Липецкий государственный технический университет

Кафедра прикладной математики

КОМПЬЮТЕРНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ МАТЕМАТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Лекция 2

Оптимизация в R

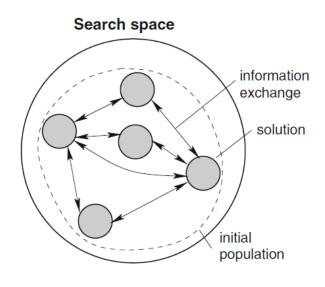
Составитель - Сысоев А.С., к.т.н., доцент

Липецк - 2021

Outline

- 1.3. Популяционные процедуры поисковой оптимизации
- 1.4. Генетические и эволюционные алгоритмы
- 1.5. Дифференциальная эволюция
- 1.6. Роиные алгоритмы
- 1.7. Estimation of Distribution Algorithm
- 1.8. Сравнение популяционных алгоритмов
- 1.9. Многоцелевая оптимизация

1.3. Популяционные процедуры поисковой оптимизации



- Локальный поиск в окрестности <u>одной</u> точки
- Популяционный поиск генетические алгоритмы, эволюционные алгоритмы, ...
- Больше вычислительных усилий, но: быстрее сходимость.
- Алгоритмы различаются: как представлены решения и какие атрибуты с ними связаны, как строится новое решение.

• В основном механизмы построения решений заимствованы из природы: генетика, естественный отбор, коллективное поведение животных и растений.

Эволюционные вычисления (ЭВ) лежат в основе нескольких алгоритмов оптимизации и основаны на феномене <u>естественного отбора</u> и <u>принципа состязательности</u>.

Генетические алгоритмы (ГА) в самом начале оперировали только бинарным представлением решения с применением процедуры кроссовера для получения нового решения. Позднее идеи ЭВ были применены для построения ГА с целью работы с исходным представлением решения задачи и регулирования генетических операторов от кроссовера до простой мутации.

Биологическая терминология:

Особь, популяция

Генотип, геном, хромосома – структура особи, популяции

Ген – позиция в хромосоме, аллель – значение гена

Фенотип – совокупность признаков, оценка, насколько особь «хороша» (целевая функция)

Размножение – совокупность кроссовера и мутаций. Участвуют два предка, получается потомок, отличный от остальных из-за мутации.

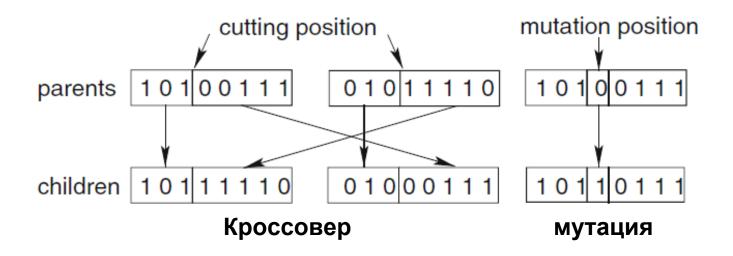
package

Genetic/evolutionary algorithm as implemented by the genalg

```
\triangleright f is the evaluation (fitness) function, C includes control parameters
 1: Inputs: f, C
 2: P \leftarrow initialization(C)
                                                                          > random initial population
 3: N_P \leftarrow get\_population\_size(C)
                                                                                     ▶ population size
                                                          ▶ number of best individuals kept (elitism)
 4: E \leftarrow get\ elitism(C)
 5: i \leftarrow 0
                                                        \triangleright i is the number of iterations of the method
 6: while i < maxit do
    F_P \leftarrow f(P)

    ► evaluate current population

     P_E \leftarrow best(P, F_P, E)
                                               \triangleright set the elitism population (lowest E fitness values)
        Parents \leftarrow selectparents(P, F_P, N_P - E) > select N_P - E parents from current
    population
10: Children \leftarrow crossover(Parents, C)
                                                                 \triangleright create N_P - E children solutions
11:
        Children \leftarrow mutation(Children, maxit, i)
                                                                 > apply the mutation operator to the
    children
    P \leftarrow E \cup Children
                                                                             ▶ set the next population
13: i \leftarrow i + 1
14: end while
15: Output: P
                                                                                      ▶ last population
```



