

# یک معیار جدید جهت ایجاد تعادل بین جستجوی عمومی و محلی در الگوریتم‌های ممتیکی

مهدی رضاپور میرصالح و محمدرضا میبدی

طی می‌شود را فرکانس استفاده از جستجوی محلی می‌گویند. به عبارت دیگر این پارامتر مشخص می‌کند که هر چند نسل یک بار جستجوی محلی انجام شود. در اکثر الگوریتم‌های ترکیبی سنتی از فرکانس یک استفاده شده است. در [۱] الگوریتمی ترکیبی با فرکانس استفاده از جستجوی محلی دو برای حل مسأله فروشنده دوره‌گرد ارائه شده است. در [۲] مجموعه‌ای از آزمایش‌ها جهت تعیین فرکانس بهینه جستجوی محلی روی دو تابع پیوسته انجام گرفته و نشان داده شده که بهترین فرکانس جستجوی محلی، سه می‌باشد. در حقیقت می‌توان گفت که فرکانس استفاده از جستجوی محلی، نقطه تغییر جستجوی عمومی و جستجوی محلی را نشان می‌دهد. تعیین بهترین نقطه برای این تغییر، وابسته به نحوه توزیع ژنتیکی کروموزوم‌ها است. در [۳] سه معیار مختلف برای تعیین نقطه بهینه بررسی شده که عبارتند از تعداد فراخوانی‌های تابع شایستگی، سرعت همگرایی الگوریتم ژنتیک و نمایش ژنتیکی کروموزوم‌ها. در این تحقیق نشان داده شده که استفاده از معیار سرعت همگرایی، کارترین معیار جهت پیدا کردن نقطه بهینه تغییر جستجوی عمومی به جستجوی محلی است.

طول مدت استفاده از جستجوی محلی، تعداد تکرار جستجوی محلی روی یک کروموزوم را نشان می‌دهد. اگر تعداد فراخوانی‌های تابع شایستگی را ثابت در نظر بگیریم، هرچه طول جستجوی محلی بیشتر باشد، تعداد تکرار الگوریتم ژنتیک کمتر خواهد بود و هرچه طول جستجوی محلی کمتر باشد، تعداد تکرار الگوریتم ژنتیک بیشتر خواهد بود. لذا همان گونه که مشخص است طول جستجوی محلی نقش مهمی در ایجاد تعادل بین جستجوی عمومی و جستجوی محلی را داراست. در [۴] از جستجوی محلی کامل به عنوان طول جستجو استفاده شده است. جستجوی محلی کامل به معنای انجام جستجوی محلی روی یک کروموزوم تا رسیدن به یک کمینه محلی است. استفاده از جستجوی محلی کامل باعث کاهش تنوع جمعیت و صرف هزینه محاسباتی و زمانی زیاد خواهد شد. طول بهینه برای انجام جستجوی محلی در مسایل مختلف متفاوت است. در [۵] نشان داده شده که برای افزایش کارایی در بهینه‌سازی تابع griewank طول جستجوی محلی بایستی کوتاه در نظر گرفته شود، در حالی که طول جستجوی محلی بلند در بهینه‌سازی تابع rastrigin بهره بیشتری را ایجاد خواهد کرد. در [۶] افراد جمعیت به فرم هرمی از موجودات در نظر گرفته شده‌اند. در این روش افراد با شایستگی بالاتر به سمت نوک هرم منتقل می‌شوند. با این روش جستجوی محلی به تناسب شایستگی افراد جمعیت انجام خواهد شد.

در الگوریتم‌های ترکیبی سنتی جستجوی محلی روی همه موجودات انجام می‌شد. این روش به دلیل هزینه زیاد مقرون به صرفه نیست و لذا بایستی جستجوی محلی روی تعدادی منتخب از موجودات انجام پذیرد. هرچه درصد افرادی از جمعیت که جستجوی محلی روی آنها انجام می‌پذیرد بیشتر باشد، اثر جستجوی عمومی الگوریتم ژنتیک کمتر خواهد

