# Trabalho Final

Gustavo Vieira, Marcus Vinicius, Thais Matos, Rafael Castro 04 de maio de 2016

## 1. Introdução

Um pesquisador está interessado em investigar o efeito de diferentes operadores de recombinação no desempenho do algoritmo de evolução diferencial para uma dada classe de problemas. Dessa forma, o fator de impacto é o operador utilizado e o efeito a ser observado é o desempenho.

Considerando quatro operadores de recombinação para o experimento (problema de quatro tratamentos), torna-se necessário utilizar a análise de variância ANOVA para comparação das médias em um único problema de teste.

Após a análise do experimento, responderemos perguntas como: Há alguma diferença no desempenho médio do algoritmo quando equipado com estes diferentes operadores, para o problema de teste utilizado? Caso haja, qual o melhor operador em termos de desempenho médio, e qual a magnitude das diferenças encontradas? Há algum operador que deva ser recomendado em relação aos demais?

## 2. Formulação das hipóteses de teste

Através da modelagem de efeitos fixos podemos estimar os efeitos dos operadores no algoritmo de evolução diferencial. Os efeitos dos operadores  $\tau_i$ , que representam desvios da média global  $\mu$ , são variáveis aleatórias. Como os conhecimentos acerca dos tratamentos particulares investigados não são relativamente importantes, testaremos as hipóteses sobre a variabilidade de  $\tau_i$  e tentaremos estimar essa variabilidade.

Estamos interessados em testar a igualdade das médias dos quatro tratamentos,  $\mu_1$ ,  $\mu_2$ ,  $\mu_3$ ,  $\mu_4$ . Logo, as hipóteses são:

```
    H<sub>0</sub>: τ<sub>i</sub> = 0
    H<sub>1</sub>: τ<sub>i</sub> ≠ 0 (para pelo menos um i)
```

Se a hipótese nula for verdadeira, significa que a mudança dos operadores de recombinação não tem efeito no desempenho médio do algoritmo evolutivo.

#### 3. Cálculo do tamanho amostral

O problema nos fornece os dados necessários para o cálculo do tamanho da amostra. É desejado um poder de 0.85 (1 –  $\beta$  = 0.85;  $\beta$  = 0.15) para uma mínima diferença de importância prática  $d^* = \delta^*/\sigma = 0.25$  e um nível de significância  $\alpha$  = 0.05.

```
alpha <- 0.05;
beta <- 0.15;
d <- 0.25;
a <- 4;

#Calculando o tamanho amostral (suficiente)
library(pwr);
n <- round(pwr.anova.test(k = a,f = d, sig.level = alpha, power = 1-beta)$n)</pre>
```

Dessa forma, encontramos um tamanho amostral suficiente para os parâmetros desejados de n = 50.

## 4. Coleta e tabulação dos dados

Realizaremos a comparação dos seguintes operadores de recombinação:

```
library(ExpDE);
selpars <- list(name = "selection_standard");</pre>
stopcrit <- list(names = "stop_maxeval", maxevals = 60000, maxiter = 1000);</pre>
probpars <- list(name = "sphere", xmin = -seq(1,20), xmax = 20 + 5 * seq(5, 24));
# Grupo C (Operadores para comparação)
recpars1 <- list(name = "recombination_blxAlphaBeta", alpha = 0, beta = 0)
mutpars1 <- list(name = "mutation_rand", f = 4)</pre>
popsize1 <- 200
recpars2 <- list(name = "recombination_linear")</pre>
mutpars2 <- list(name = "mutation rand", f = 1.5)</pre>
popsize2 <- 250
recpars3 <- list(name = "recombination mmax", lambda = 0.25)
mutpars3 <- list(name = "mutation_best", f = 4)</pre>
popsize3 <- 375
recpars4 <- list(name = "recombination_npoint", N = 17)</pre>
mutpars4 <- list(name = "mutation_rand", f = 2.2)</pre>
popsize4 <- 225
```

Coletamos n observações para cada operador de forma não sequencial, pois buscamos intercalar as observações entre os operadores com o objetivo de evitar o efeito de qualquer variável de ruído que possa influenciar o desempenho do algoritmo.