Мутация «реальных» генов

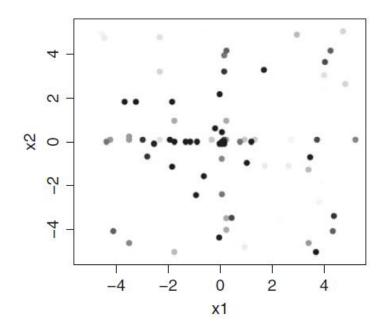
$$g' = 0.67 \times r_d \times d_f \times R_g$$

 $r_d \in \{-1, 1\}$
 $d_f = (maxit - i)/maxit$
 $R_g = \max(g) - \min(g)$

```
### bag-genalg.R file ###
library(genalg) # load genalg package
source("functions.R") # load the profit function
# genetic algorithm search for bag prices:
D=5 # dimension (number of prices)
MaxPrice=1000
Dim=ceiling(log(MaxPrice,2)) # size of each price (=10)
size=D*Dim # total number of bits (=50)
intbin=function(x) # convert binary to integer
{ sum(2^{(which(rev(x==1))-1)})} # explained in Chapter 3
bintbin=function(x) # convert binary to D prices
{ # note: D and Dim need to be set outside this function
  s=vector(length=D)
  for(i in 1:D) # convert x into s:
  \{ ini=(i-1)*Dim+1; end=ini+Dim-1 \}
    s[i]=intbin(x[ini:end])
  return(s)
bprofit=function(x) # profit for binary x
{ s=bintbin(x)
  s=ifelse(s>MaxPrice,MaxPrice,s) # repair!
  f=-profit(s) # minimization task!
  return(f)
```

```
# genetic algorithm execution:
G=rbga.bin(size=size,popSize=50,iters=100,zeroToOneRatio=1,
   evalFunc=bprofit,elitism=1)
# show results:
b=which.min(G$evaluations) # best individual
cat("best:", bintbin(G$population[b,]), "f:", -G$evaluations[b],
    "\n")
pdf("qenalq1.pdf") # personalized plot of G results
plot(-G$best,type="l",lwd=2,ylab="profit",xlab="generations")
lines(-G$mean, lty=2, lwd=2)
legend("bottomright",c("best","mean"),lty=1:2,lwd=2)
dev.off()
summary(G,echo=TRUE) # same as summary.rbga
> source("bag-genalg.R")
best: 427 431 425 355 447 f: 43671
GA Settings
                       = binary chromosome
 Type
 Population size
                       = 50
 Number of Generations = 100
 Elitism
 Mutation Chance
                 = 0.0196078431372549
Search Domain
 Var 1 = [,]
 Var 0 = [,]
GA Results
 0\ 1\ 0\ 1\ 0\ 0\ 1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 1\ 0\ 0\ 1\ 1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1
```

```
### sphere-genalg.R file ###
library(genalg) # load genalg
# evolutionary algorithm for sphere:
sphere=function(x) sum(x^2)
D=2
monitor=function(obj)
{ if(i==1)
    { plot(obj$population,xlim=c(-5.2,5.2),ylim=c(-5.2,5.2),
           xlab="x1", ylab="x2", type="p", pch=16,
           col=gray(1-i/maxit))
  else if(i%%K==0) points(obj$population,pch=16,
                          col=gray(1-i/maxit))
  i<<-i+1 # global update
maxit=100
K=5 # store population values every K generations
i=1 # initial generation
# evolutionary algorithm execution:
pdf("genalg2.pdf", width=5, height=5)
set.seed(12345) # set for replicability purposes
E=rbga(rep(-5.2,D), rep(5.2,D), popSize=5, iters=maxit,
       monitorFunc=monitor,evalFunc=sphere)
b=which.min(E$evaluations) # best individual
cat("best:", E$population[b,], "f:", E$evaluations[b], "\n")
dev.off()
```