چکیده: یکی از مشکلات الگوریتم‌های ژنتیک سنتی، مشکل همگرایی زودرس است که باعث ناتوانی آنها در جستجوی جواب‌های مناسب می‌شود. یک الگوریتم ممتیک از جستجوی محلی برای افزایش سرعت کشف جواب‌های مناسبی که پیدا کردن آنها به وسیله جستجوی عمومی تنها به طول می‌انجامد یا قابل دسترس نباشند، استفاده می‌کند. در این مقاله یک الگوریتم ممتیک مبتنی بر اتوماتای یادگیر به نام LA-MA ارائه شده که از دو بخش ژنتیکی و ممتیکی تشکیل شده است. تکامل یا جستجوی عمومی در بخش ژنتیکی و بهره‌برداری یا جستجوی محلی در بخش ممتیکی انجام می‌شوند. در بخش ممتیکی، احتمال موفقیت جستجوی محلی تخمین زده شده و در صورتی که انجام جستجوی محلی نسبت به جستجوی عمومی مقرون به صرفه باشد، بهره‌برداری انجام می‌شود. تخمین صحیح احتمال موفقیت جستجوی محلی، باعث ایجاد تعادل بین جستجوی عمومی و محلی شده و کارایی الگوریتم ممتیک را بالا می‌برد. در این مقاله از دو مسأله پیشینه‌سازی یک‌ها و تناظر گراف جهت ارزیابی کارایی الگوریتم پیشنهادی استفاده شده است. نتایج آزمایش‌ها نشان می‌دهد که الگوریتم پیشنهادی از نظر کیفیت جواب‌های به دست آمده و نرخ همگرایی نسبت به سایر الگوریتم‌ها عملکرد بهتری دارد.

کلید واژه: اتوماتای یادگیر، الگوریتم ممتیک، جستجوی عمومی، جستجوی محلی، م.م.

## ۱- مقدمه

الگوریتم ژنتیک و جستجوی محلی به ترتیب در جستجوی عمومی و تنظیم دقیق جواب‌های به دست آمده استفاده می‌شوند. با توجه به این که هر کدام از این دو دارای ویژگی‌های خاص خود می‌باشند، نحوه ترکیب این دو در کارایی الگوریتم ترکیبی حاصل، تأثیر زیادی خواهد داشت. مهم‌ترین ویژگی الگوریتم‌های ممتیک، اضافه‌شدن جستجوی محلی به سیر تکامل عمومی است که توسط الگوریتم ژنتیک ایجاد می‌شود. الگوریتم ژنتیک حوزه جواب را پیدا می‌کند و جستجوی محلی با بررسی دقیق‌تر حوزه جواب، بهترین جواب موجود را به دست می‌آورد. تحقیقات نشان داده که تعیین دقیق نرخ انجام جستجوی محلی در کارایی الگوریتم ترکیبی بسیار مؤثر است. پارامترهایی که در تعادل بین جستجوی عمومی و جستجوی محلی نقش دارند عبارتند از فرکانس استفاده از جستجوی محلی، طول یا مدت زمان استفاده از جستجوی محلی و احتمال انجام جستجوی محلی روی یک کروموزوم.

این مقاله در تاریخ ۹ مرداد ماه ۱۳۹۲ دریافت و در تاریخ ۱۴ تیر ماه ۱۳۹۳ بازنگری شد.

مهدی رضاپور میرصالح، دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، تهران، (email: mrezapoorm@aut.ac.ir).  
محمدرضا میبدی، دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، تهران، (email: mmeybodi@aut.ac.ir).

تقویتی متغیری تصادفی در فاصله [۱۰] و [۱۱] است. اگر احتمال‌های جریمه در طول زمان تغییر کنند، محیط را غیر ایستا و در غیر این صورت ایستا می‌نامند.

اتوماتای یادگیر به دو خانواده اتوماتای یادگیر با ساختار ثابت و اتوماتای یادگیر با ساختار متغیر دسته‌بندی می‌شود. اتوماتای کرینسکی و کرایلو مثال‌هایی از اتوماتای با ساختار ثابت هستند. یک اتوماتان یادگیر با ساختار متغیر را می‌توان با یک سه‌تایی  $\langle \beta, \alpha, T \rangle$  نشان داد که  $\alpha$  مجموعه اقدام‌های مجاز برای اتوماتان یادگیر،  $\beta$  مجموعه ورودی‌های اتوماتان و  $T$  الگوریتم یادگیری می‌باشد. الگوریتم یادگیری، رابطه‌ای تکراری است که برای تغییر بردار احتمال اقدام‌ها استفاده می‌شود.  $\alpha_i(k) \in \alpha$  اقدام انتخاب‌شده توسط اتوماتان و  $p(k)$  بردار احتمال آن در لحظه  $k$  است. همچنین  $a$  و  $b$  به ترتیب پارامترهای پاداش و جریمه هستند که میزان افزایش و کاهش احتمال اقدام را نشان می‌دهند.  $r$  تعداد اقدام‌هایی است که توسط اتوماتان انتخاب می‌شود. در لحظه  $k$  اگر اقدام انتخاب‌شده  $\alpha_i(k)$  توسط محیط پاداش بگیرد بردار احتمال  $p(k)$  توسط الگوریتم یادگیری خطی (۱) به روز می‌شود و در صورتی که جریمه شود توسط (۲) تغییر می‌کند

$$P_j(n+1) = \begin{cases} P_j(n) + a[1 - P_j(n)] & j = i \\ (1-a)P_j(n) & \forall j, j \neq i \end{cases} \quad (1)$$

$$P_j(n+1) = \begin{cases} (1-b)P_j(n) & j = i \\ \frac{b}{1-r} + (1-b)P_j(n) & \forall j, j \neq i \end{cases} \quad (2)$$