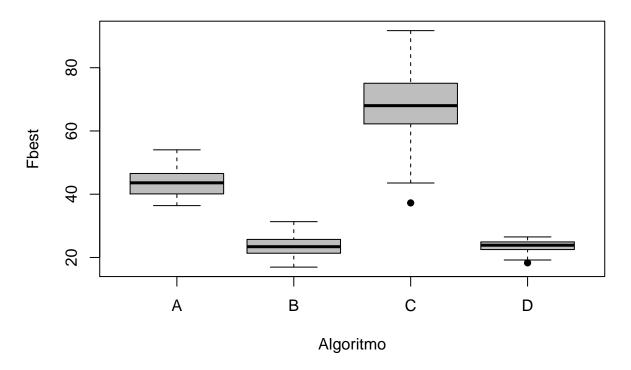
```
#Gerando n observações para cada operador
fbest1 \leftarrow c(0);
fbest2 <- c(0);
fbest3 \leftarrow c(0);
fbest4 <- c(0);
for (i in seq(1:n)){
  out1 <- ExpDE(popsize1, mutpars1, recpars1, selpars, stopcrit, probpars);</pre>
  fbest1[i] <- out1$Fbest;</pre>
  out2 <- ExpDE(popsize2, mutpars2, recpars2, selpars, stopcrit, probpars);</pre>
  fbest2[i] <- out2$Fbest;</pre>
  out3 <- ExpDE(popsize3, mutpars3, recpars3, selpars, stopcrit, probpars);</pre>
  fbest3[i] <- out3$Fbest;</pre>
  out4 <- ExpDE(popsize4, mutpars4, recpars4, selpars, stopcrit, probpars);</pre>
  fbest4[i] <- out4$Fbest;</pre>
}
algoritmo <- c(rep("A",n), rep("B",n), rep("C",n), rep("D",n));</pre>
fbest <- c(fbest1, fbest2, fbest3, fbest4);</pre>
dadosColetados <- data.frame(algoritmo, fbest);</pre>
summary(dadosColetados);
```

```
## algoritmo fbest
## A:50 Min. :16.95
## B:50 1st Qu.:23.81
```

```
## C:50 Median :33.86
## D:50 Mean :39.62
## 3rd Qu.:50.98
## Max. :91.72
```

A distribuição dos dados coletados está representada no gráfico abaixo, o qual deixa claro que há diferença no desempenho do algoritmo de acordo com o operador de recombinação utilizado.

# **FBest dos Algoritmos Medidos**



## 5. Teste das hipóteses

Utilizando o teste ANOVA, obtemos o seguinte resultado:

```
# Teste da hipótese
model <- aov(fbest~algoritmo, data = dadosColetados);
summary.aov(model);</pre>
```

```
## Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## algoritmo    3 66002 22001 613.7 <2e-16 ***
## Residuals 196 7026 36
## ---
## Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.05 '.' 0.1 ' ' 1</pre>
```

plot(tukey\_CI);

Analisando o teste de hipótese podemos ver que o valor p é bastante inferior ao nível de significância  $\alpha$ . Dessa forma, podemos rejeitar a hipótese nula com 95% de confiança, o que indica uma diferença entre o desempenho dos operadores de recombinação.