> source("sphere-genalg.R")
best: 0.05639766 0.009093091 f: 0.00326338

1.5. Дифференциальная эволюция

- Используются арифметические операции при построении нового решения
- Выбор трех особей (s₁, s₂, s₃)
- Создание мутанта

$$s_{m,j} = s_{1,j} + F \times (x_{2,j} - x_{3,j}), F \in [0,2]$$

• Если созданный мутант выходит за границы, то

$$s_{m,j} = \max(s_j) - \mathcal{U}(0,1)(\max(s_j) - \min(s_j)), \qquad s_{m,j} > \max(s_j),$$

 $s_{m,j} = \min(s_j) + \mathcal{U}(0,1)(\max(s_j) - \min(s_j)), \qquad s_{m,j} < \max(s_j),$

- Новые потомки создаются до тех пор, пока все гены не мутируют или r > CR, r = U(0,1), CR вероятность кроссовера.
- Новая популяция полученные потомки и оставшиеся родители.

1.5. Дифференциальная эволюция

package

Differential evolution algorithm as implemented by the DEoptim

```
\triangleright f is the evaluation (fitness) function, C includes control parameters
 1: Inputs: f, C
2: P \leftarrow initialization(C)
                                                                                ▶ set initial population
 3: B \leftarrow best(P, f)
                                                              ▶ best solution of the initial population
4: i \leftarrow 0
                                                        \triangleright i is the number of iterations of the method
 5: while not termination\_criteria(P, f, C, i) do \triangleright DEoptim uses up to three termination
    criteria
        for each individual s \in P do
                                                                    > cycle all population individuals
6:
            s' \leftarrow mutation(P, C) \triangleright differential mutation, uses parameters F and CR
            if f(s') < f(s) then P \leftarrow replace(P, s, s') > replace s by s' in the population
9:
            end if
            if f(s') < f(B) then B \leftarrow s'
10:
                                                                                   ▶ minimization goal
            end if
11:
        end for
12:
13:
        i \leftarrow i + 1
14: end while
15: Output: B, P
                                                                    ▶ best solution and last population
```

1.5. Дифференциальная эволюция

```
### sphere-DEoptim.R file ###
    library(DEoptim) # load DEoptim
    sphere=function(x) sum(x^2)
    D=2
    maxit=100
    set.seed(12345) # set for replicability
    C=DEoptim.control(strategy=1,NP=5,itermax=maxit,CR=0.9,F=0.8,
                     trace=25, storepopfrom=1, storepopfreq=1)
    # perform the optimization:
    D=suppressWarnings(DEoptim(sphere, rep(-5.2, D), rep(5.2, D),
                              control=C))
    # show result:
    summary(D)
    pdf("DEoptim.pdf", onefile=FALSE, width=5, height=9,
        colormodel="gray")
    plot(D,plot.type="storepop")
    dev.off()
    cat("best:",D$optim$bestmem,"f:",D$optim$bestval,"\n")
> source("sphere-DEoptim.R")
Iteration: 25 bestvalit: 0.644692 bestmemit:
                                               0.799515
     0.073944
Iteration: 50 bestvalit: 0.308293 bestmemit:
                                               0.550749
    -0.070493
Iteration: 75 bestvalit: 0.290737 bestmemit:
                                               0.535771
    -0.060715
Iteration: 100 bestvalit: 0.256731 bestmemit:
                                                0.504867
    -0.042906
**** summary of DEoptim object ****
best member : 0.50487 -0.04291
best value : 0.25673
after
           : 100 generations
fn evaluated : 202 times
********
best: 0.5048666 -0.0429055 f: 0.2567311
```

1.6. Роиные алгоритмы

Particle swarm optimization pseudo-code for SPSO 2007 and 2011 1: **Inputs:** *f*, *C* \triangleright f is the fitness function, C includes control parameters 2: $P \leftarrow initialization(C)$ ▶ set initial swarm (topology, random position and velocity, previous best and previous best position found in the neighborhood) 3: $B \leftarrow best(P, f)$ ▶ best particle $4: i \leftarrow 0$ $\triangleright i$ is the number of iterations of the method 5: while not termination_criteria(P, f, C, i) do for each particle $x = (s, v, p, l) \in P$ do ▷ cycle all particles 6: 7: $v \leftarrow velocity(s, v, p, l)$ \triangleright compute new velocity for x \triangleright move the particle to new position s (mutation) $s \leftarrow s + v$ $s \leftarrow confinement(s, C)$ \triangleright adjust position s if it is outside bounds 10: if f(s) < f(p) then $p \leftarrow s$ □ update previous best 11: end if 12: $x \leftarrow (s, v, p, l)$ ▶ update particle if f(s) < f(B) then $B \leftarrow s$ 13: □ update best value 14: end if 15: end for $i \leftarrow i + 1$ 17: end while ▶ best solution 18: **Output:** *B*