در رابطه‌های بالا اگر  $a = b$  الگوریتم را  $L_{R-P}$ ، اگر  $a \gg b$  الگوریتم را  $L_{R-E}$  و اگر  $b = 0$  آن را  $L_{R-I}$  می‌نامند. در الگوریتم  $L_{R-I}$  هنگامی که اقدام انتخابی توسط محیط جریمه شود، بردار احتمال اقدام تغییر نمی‌کند.

### ۳- معیار جدید جهت تعادل بین جستجوی عمومی و محلی

مجموعه نقاط فضای جستجو را می‌توان به سه مجموعه تقسیم کرد. مجموعه ۱ مجموعه نقاطی هستند که جواب مسأله می‌باشند و مجموعه ۲ مجموعه نقاطی هستند که در همسایگی نقاط مجموعه ۱ قرار دارند و با انجام یک یا چند جستجوی محلی به مجموعه ۱ خواهند رسید. به عبارت دیگر مجموعه نقاط ۲ حائز شرایط مناسب برای اعمال جستجوی محلی جهت همگرا شدن به مجموعه نقاط ۱ هستند. مجموعه ۳ مجموعه نقاطی غیر از مجموعه‌های ۱ و ۲ هستند که این نقاط از جواب بهینه فاصله دارند و باید با عملگرهای تکاملی (در جستجوی عمومی) به یکی از دو مجموعه ۱ یا ۲ منتقل شوند. اگر  $p_1(t)$ ،  $p_2(t)$  و  $p_3(t)$  به ترتیب بیانگر احتمال قراردادن یک کروموزوم در نسل  $t$  در مجموعه نقاط ۱، ۲ و ۳ باشد خواهیم داشت

$$p_1(t) + p_2(t) + p_3(t) = 1 \quad (3)$$

فرض کنید که  $p_{ij}$  احتمال انتقال یک کروموزوم از مجموعه نقاط  $i$  به مجموعه نقاط  $j$  با انجام جستجوی محلی یا جستجوی عمومی باشد. اگر کروموزومی در مجموعه نقاط ۳ باشد، پس از اعمال جستجوی عمومی با احتمال  $p_{31}$  به مجموعه نقاط ۱ (جواب مسأله) خواهد رسید یا با احتمال  $p_{32}$  به مجموعه ۲ منتقل خواهد شد و یا با احتمال  $p_{33}$  در همان مجموعه باقی خواهد ماند. همچنین اگر کروموزومی در مجموعه نقاط ۲ باشد، پس از اعمال جستجوی محلی با احتمال  $p_{21}$  به مجموعه نقاط ۱



شکل ۱: تعامل اتوماتان یادگیر با محیط.

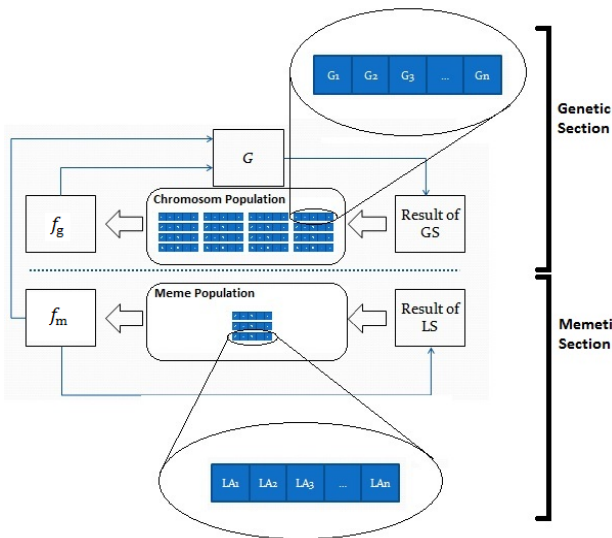
شد و هرچه موجودات کمتری جستجوی محلی را انجام دهند از دانش محلی استفاده مفید نخواهد شد. در نتیجه تعیین درصد بهینه از افراد جمعیت برای انجام جستجوی محلی در تعادل جستجوی عمومی و جستجوی محلی تأثیر مستقیم دارد. تعیین درصدی از جمعیت برای انجام جستجوی محلی معادل تعیین احتمال انجام جستجوی محلی روی هر موجود است. در آزمایش‌هایی که در [۷] انجام شده به بررسی احتمال انجام جستجوی محلی روی یک موجود در نسل‌های مختلف الگوریتم ترکیبی پرداخته شده است. در این مطالعه نشان داده شده که کارایی الگوریتم ترکیبی در حالتی که احتمال انجام جستجوی محلی در نسل‌های ابتدایی کم و در نسل‌های بعدی افزایش می‌یابد، بالاتر خواهد بود. در این مقاله معیار جدیدی برای تخمین احتمال موفقیت جستجوی محلی جهت ایجاد تعادل بین جستجوی عمومی و محلی ارائه شده است. این معیار در یک مدل متمکی به نام LA-MA که قبلاً توسط نویسندگان ارائه گردیده [۸]، نمایش داده شده است. در این مدل در هر نسل ابتدا احتمال موفقیت جستجوی محلی تخمین زده شده و در صورتی که انجام جستجوی محلی نسبت به جستجوی عمومی مقرون به صرفه باشد، جستجوی محلی انجام می‌گردد.

