



بررسی ساختارهای متداول الگوریتم ژنتیک

عبدالرضا علوی قره باغ، علی بخشی

شاهرود، بلوار دانشگاه، دانشگاه آزاد اسلامی واحد شاهرود، صندوق پستی ۳۶۱۵۵/۱۶۳

E-mail: Dramalavi_gharah@yahoo.com

Ab_power2002@yahoo.com

چکیده - در این مقاله ساختارهای مختلف الگوریتم ژنتیک شرح داده شده و در حالت های مختلف با هم مقایسه شده اند. نقاط ضعف و قدرت هر یک از الگوریتم ها براساس نوع کاربرد با شبیه سازی در دو حالت تعداد متغیر کم و زیاد مشخص شده است. مشخصه های مهم در نظر گرفته شده هنگام بررسی سرعت همگرایی و دقت جواب است. در ادامه با هدف بالا بردن سرعت همگرایی الگوریتم بدون کم شدن دقت جواب در ساختارهای مختلف بر اساس نتایج بدست آمده برای هر کاربرد الگوریتمی پیشنهاد شده است. در الگوریتم دارای جهش تاثیر احتمال جهش به عنوان پارامتر نامعلوم بر مشخصه های کلیدی سیستم هنگام بکار گیری در ساختارهای با تعداد متغیر زیاد نیز بررسی شده است.

کلید واژه- الگوریتم ژنتیک، احتمال جهش، سرعت همگرایی

۱- مقدمه

رسیدن به جواب بسیار بالا میرود. با توجه به اینکه اکثر کاربردهای جدید نیازمند هر دو مورد است برای بهبود همزمان ۲ و ۳ روشهای مختلفی ارائه شده که از آن جمله میتوان به [2] و [3] و [4] و [5] اشاره کرد. با توجه به روشهای پیشنهادی قبلی یکی از مهمترین پارامترها در سرعت همگرایی و دقت الگوریتم ژنتیک جهش است. بدون آن سرعت همگرایی بالاست اما دقت جواب کم است در حالیکه با اعمال آن دقت جواب بسیار خوب اما تعداد تکرار برای رسیدن به جواب بالا میرود [1]. از جمله نقائص دیگر این روشها میتوان به عدم قطعیت در تعیین احتمال جهش به عنوان پارامتر بسیار کلیدی و مهم سیستم اشاره کرد. در صورت بد برآورد کردن آن یا با افزایش شدید تکرارها و یا با کاهش زیاد دقت جواب مواجه خواهیم بود [6]. در این مقاله الگوریتم های ژنتیک در حالات مختلف در شرایط کاملاً یکسان با هم مقایسه شده و بر اساس نتایج بدست آمده میتوان بر اساس نوع کاربرد الگوریتم مناسب را انتخاب کرد.

به دنبال پیشرفت سریع علوم مختلف در قرن ۲۰، توابع غیر خطی غیر تحلیلی در فرآیندهای مختلف مهندسی بوجود آمدند که نیاز به حل عددی آن ها موجب تکامل ساختارهای مختلف حل عددی شد.

الگوریتم ژنتیک نیز به عنوان یکی از این ساختارها برای اولین بار در حدود سه دهه پیش با الهام از ساختارهای طبیعی بوجود آمد [1]. مهمترین نقاط مورد توجه در هر الگوریتم عددی ۱- قابلیت تعمیم پذیری، ۲- سرعت همگرایی، ۳- دقت جواب است که در الگوریتم ژنتیک مورد اول خوب بوده و الگوریتم تقریباً به هر ساختار مهندسی قابل تعمیم است اما قسمتهای ۲ و ۳ معمولاً بر عکس هم بوده و بهبود یکی موجب افت دیگری میشود. در بسیاری موارد که نیاز همزمان به دقت بالا و سرعت همگرایی زیاد است، بدلیل حجم محاسبات بسیار زیاد و ضعف نسبی روشها یا نامعین بودن برخی پارامترهای الگوریتم و عدم امکان تعیین دقیق آنها، زمان پاسخ دهی (تعداد تکرار برای

۲- ساختارهای متداول الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ها به گروه های مختلفی تقسیم می شوند:

الف) انتخاب نمونه های اولیه^۱ به صورت منظم و با فواصل مساوی در فضای مجاز برای تغییر پارامترها صورت می گیرد.

