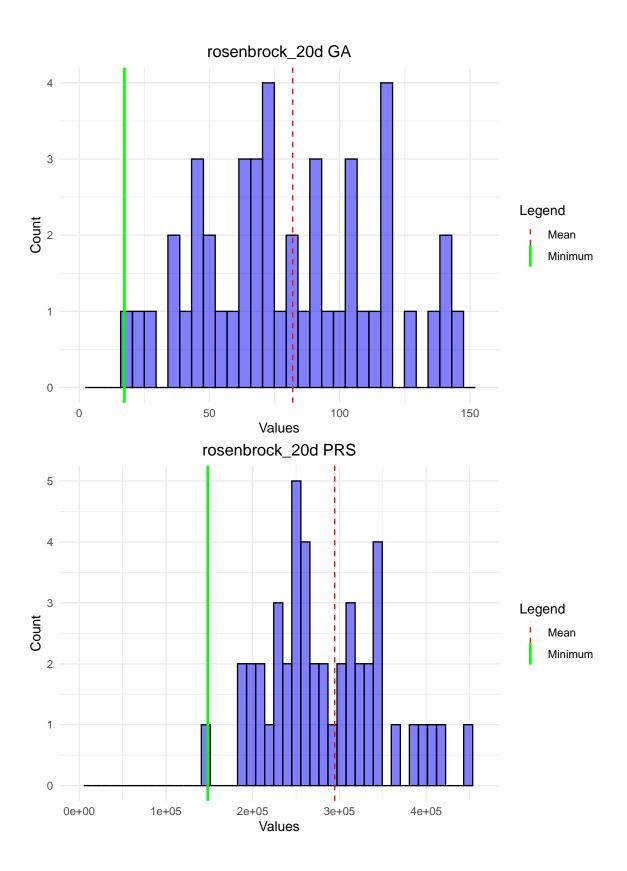
Mediana: 227.7694287Dolny kwartyl: 219.0309227Górny kwartyl: 234.3645663