ادامه این مقاله به صورت زیر سازماندهی شده است: در بخش دوم اتوماتان یادگیر شرح داده شده و سپس نحوه تخمین احتمال انجام جستجوی محلی در بخش سوم بیان شده است. در بخش چهارم مدل LA-MA ارائه و در ادامه به بررسی آزمایش‌های انجام‌شده پرداخته شده و در بخش آخر هم نتیجه‌گیری به عمل آمده است.

### ۲- اتوماتان یادگیر

اتوماتان یادگیر [۹] ماشینی است که می‌تواند تعداد محدودی عمل را انجام دهد. هرگاه این ماشین عملی را انتخاب می‌کند، عمل انتخاب‌شده توسط محیط ارزیابی و نتیجه آن به صورت یک سیگنال بازخوردی مثبت یا منفی به اتوماتان بازگردانده می‌شود که مقدار این سیگنال در انتخاب اعمال بعدی تأثیر می‌گذارد. هدف این فرایند این است که اتوماتان بعد از گذشت مدتی به سمت مناسب‌ترین عمل خود در محیط میل کرده و یا به عبارت دیگر یاد می‌گیرد که کدام عمل، بهترین عمل است. نحوه تعامل اتوماتان یادگیر و محیط در شکل ۱ نشان داده شده است.

مدل ریاضی محیط به صورت سه‌تایی  $\langle \alpha, \beta, \underline{c} \rangle$  تعریف می‌شود که  $\alpha = \{\alpha_1, \dots, \alpha_r\}$  مجموعه ورودی‌ها،  $\beta = \{\beta_1, \dots, \beta_m\}$  مجموعه مقادیر سیگنال تقویتی که توسط محیط تولید می‌شود و  $\underline{c} = \{c_1, \dots, c_r\}$  مجموعه‌ای از احتمال‌های تنبیه می‌باشد. هر  $c_i$  با  $\alpha_i$  رابطه دارد و در واقع  $c_i$ ‌ها مشخصات و رفتار محیط را تعریف می‌کنند. اگر احتمال‌های تنبیه ثابت باشند، محیط را ایستا و اگر در طول زمان تغییر کنند، محیط را غیر ایستا می‌نامند. بر حسب نحوه تعریف مجموعه  $\beta$ ، محیط به مدل  $P$ ، مدل  $Q$  و مدل  $S$  تقسیم‌بندی می‌شود. محیطی که عناصر سیگنال تقویتی آن فقط دو مقدار ۰ و ۱ می‌گیرند را مدل  $P$  می‌نامند. در محیط از نوع  $Q$ ، سیگنال تقویتی می‌تواند به طور گسسته یک مقدار از مقادیر محدود در فاصله [۱۰] را اختیار کند و در محیط از نوع  $S$ ، سیگنال



شکل ۳: شمای گرافیکی مدل LA-MA.

$$p^{ls} \geq p^{gs} \Leftrightarrow p_r(t) \times p_{r1} \geq p_r(t) \times p_{r1} \quad (9)$$

در نتیجه با توجه به رابطه‌های قبل به نامساوی زیر می‌رسیم

$$p_r(t) \times (1 - (1 - p_r(t))^N) \geq p_r(t) \times (1 - (1 - p_r(t))^N) \quad (10)$$