ب) انتخاب نمونه های اولیه به صورت کاملاً تصادفی است. هر یک از دو گروه الف و ب خود به گروه های فرعی مختلفی تقسیم می شوند:

الف- ترکیب نمونه ها (همپوشانی^۲) با انتخاب نقطه ثابت، به دلیل دیگر همپوشانی همواره از مکان مشخص و از قبل تعریف شده ای در کروموزوم های والدین صورت می گیرد. ب- نقطه همپوشانی مشخص نیست. به صورت تصادفی در کروموزوم های والدین^۳ انتخاب می گردد و در هر زوج والدین و هر بار تکرار تفاوت می کند.

ج- انتخاب نقطه همپوشانی به صورت هر بار مجزا (در این روش در هر بار تکرار برای کلیه موالید نقطه همپوشانی ثابت است اما در تکرار بعدی این عدد به صورت تابعی تصادفی تغییر می کند).

دسته بندی بعدی براساس نوع انتخاب $\frac{N}{2}$ نمونه برتر از N نمونه اولیه است که از جمله انواع آن می توان به زیرگروه های زیر اشاره کرد:

α : $\frac{N}{2}$ نمونه بهتر برداشته می شود و $\frac{N}{2}$ نمونه ضعیف از نظر طراح حذف می شوند.^۴

β : $\frac{N}{2}$ نمونه براساس شانس زندگی انتخاب می گردند.^۵ در

این روش هر نمونه براساس بهینه گی از نظر طراح امکان باقی ماندن دارد اما این امکان خود متغیری تصادفی است. بدیهی است نمونه های بهتر احتمال باقی ماندن بیشتری دارند اما نمونه های ضعیف نیز ممکن است باقی بمانند. این روش براساس جهان واقعی طراحی شده است.

γ : در این روش نیز $\frac{N}{2}$ نمونه براساس شانس زندگی انتخاب می گردند. اما در صورتی که نمونه برتر جزو آن ها نباشد نمونه ضعیف تر یا یکی از نمونه ها به تصادف حذف و نمونه برتر یا نخبه جایگزین آن می شود.^۶

آخرین دسته بندی نیز براساس عاملی به نام جهش^۷ صورت می گیرد. در این روش به ازای احتمال مشخص و از قبل تعریف شده، اما بسیار کمی ممکن است والدین هنگام بوجود آوردن بچه به صورت نامتعارف عمل کنند و یک بیت که در حالت نرمال یک یا صفر است به صورت برعکس به صفر یا یک تبدیل شود. هدف اینکار جلوگیری از همگرایی سیستم به نقاط ماکزیمم و مینیمم محلی هنگام رسیدن به جواب یا به عبارت دیگر کم شدن دقت جواب است [7].

۳- مواد و روشها

برای مقایسه روشهای موجود، ساختارهای مختلف الگوریتم ژنتیک برای بهینه سازی (ماکزیمم کردن) تابع دلخواه در فضای اعدادحقیقی با فرض بازه تغییرات نمونه محدود پیاده شده اند. ابتدا تابع دارای یک درجه آزادی (تابع یک متغیره) و در حالات بعد توابعی با ۴ درجه آزادی (تابع چهار متغیره) پیاده شده است. تعداد تکرار در رسیدن به جواب بهینه و دقت جواب بهینه در مقایسه با سایر الگوریتم ها به عنوان پارامترهای کلیدی مقایسه شده است. در حالت یک بعدی