1.6. Роиные алгоритмы

```
### sphere-psoptim.R file ###
                                                                                        par1
library(pso) # load pso
sphere=function(x) sum(x^2)
                                                                    value
D=2; maxit=10; s=5
set.seed(12345) # set for replicability
C=list(trace=1, maxit=maxit, REPORT=1, trace.stats=1, s=s)
# perform the optimization:
                                                                               20
                                                                                             60
                                                                                                    80
                                                                                      40
                                                                                                          100
PSO=psoptim(rep(NA,D),fn=sphere,lower=rep(-5.2,D),
                                                                                     stored population
             upper=rep(5.2,D),control=C)
# result:
                                                                                        par2
pdf("psoptim1.pdf", width=5, height=5)
j=1 # j-th parameter
plot(xlim=c(1, maxit), rep(1, s), PSO$stats$x[[1]][j,],pch=19,
     xlab="iterations",ylab=paste("s ",j," value",sep=""))
for(i in 2:maxit) points(rep(i,s), PSO$stats$x[[i]][j,],pch=19 > dev.off()
pdf("psoptim2.pdf", width=5, height=5)
plot(PSO$stats$error,type="l",lwd=2,xlab="iterations",
                                                                               20
                                                                                      40
                                                                                             60
                                                                                                    80
                                                                                                          100
     ylab="best fitness")
                                                                                     stored population
dev.off()
cat("best:", PSO$par, "f:", PSO$value, "\n")
```

1.7. Estimation of Distribution Algorithm

Generic EDA pseudo-code implemented in copulaedas package, adapted from Gonzalez-Fernandez and Soto (2012)

```
\triangleright f is the fitness function, C includes control parameters (e.g., N_P)
 1: Inputs: f, C
2: P \leftarrow initialization(C)
                                                            ▶ set initial population (seeding method)
 3: if required then P \leftarrow local\ optimization(P, f, C) \Rightarrow apply local optimization to P
4: end if
5: B \leftarrow best(P, f)
                                                                    ▶ best solution of the population
                                                        \triangleright i is the number of iterations of the method
6: i \leftarrow 0
 7: while not termination criteria (P, f, C) do
        P' \leftarrow selection(P, f, C)
                                                                            ▶ selected population P'

    ▶ set probabilistic model M using a learning method

     M \leftarrow learn(P')
    P' \leftarrow sample(M) \triangleright set sampled population from M using a sampling method
        if required then P' \leftarrow local\_optimization(P', f, C) \triangleright apply local optimization to
    P'
12:
        end if
13: B \leftarrow best(B, P', f)

    □ update best solution (if needed)

     P \leftarrow replacement(P, P', f, C) > create new population using a replacement method
15:
        i \leftarrow i + 1
16: end while
17: Output: B
                                                                                       ▶ best solution
```