در یک حالت خاص که تنها یک کروموزوم وجود داشته باشد، نامساوی قبل به شکل زیر تبدیل می‌شود

$$p_r(t) \times p_r(t) \geq p_r(t) \times p_r(t) \quad (11)$$

به عبارت دیگر در صورتی که که نامساوی (۱۱) برقرار باشد، انجام جستجوی محلی مقرون به صرفه است. جهت استفاده از مدل ارائه شده، تعیین دقیق  $p_r(t)$ ،  $p_r(t)$  و  $p_r(t)$  مهم‌ترین مسأله می‌باشد. در بعضی از مسایل می‌توان با ارائه رابطه دقیقی، مقادیر مذکور را تعیین نمود و در مسایلی که نمی‌توان رابطه دقیقی ارائه نمود، بایستی این مقادیر را به صورت مناسب تخمین زد. در بخش‌های بعد نشان داده شده که می‌توان از مدل LA-MA برای تخمین این مقادیر استفاده نمود.

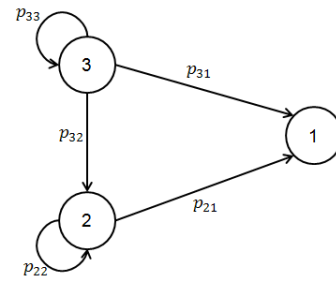
#### ۴- مدل LA-MA

این مدل که در شکل ۳ آمده قبلاً توسط نویسندگان ارائه گردیده [۸] که از دو بخش ژنتیک و ممتیک تشکیل شده است. بخش ژنتیک مدل ارائه شده همانند الگوریتم ژنتیک سنتی است که در این قسمت جمعیت کروموزوم‌ها قرار دارد. هر کروموزوم از  $n$  ژن تشکیل شده و هر ژن می‌تواند حاوی یکی از  $m$  مقدار ممکن باشد. کروموزوم شماره  $i$  با نماد  $CR^i$  به شکل زیر نمایش داده می‌شود

$$CR^i = [CR_1^i, CR_2^i, \dots, CR_n^i] \quad (12)$$

$CR_k^i$  مقدار تخصیص یافته به ژن  $k$ ام را نشان می‌دهد.

جمعیت اولیه به صورت تصادفی تولید می‌شود. در بخش ژنتیکی مدل ارائه شده در هر نسل، کروموزوم‌ها از طریق مکانیزم تورنمنت انتخاب شده و با احتمال  $r_c$  عمل بازترکیبی روی آنها انجام می‌گیرد و با توجه به روش Crowding فرزندان نسل جدید انتخاب می‌شوند و سپس با احتمال  $r_m$  عمل جهش روی فرزندان نسل جدید اعمال می‌گردد. در روش Crowding فرزندی که دارای شایستگی بالاتر و فاصله اقلیدسی کمتری نسبت به والدین خود می‌باشند برای نسل بعد انتخاب می‌شوند. شایستگی کروموزوم  $CR^i$  یک تابع بیشه‌سازی است که با  $GF^i(t)$  نمایش داده



شکل ۲: مجموعه نقاط مختلف فضای جستجو و ارتباط آنها.

(جواب مسأله) منتقل خواهد شد و یا با احتمال  $p_{rr}$  در همان مجموعه باقی خواهد ماند. چون ماهیت جستجوی محلی به گونه‌ای است که پس از اعمال جستجوی محلی شایستگی ژنتیکی کروموزوم افزایش خواهد یافت احتمال قرارگرفتن در مجموعه ۳، صفر خواهد بود و به عبارت دیگر  $p_{rr} = 0$ . شکل ۲ مجموعه نقاط مختلف فضای جستجو و نحوه ارتباط بین آنها را نشان می‌دهد.

در این بخش، تکامل و یادگیری فردی در الگوریتم ممتیک در فرایندهای جداگانه مورد بررسی قرار گرفته‌اند و مقادیر احتمال قرارگرفتن کروموزوم‌ها در هر یک از سه مجموعه مذکور در این دو فرایند به تفکیک مورد بررسی واقع شده‌اند.