¹ Initial Population

² Cross Over

³ Selected Population

⁴ Ideal Selection

⁵ Roulette wheel

⁶ Elitism

⁷ Mutation

شبیه سازی ها در این مرحله برای سه الگوریتم مختلف صورت گرفته است. در این قسمت با توجه به نتایج شبیه سازیهای تابع یک متغیره فقط الگوریتم دارای جهش ساده و الگوریتم بدون جهش با انتخاب نقاط شروع به صورت تصادفی و با انتخاب بهینه نمونه ها مورد بررسی قرار گرفته است. مشابه قبل نقاط شروع، نقاط همپوشانی و دسته بندی انجام شده در ترکیب والدین برای کلیه الگوریتمها در یک تکرار ثابت است. به عبارت دیگر این مقادیر یکبار به صورت تصادفی انتخاب و سپس در تمامی الگوریتمها یکسان در نظر گرفته می شود تا مقایسه ها در شرایطی کاملاً یکسان صورت گیرد. احتمال جهش برابر $P_{mute} = 0.005$ در روش دارای جهش در نظر گرفته شده است. با توجه به تصادفی بودن نقطه شروع و تصادفی بودن نقاط همپوشانی در کلیه الگوریتم ها، برای مجموع ۶۰ حالت مختلف شبیه سازی تکرار و نتایج میانگین گیری شده اند تا هر چه بیشتر به نتایج واقعی نزدیکتر باشند.

در مرحله بعد تاثیر احتمال جهش بر پارامترهای مهم سیستم مورد بررسی قرار گرفته است. تعداد نمونه های اولیه، دقت متغیرها و بازه تغییر متغیرها مشابه قسمت قبل در نظر گرفته شد. توابع بررسی شده در این مرحله توابع ۲ و ۳ هستند.

۴- نتایج

در اولین مرحله تابع یک متغیره را بررسی میکنیم. نتایج در جدول یک آورده شده است. همانطور که از نتایج پیداست هر دو گروه الگوریتم نوع انتخاب بر اساس شانس زندگی و نوع انتخاب ایده آل نتایج خوبی دارند (دقت بالای ۹۰ درصد)، اما تعداد تکرار در الگوریتم های نوع انتخاب بر اساس شانس زندگی بیشتر است در حالیکه در دقت جواب ها تفاوت قابل ملاحظه ای مشاهده نمیشود لذا الگوریتم های متعلق به این دسته بهینه نبوده و در بررسیهای بعدی حذف می شود.

در مورد دو گروه کلی شروع ساده و تصادفی تفاوت مشهودی در تعداد تکرار و مقدار در دو گروه نوع انتخاب بر اساس شانس زندگی و نوع انتخاب ایده آل مشاهده نمی شود و لذا نتایج بدست آمده از هر یک از دسته ها به دسته دیگر قابل تعمیم خواهد بود. ما دسته شروع تصادفی را به عنوان معیار مقایسه در مرحله بعد برگزیدیم.

تعداد نمونه های اولیه ۶۴ نمونه فرض شده است، تعداد بیت کروموزوم ۱۲ بیت و در تمام حالات ثابت است. با توجه به تصادفی بودن نقطه شروع در بعضی ساختارها و تصادفی بودن نقاط همپوشانی در کلیه الگوریتم ها، برای مجموع ۱۲۰ حالت مختلف شبیه سازی تکرار و نتایج میانگین گیری شده اند تا هر چه بیشتر به نتایج واقعی نزدیکتر باشند. احتمال جهش برای الگوریتم های دارای جهش برابر $P_{mute} = 0.001$ فرض شده است. نقاط شروع، نقاط همپوشانی و دسته بندی انجام شده در ترکیب والدین برای کلیه الگوریتمها در یک تکرار ثابت است. به عبارت دیگر این مقادیر یکبار به صورت تصادفی انتخاب و سپس در تمامی الگوریتمها برابر در نظر گرفته می شود تا مقایسه ها در شرایطی کاملاً یکسان صورت گیرد. تابع انتخاب شده در حالت یک متغیره تابع زیر، بازه تغییرات متغیر X بین ۰ تا ۱۵ و جواب تحلیلی معادله تقریباً عدد ۹۳۴۳۵۳۲ است.