O ANOVA não identifica quais médias são diferentes, portanto precisamos utilizar métodos de comparações múltiplas para este fim.

```
# All vs. all
library(multcomp);

## Loading required package: mvtnorm

## Loading required package: survival

## Loading required package: TH.data

## Loading required package: MASS

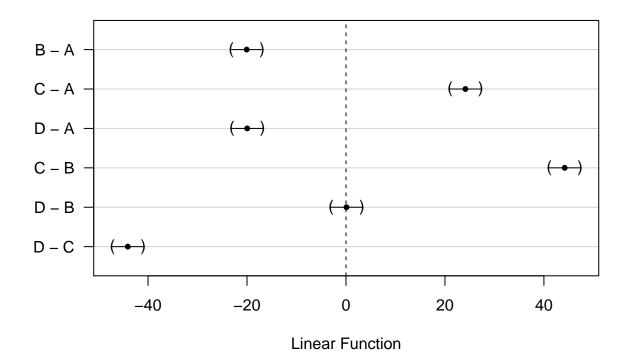
## ## Attaching package: 'TH.data'

## The following object is masked from 'package:MASS':

## ## geyser

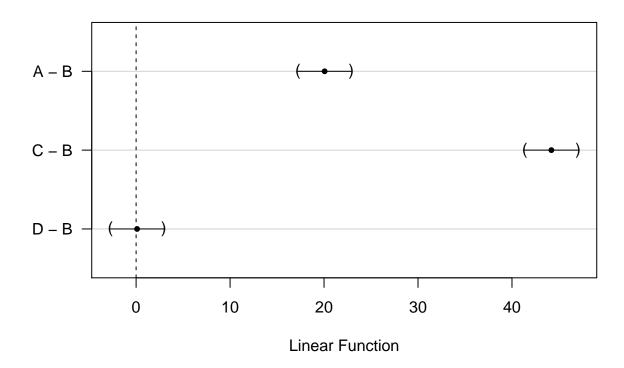
tukey <- glht(model, linfct = mcp(algoritmo = "Tukey"));
tukey_CI <- confint(tukey, level = 0.95);</pre>
```

# 95% family-wise confidence level



```
# All vs. one
dadosColetados$algoritmo <- relevel(dadosColetados$algoritmo, ref = "B");
model2 <- aov(fbest~algoritmo, data = dadosColetados);
dunnet <- glht(model2, linfct = mcp(algoritmo = "Dunnet"));
dunnet_CI <- confint(dunnet, level = 0.95);
plot(dunnet_CI);</pre>
```

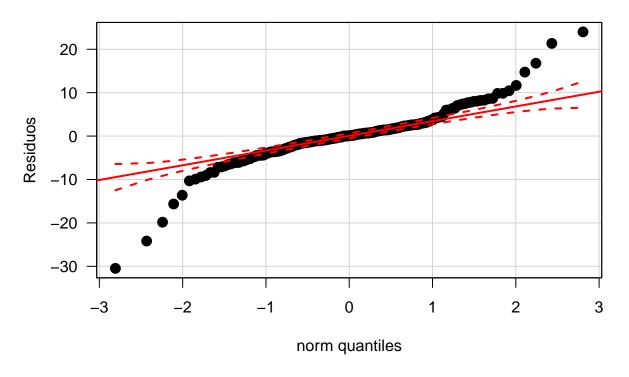
# 95% family-wise confidence level



# 6. Verificação das premissas dos testes

As premissas dos teste: normalidade, homogeneidade e independência podem ser validadas nos seguintes gráficos:





```
# Verificando homogeneidade
fligner.test(fbest~algoritmo, data = dadosColetados)
##
   Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data: fbest by algoritmo
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 59.91, df = 3, p-value =
## 6.145e-13
# Verificando independência
durbinWatsonTest(model)
##
   lag Autocorrelation D-W Statistic p-value
             0.03285293
##
                             1.933955
   Alternative hypothesis: rho != 0
```

- A normalidade dos dados pode ser assumida, visto que ocorreram poucas violações da mesma e o tamanho amostral é grande o suficiente para ignorá-los.
- A homogeneidade pode ser comprovada dado que o valor p encontrado pelo teste é inferior ao nível de significância desejado.
- O teste de independência não é muito conclusivo, porém a independência dos dados é garantida na aleatoriedade da coleta de dados inicial.

## 7. Conclusão

## 8. Referências

- [1] https://github.com/fcampelo/Design-and-Analysis-of-Experiments
- [2] Estatística Aplicada e Probabilidade para Engenheiros (4a edição) Montgomery
- [3] A Estatística Básica e Sua Prática (6a edição) David S. Moore, William I. Nortz, Michael A. Fligner
- $[4] \ http://support.minitab.com/pt-br/minitab/17/topic-library/basic-statistics-and-graphs/hypothesis-tests/tests-of-means/why-use-paired-t/$
- [5] http://www.statmethods.net/stats/power.html
- [6] http://docslide.com.br/documents/anova-com-r.html