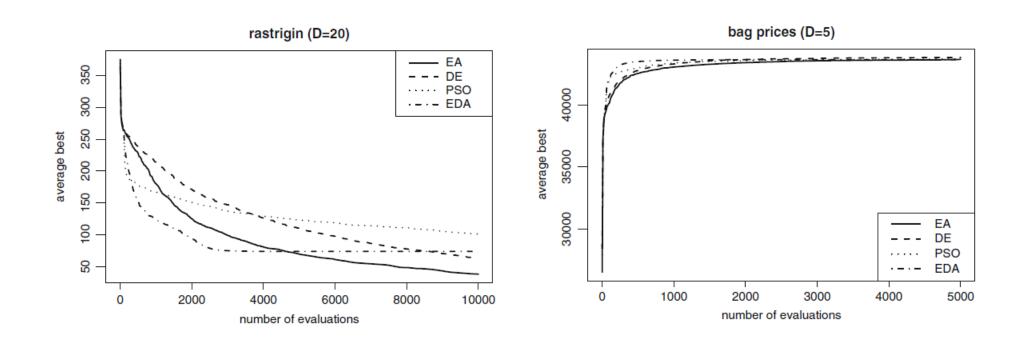
1.7. Estimation of Distribution Algorithm

```
### sphere-EDA.R file ###
library(copulaedas)
 sphere=function(x) sum(x^2)
D=2; maxit=10; LP=5
 set.seed(12345) # set for replicability
 # set termination criterion and report method:
 setMethod("edaTerminate", "EDA", edaTerminateMaxGen)
setMethod("edaReport", "EDA", edaReportSimple)
# set EDA type:
UMDA=CEDA(copula="indep", margin="norm", popSize=LP, maxGen=maxit)
UMDA@name="UMDA (LP=5)"
# run the algorithm:
E=edaRun(UMDA, sphere, rep(-5.2, D), rep(5.2, D))
# show result:
show(E)
cat("best:",E@bestSol,"f:",E@bestEval,"\n")
# second EDA execution, using LP=100:
maxit=10; LP=100;
UMDA=CEDA(copula="indep", margin="norm", popSize=LP, maxGen=maxit)
UMDA@name="UMDA (LP=100)"
setMethod("edaReport", "EDA", edaReportDumpPop) # pop *.txt files
E=edaRun(UMDA, sphere, rep(-5.2, D), rep(5.2, D))
show(E)
cat("best:",E@bestSol,"f:",E@bestEval,"\n")
# read dumped files and create a plot:
pdf("eda1.pdf", width=7, height=7)
j=1; # j-th parameter
i=1;d=read.table(paste("pop ",i,".txt",sep=""))
plot(xlim=c(1, maxit), rep(1, LP), d[, j], pch=19,
     xlab="iterations",ylab=paste("s ",j," value",sep=""))
for(i in 2:maxit)
{ d=read.table(paste("pop ",i,".txt",sep=""))
  points(rep(i,LP),d[,j],pch=19)
dev.off()
```

```
> source("sphere-EDA.R")
 Generation
                 Minimum
                                Mean
                                        Std. Dev.
          1 7.376173e+00 1.823098e+01 6.958909e+00
          2 7.583753e+00 1.230911e+01 4.032899e+00
          3 8.001074e+00 9.506158e+00 9.969029e-01
          4 7.118887e+00 8.358575e+00 9.419817e-01
          5 7.075184e+00 7.622604e+00 3.998974e-01
          6 7.140877e+00 7.321902e+00 1.257652e-01
          7 7.070203e+00 7.222189e+00 1.176669e-01
          8 7.018386e+00 7.089300e+00 4.450968e-02
          9 6.935975e+00 7.010147e+00 7.216829e-02
         10 6.927741e+00 6.946876e+00 1.160758e-02
Results for IMDA (LP=5)
Best function evaluation
                              6.927741e+00
No. of generations
No. of function evaluations 50
                              0.103 seconds
best: 1.804887 -1.915757 f: 6.927741
Results for UMDA (LP=100)
Best function evaluation
                              5.359326e-08
No. of generations
No. of function evaluations 1000
CPU time
                              0.036 seconds
best: -0.00013545 0.0001877407 f: 5.359326e-08
```

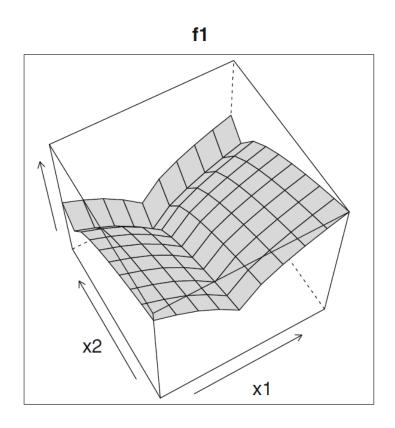
iterations

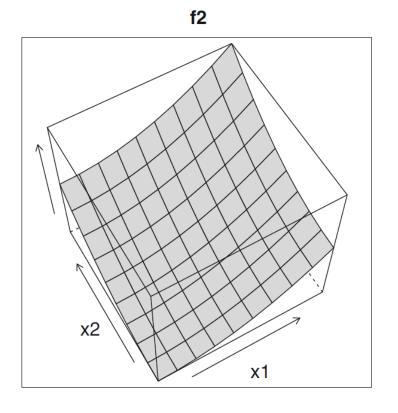
1.8. Сравнение популяционных алгоритмов



rastrigin (D=20) EA DE PSO EDA 38 64 101 74 (average best) 100 94 2 58 (%successes) EA DE PSO EDA 43674 43830 43722 43646 (average best) 96 100 100 92 (%successes)