با فرض وجود  $N$  کروموزوم در هر نسل و انجام جستجوی عمومی، احتمال انتقال حداقل یکی از کروموزوم‌ها از مجموعه شماره ۳ به مجموعه شماره ۱ ( $p_{r1}$ ) از طریق (۴) و احتمال انتقال حداقل یکی از کروموزوم‌ها از مجموعه شماره ۳ به مجموعه شماره ۲ ( $p_{r2}$ ) از طریق (۵) محاسبه می‌شود

$$p_{r1} = p_1(t) + (1 - p_1(t)) \times p_1(t) + \dots + (1 - p_1(t))^{N-1} \times p_1(t) = 1 - (1 - p_1(t))^N \quad (4)$$

$$p_{r2} = p_2(t) + (1 - p_2(t)) \times p_2(t) + \dots + (1 - p_2(t))^{N-1} \times p_2(t) = 1 - (1 - p_2(t))^N \quad (5)$$

و در نتیجه مقدار  $p_{rr}$  از رابطه زیر حاصل خواهد شد

$$p_{rr} = 1 - p_{r1} - p_{r2} = (1 - p_1(t))^N + (1 - p_2(t))^N - 1 \quad (6)$$

همچنین احتمال انتقال حداقل یکی از کروموزوم‌ها از مجموعه ۲ به مجموعه ۱ از طریق جستجوی محلی برابرست با

$$p_{r1} = p_r(t) + (1 - p_r(t)) \times p_r(t) + \dots + (1 - p_r(t))^{N-1} \times p_r(t) = 1 - (1 - p_r(t))^N \quad (7)$$

در نتیجه مقدار  $p_{rr}$  هم از رابطه زیر به دست خواهد آمد

$$p_{rr} = 1 - p_{r1} = (1 - p_r(t))^N \quad (8)$$

هر کروموزوم می‌تواند توسط جستجوی محلی یا جستجوی عمومی به بهینه سراسری همگرا شود. با توجه به بحث بند قبل،  $p^{gs} = p_r(t) \times p_{r1}$  و  $p^{ls} = p_r(t) \times p_{r1}$  به ترتیب احتمال انتقال یک کروموزوم به مجموعه جواب (مجموعه ۱) با استفاده از جستجوی عمومی و احتمال انتقال یک کروموزوم به مجموعه جواب (مجموعه ۱) با استفاده از جستجوی محلی را نشان می‌دهند. طراحی الگوریتم ممتیک را می‌توان به ساز و کاری جهت تصمیم‌گیری برای انجام جستجوی محلی یا جستجوی عمومی در هر تکرار بسط داد. به عبارت دیگر اگر احتمال رسیدن یک کروموزوم به بهینه سراسری از طریق جستجوی محلی ( $p^{ls}$ ) بیشتر از احتمال رسیدن آن به بهینه سراسری از طریق جستجوی عمومی ( $p^{gs}$ ) باشد، جستجوی محلی باید مورد استفاده قرار بگیرد. بدین معنی که

این تابع که در شکل ۳ با  $G$  نشان داده شده است شایستگی ترکیبی<sup>۳</sup> نامیده می‌شود. به عبارت دیگر حاصل این تابع ترکیبی، نشان‌دهنده پتانسیل جستجوی عمومی و جستجوی محلی برای بهبود یک کروموزوم است. نتیجه آزمایش‌ها نشان می‌دهند که مقادیر  $1 - GF^i(t)$ ،  $GF^i(t) \times MF^i(t)$  و  $GF^i(t) \times (1 - MF^i(t))$  به ترتیب تخمین مناسبی برای مقادیر پارامترهای  $p_r(t)$ ،  $p_g(t)$  و  $p_s(t)$  می‌باشند. با توجه به این مقادیر نامساوی (۱۱) به شکل زیر تبدیل می‌شود

$$\frac{(1 - MF^i(t))^r}{MF^i(t)} \geq \frac{1 - GF^i(t)}{GF^i(t)} \quad (15)$$

شکل ۴ نمودار (۱۵) را نسبت به  $GF^i(t)$  و  $MF^i(t)$  نشان می‌دهد. با توجه به این شکل می‌توان گفت مادامی که جستجوی عمومی باعث ایجاد کروموزومی با شایستگی ژنتیکی بالاتر می‌شود، با توجه به نامساوی (۱۵)، جستجوی محلی نیز باید انجام شود.

### ۵- نتیجه آزمایش‌ها

#### ۵-۱ مسأله بیشینه‌سازی یک‌ها

در مسأله بیشینه‌سازی یک‌ها<sup>۴</sup> هدف بیشینه‌کردن تعداد یک‌های رشته دودویی  $X$  است

$$\text{OneMax}(X) = \sum_{i=1}^n x_i \quad (16)$$

به گونه‌ای که  $x_i$  بیت  $i$  ام و  $n$  طول رشته  $X$  است و مقدار بیشینه سراسری برابر است با  $X = 11 \dots 1$ .