$$f = (x-1)^2(x-5)^2(x-7)(x-12)(x-15.23)^2(x-8.46)(x-7.62)(x-3.1)(x+1)/180$$

شبیه سازیها در ۸ حالت انتخاب منظم و تصادفی با و بدون جهش صورت گرفته است. علاوه بر آن در نحوه انتخاب هم دو گروه انتخاب بر اساس شانس زندگی و انتخاب بهینه، شبیه سازی شده است. در تابع چهار متغیره $F(x, y, z, k)$ محدوده تغییر پارامترها مختلف انتخاب شده و دقت متغیرها می تواند براساس نظر طراح برای متغیرهای مختلف متفاوت باشد که در اینجا به صورت مساوی برای هر متغیر ۲۰ بیت اختصاص داده شد. محدوده تغییرات X و y فاصله $[-2,2]$ است. محدوده متغیر z فاصله $[-3,3]$ است. محدوده متغیر K بازه $[3,5]$ است. مجموعاً ۳ تابع کاملاً مختلف مورد بررسی قرار گرفت تا صحت نتایج کاملاً معلوم شود. توابع انتخاب شده توابعی غیرخطی به شرح زیر بوده است.

$$(1) \quad f = (1 - x^2 y^2) \times \cos(xy)^2 \times (1/\cosh(z-2)) \times \cos(k-2z)^2 \times (k + \pi/4)$$

(۲)

$$f = (1 - x + y^2 - 2y) \cosh(x/k) (1/(\cos(z-2) + 2)) \sinh(z/k)^2 (x - k/4)$$

(۳)

$$f = \text{abs}(\cos(k + \sinh(xy - y^2 + 3)))^2 \tanh(\cos(yz^2 - 3z + x)) \log(k^2 - 3k + 4) (y^{0.66} x^2 - 3y \times xk \times \cos(kz^3)))$$

جدول ۱: دقت جواب و میانگین تعداد تکرار در رسیدن به جواب بر حسب نوع الگوریتم و نوع انتخاب در تابع یک متغیره

شروع ساده با جهش	شروع تصادفی با جهش	شروع ساده بدون جهش	شروع تصادفی بدون جهش	نوع انتخاب
9318824	9325397	9291411	9294475	ایده ال
13.997	13.772	14.272	14.633	تعداد تکرار
99.73556	99.80591	99.44217	99.47496	درصد دقت جواب

در جدول دو نتایج مربوط به دو روش انتخاب شده از مرحله قبل آورده شده است. روش ساده بدون جهش با وجود اینکه تعداد تکرار آن بسیار کم است بدلیل عدم توانایی در رسیدن به جواب دقیق عملاً نا کارآمد است. علاوه بر آن میتوان دید با افزایش پیچیدگی ساختار تابع و ثابت بودن احتمال جهش، دقت در روش دارای جهش نیز افت میکند تا آنجا که در تابع شماره سه به ۸۸ درصد می رسد.

جدول ۳: دقت جواب و میانگین تعداد تکرار در رسیدن به جواب بر حسب احتمال جهش
تابع چهار متغیره شماره ۲

احتمال جهش	0.002	0.003	0.004	0.005	0.006
مقدار	2.944	5.060	5.710	6.208	6.266
تعداد تکرار	42.85	80.58	116.1	192.5	290.1
درصد دقت جواب	46.74	80.32	90.63	98.54	99.46

شروع ساده با جهش	شروع تصادفی با جهش	شروع ساده بدون جهش	شروع تصادفی بدون جهش	نوع انتخاب
9309775	9308294	9273934	9284329	شانس زندگی
16.125	15.903	19.053	21.181	تعداد تکرار
99.6387	99.62286	99.25512	99.36637	درصد دقت جواب