$$\{f_1 = \sum_{i=1}^{D} |x_i - \exp((i/D)^2)/3|^{0.5}, f_2 = \sum_{i=1}^{D} (x_i - 0.5\cos(10\pi i/D) - 0.5)^2\}$$





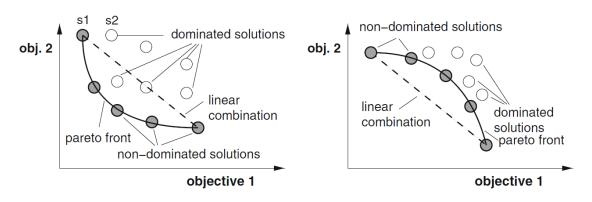
ВЗВЕШЕННЫЙ ФУНКЦИОНАЛ

$$Q = w_1 \times g_1 + w_2 \times g_2 + \dots + w_n \times g_n$$

$$Q = g_1^{w_1} \times g_1^{w_2} \times \dots \times g_n^{w_n}$$

 g_i – цели, w_i – веса.

Недостатки: идеальные веса определить невозможно (основание – интуиция); различные комбинации весов приводят к различным решениям (новые процедуры оптимизации); при корректном определении весов поиск исключает возможные «компромиссы».



ЛЕКСИКОГРАФИЧЕСКИЙ ПОДХОД

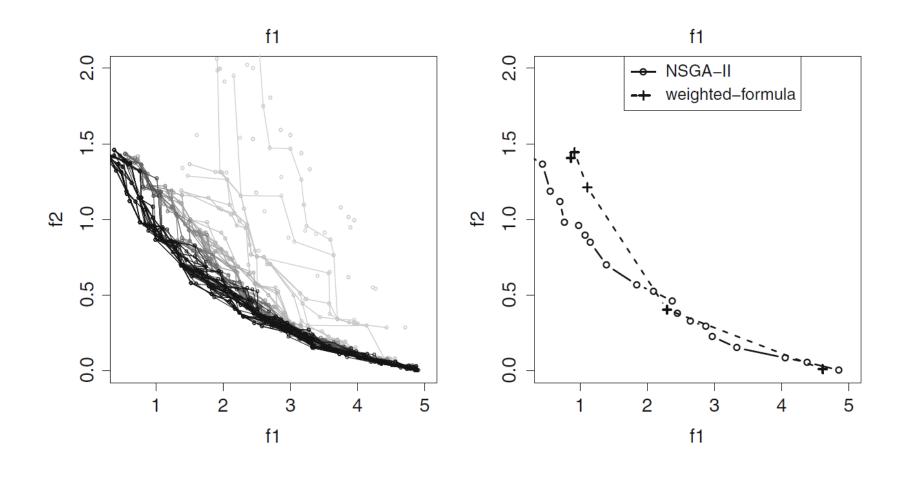
• У различных целей разный приоритет оптимизации

Преимущество: по сравнению с взвешиванием отсутствует проблема смешивания несравнимых показателей.

Недостаток: необходимость определения приоритета и порога значимости.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ПРИНЦИПА ПАРЕТО

Решение s_1 доминирует (в смысле Парето) над решением s_2 , если s_1 лучше хотя бы для одного показателя и не хуже, чем s_2 для других. Решение s_i не доминирует, если нет такого s_j , которое доминирует над s_i и линия Парето содержит все недоминирующие решения. Используя такой подход, многоцелевая оптимизация по Парето дает набор недоминирующих решений, а не одно решение.



Литература

P. Cortez Modern Optimization with R // Springer International Publishing Switzerland 2014