در حالتی که فقط از یک کروموزوم استفاده شود ( $N = 1$ ) و در هر نسل با احتمال  $r_m$  عمل جهش روی هر ژن انجام شود احتمال این که کروموزوم  $X$  که از  $k$  بیت ۰ و  $n - k$  بیت ۱ تشکیل شده است، به وسیله جستجوی عمومی به بیشینه سراسری همگرا شود از رابطه زیر محاسبه می‌شود

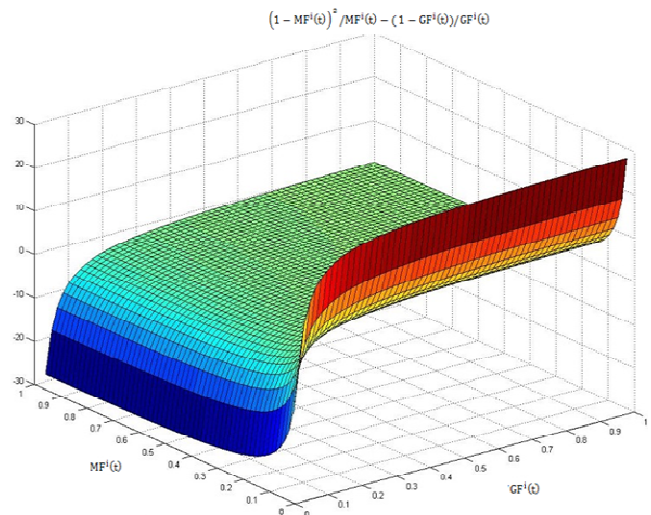
$$p'_{r_1} = (1 - r_m)^{n-k} \times (r_m)^k \quad (17)$$

به عبارت دیگر با توجه به مشخص بودن پارامترهای  $r_m$ ،  $k$  و  $n$  احتمال انتقال از وضعیت از ۳ به وضعیت ۱ مطابق (۱۷) قابل محاسبه می‌باشد. همچنین اگر در جستجوی محلی  $k$  بیت به صورت تصادف انتخاب شود و مقدار بیت‌های انتخابی تغییر یابند، امید ریاضی یا تعداد متوسط بیت‌هایی که در هر جستجوی محلی از ۰ به ۱ تبدیل می‌شوند، برابر است با

$$e = \sum_{i=1}^k i \times \frac{\binom{n-k}{k-i} \times \binom{k}{i}}{\binom{n}{k}} \quad (18)$$

و در حالت متوسط با انجام هر جستجوی محلی احتمال همگرایی به بیشینه سراسری برابر است با

$$p'_{r_1} = \frac{\binom{n-k}{k-e_r} \times \binom{k}{e_r}}{\binom{n}{k}} \quad (19)$$



شکل ۴: نمودار  $(1 - MF^i(t))^r / MF^i(t) \geq (1 - GF^i(t)) / GF^i(t)$ .

می‌شود و اصطلاحاً شایستگی ژنتیکی<sup>۱</sup> به آن گفته می‌شود. لازم به ذکر است که مقیاس شایستگی ژنتیکی به بازه  $[0, 1]$  تغییر یافته است.

در این مدل در کنار جمعیت کروموزوم‌ها، یک مم قرار دارد که متناظر با جستجوی محلی است که روی کروموزوم‌ها اعمال می‌شود. مم از  $n$  اتوماتان یادگیر تشکیل شده و هر اتوماتان یادگیر دارای  $m$  اقدام است (تعداد اقدام‌های اتوماتان یادگیر برابر با تعداد مقادیر ممکن ژن‌ها است). هر اتوماتان دارای یک بردار احتمال  $m$  تایی است که احتمال قراردادن هر یک از  $m$  مقدار ژن مربوط را نشان می‌دهد. احتمال اولیه انتخاب هر یک از اقدام‌های اتوماتان یادگیر مساوی و برابر مقدار  $1/m$  است. با اعمال جستجوی محلی روی کروموزوم‌ها و نتیجه حاصل، مقدار احتمال هر یک از اقدام‌های اتوماتان یادگیر به روز می‌شود. تاریخچه تأثیر جستجوی محلی در نسل  $t$  به وسیله بردارهای احتمال اتوماتان یادگیر واقع در مم نشان داده می‌شود (رابطه (۱۳))