جدول ۲: دقت جواب و میانگین تعداد تکرار در رسیدن به جواب تابع چهار متغیره شماره ۱

شروع تصادفی با جهش	شروع تصادفی بدون جهش	نوع انتخاب
5.1568	4.0698	ایده ال
33.067	10.983	تعداد تکرار
99.0169	78.14516	درصد دقت جواب

احتمال جهش	0.002	0.003	0.004	0.005	0.006
مقدار	726	822.2	936.8	997.6	1069
تعداد تکرار	41.72	64.20	106.1	171.5	278.2
درصد دقت جواب	65.17	73.81	84.10	89.55	95.97

تابع چهار متغیره شماره ۲

شروع تصادفی با جهش	شروع تصادفی بدون جهش	نوع انتخاب
6.148	0.95	ایده ال
185.83	13.383	تعداد تکرار
97.60377	15.07811	درصد دقت جواب

تابع چهار متغیره شماره ۳

شروع تصادفی با جهش	شروع تصادفی بدون جهش	نوع انتخاب
982.75	467.75	ایده ال
160.82	15.533	تعداد تکرار
88.21078	41.98725	درصد دقت جواب

در جدول شماره سه نتایج مربوط به تاثیر تغییر احتمال جهش بر کارایی الگوریتم آورده شده است. کاملاً مشهود است که با اندک تغییری در مقدار احتمال جهش تغییرات زیادی در دقت و تعداد تکرار خواهیم داشت لذا برآورد مقداری صحیح برای آن خیلی مهم است. برای مثال در تابع شماره دو از مقدار $P_{mute} = 0.005$ به مقدار $P_{mute} = 0.006$ که رفته ایم دقت جواب فقط یک درصد بهتر شده است اما تعداد تکرار تقریباً ۱/۵ برابر شده که اصلاً قابل قبول نیست.

۵- نتیجه گیری و خاتمه

هدف مقاله بررسی الگوریتم های ژنتیک متداول بود. بر این اساس با شبیه سازی در توابع گوناگون نقاط قوت و ضعف هر یک از روشها نشان داده شد. بدیهی است ارائه روشی برای کاهش وابستگی الگوریتم های موجود به احتمال



جهش بدلیل نا معلوم بودن آن حین پروسه بهینه سازی
میتواند نقاط ضعف روشهای موجود را تا حد زیادی پوشش
دهد.

۶- مراجع

- 1- M. Tomassini. A survey of genetic algorithms. In D. Stauffer, editor, Annual Reviews of Computational Physics, volume III, pages 87-118. World Scientific, 1995. Also available as: Technical Report 95/137, Department of Computer Science, Swiss Federal Institute of Technology, Lausanne, Switzerland, July, 1995._
- 2- M. D. Vose. The Simple Genetic Algorithm: Foundations and Theory. The MIT Press, Cambridge, MA, 1999.
- 3- J. R. Koza, F. H. Bennett III, D. Andre, and M. A. Keane, Genetic Programming III: Darwinian Invention and Problem Solving, Morgan Kaufmann, San Francisco, California, 1999.
- 4- Paul Charbonneau. An Introduction To Genetic Algorithms For Numerical Optimization, National Center For Atmospheric Research, Boulder Colorado, March 2002
- 5- David A Coley, An Introduction To Genetic Algorithms For Scientists and Engineers, World Scientific Publishing co, 1999.
- 6- Sean Luke, Lee Spector. A Revised Comparison of Crossover and Mutation in Genetic Programming. Proceedings of the Third Conference on Genetic Programming (GP98). Madison, Wisconsin 1998.
- 7- John R. Koza, Survey of genetic algorithms and genetic programming. In Proceedings of the Wescon 95. San Francisco, CA, 7.-9. November 1995.