Histogramy obrazujące rozkład znalezionych minimów funkcji

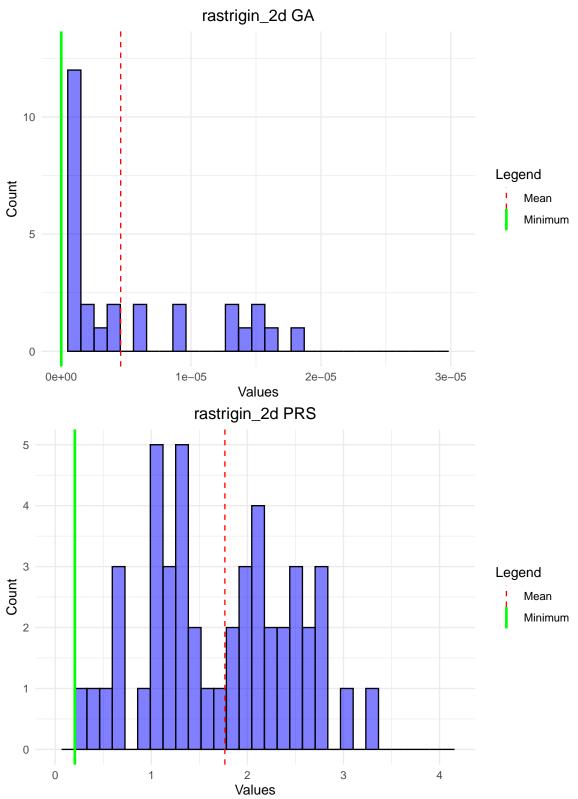


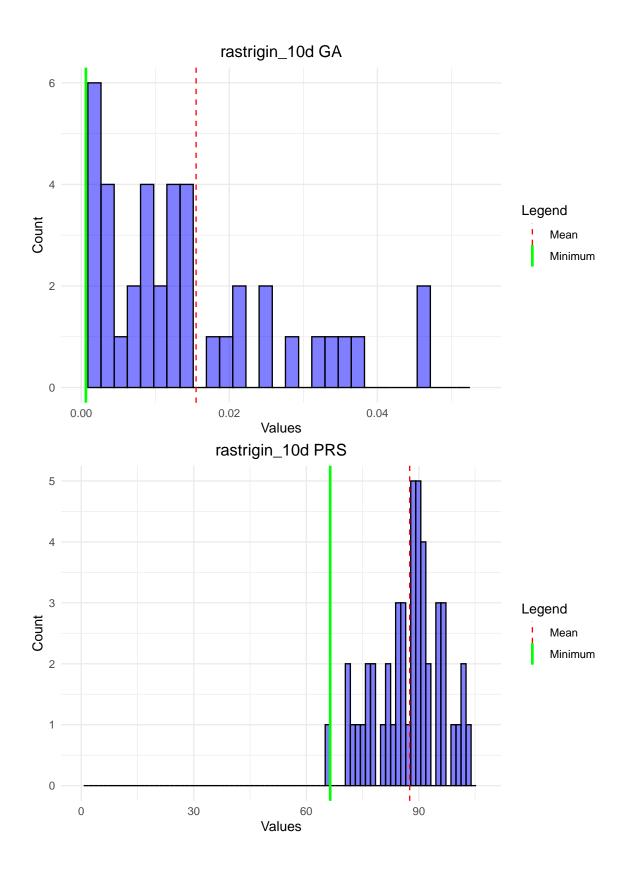


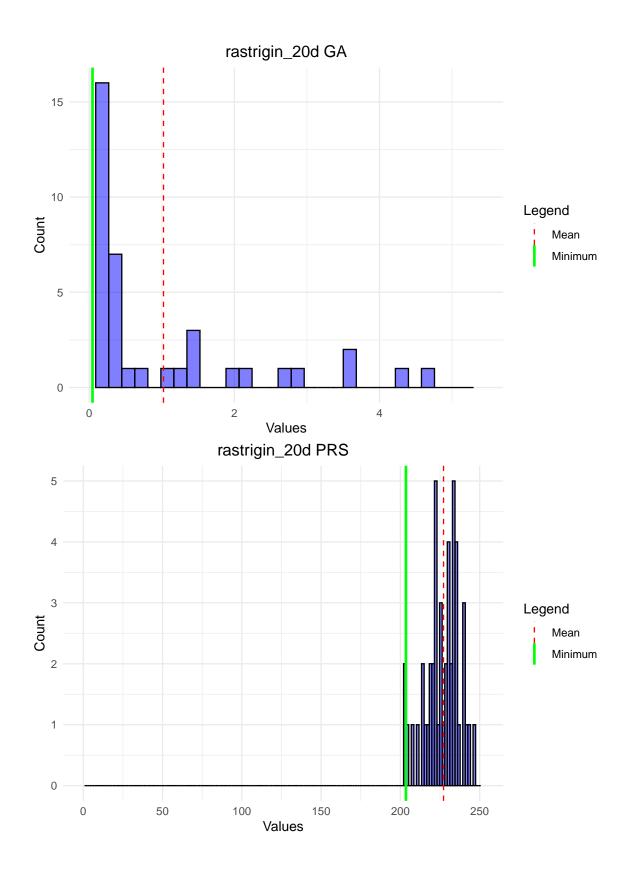






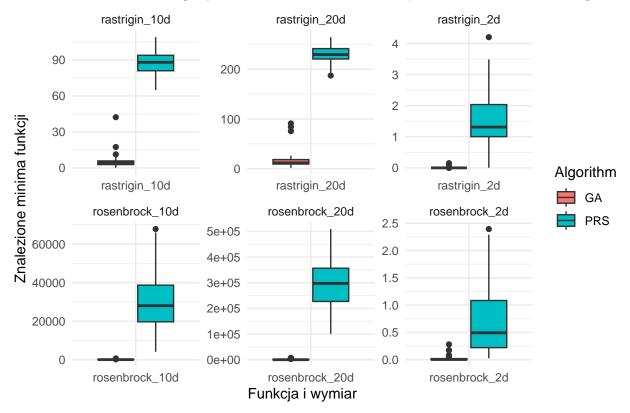






Wykresy pudełkowe

Porównanie algorytmów PRS i GA dla funkcji Rosenbrocka i Rastrigina



Analiza statystyczna

Test t-Studenta dla prób zależnych

Założenia teoretyczne

1. Hipoteza zerowa (H_0) :

$$\mu_{\text{PRS}} = \mu_{\text{GA}}$$

Brak istotnej różnicy między średnimi wynikami

2. Hipoteza alternatywna (H_1) :

$$\mu_{\mathrm{PRS}} \neq \mu_{\mathrm{GA}}$$

Istnieje istotna różnica między średnimi

3. Poziom istotności:

$$\alpha = 0.05$$

Wyniki testów

```
perform_test <- function(prs, ga) {</pre>
  test <- t.test(prs, ga, paired = TRUE)</pre>
  data.frame(
    Różnica = round(test$estimate, 2),
    CI_95 = paste0("[", round(test$conf.int[1], 1), ", ", round(test$conf.int[2], 1), "]"),
    p_value = ifelse(test$p.value < 0.00001, "< 0.00001", round(test$p.value, 6))
  )
}
results_table <- data.frame(</pre>
  Funkcja = c("Rosenbrock_2d", "Rosenbrock_10d", "Rosenbrock_20d",
              "Rastrigin_2d", "Rastrigin_10d", "Rastrigin_20d"),
  bind_rows(
    perform_test(rb2PRS, rb2GA),
    perform_test(rb10PRS, rb10GA),
    perform_test(rb20PRS, rb20GA),
    perform_test(ra2PRS, ra2GA),
    perform_test(ra10PRS, ra10GA),
    perform_test(ra20PRS, ra20GA)
  )
)
knitr::kable(
  results_table,
  col.names = c("Funkcja", "Różnica średnich", "95% CI", "p-value"),
  caption = "Podsumowanie wyników testów statystycznych",
  row.names = FALSE
)
```

Table 1: Podsumowanie wyników testów statystycznych

Funkcja	Różnica średnich	95% CI	p-value
Rosenbrock_2d	0.63	[0.4, 0.8]	< 0.00001
$Rosenbrock_10d$	29092.18	[25457.2, 32727.2]	< 0.00001
$Rosenbrock_20d$	298861.39	[275291.8, 322431]	< 0.00001
Rastrigin_2d	1.88	[1.6, 2.2]	< 0.00001
Rastrigin_10d	86.69	[84, 89.4]	< 0.00001
$Rastrigin_20d$	222.05	[217.3, 226.8]	< 0.00001

Interpretacja

- 1. Wszystkie p-value < 0.00001 Silne dowody przeciw H_0
- 2. Różnice średnich dodatnie GA konsekwentnie lepszy
- 3. Przedziały ufności nie zawierają zera Wyniki istotne praktycznie

Wnioski

- 1. Przewaga GA jest statystycznie istotna (p < 0.00001) we wszystkich testowanych przypadkach
- 2. Wraz ze wzrostem wymiarowości różnice między algorytmami rosną:
 - Rosenbrock 20D: GA lepszy średnio o 2.98861 × 10^5 jednostek
 - Rastrigin 20D: GA lepszy średnio o 222 jednostek
- 3. **PRS** wykazuje większą wariancję wyników (szersze rozkłady)
- 4. Wyniki potwierdzają skuteczność algorytmów ewolucyjnych w problemach wysokowymiarowych