$$M(t) = [M_1(t), M_r(t), \dots, M_n(t)] \quad (13)$$

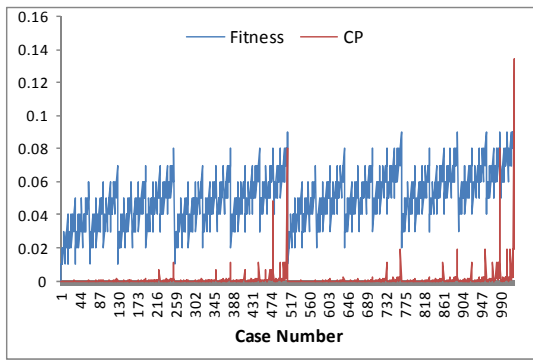
که  $\sum_{j=1}^m M_{jk}(t) = 1$  و  $M_j(t) = [M_{j_1}(t), M_{j_r}(t), \dots, M_{j_m}(t)]'$  احتمال قرارگرفتن مقدار  $k$  ام در ژن شماره  $j$  با اعمال جستجوی محلی  $i$  ام را نشان می‌دهد. به عبارت دیگر هر مم احتمال رسیدن به هر یک از نقاط فضای جستجو را پس از اعمال جستجوی محلی نشان می‌دهد. لذا احتمال ایجاد کروموزوم  $\alpha$  پس از اعمال مم توسط جستجوی محلی برابر است با

$$MF^\alpha(t) = \prod_{j=1}^n M_{jk}(t) \quad (14)$$

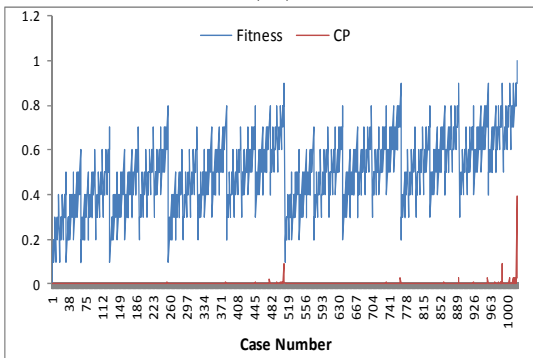
که به آن شایستگی ممیکی<sup>۲</sup> کروموزوم  $\alpha$  گفته می‌شود و با  $MF^\alpha(t)$  نمایش داده می‌شود. پس از اعمال جستجوی محلی روی هر یک از کروموزوم‌ها، احتمال انتخاب هر یک از اقدام‌های اتوماتای یادگیر به روز می‌شود. بدین صورت که اگر مقدار یک ژن قبل و بعد از اعمال جستجوی محلی مقدار یکسانی داشته باشد، اقدام متناسب با آن مقدار در اتوماتان مربوط پاداش داده شده و در غیر این صورت جریمه می‌شود. از ترکیب شایستگی ممیکی و شایستگی ژنتیکی یک کروموزوم می‌توان به تابع دقیق‌تری برای انتخاب کروموزوم‌های نسل بعد دست یافت.

3. Hybrid Fitness  
4. OneMax

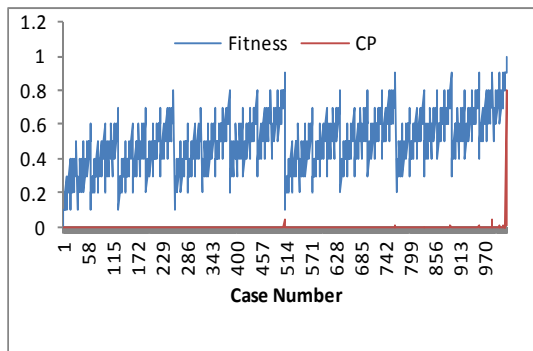
1. Genetic Fitness  
2. Memetic Fitness



(الف)



(ب)



(ج)

شکل ۵: مقدار شایستگی و احتمال همگرایی هر یک از نقاط فضای جستجو توسط LA-MA در نسل‌های (الف)  $t=5$ ، (ب)  $t=10$  و (ج)  $t=50$ .

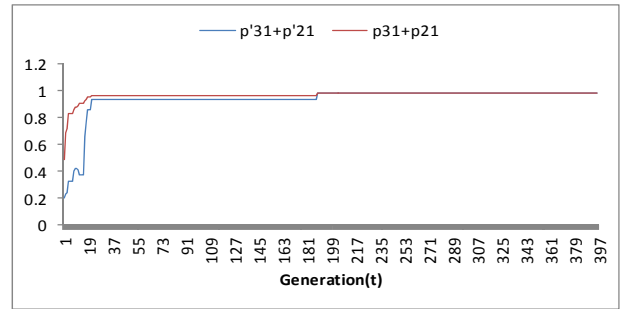
جستجو با میزان شایستگی آنها رابطه مستقیمی وجود دارد. در نسل ۱۰ نقاطی با احتمال همگرایی بالاتری ظاهر شده‌اند و در نسل‌های پایانی احتمال همگرایی بعضی از نقاط به ترتیب به بیش از ۰/۸ و ۰/۹ رسیده است.

### ۵-۲ مسأله تناظر گراف

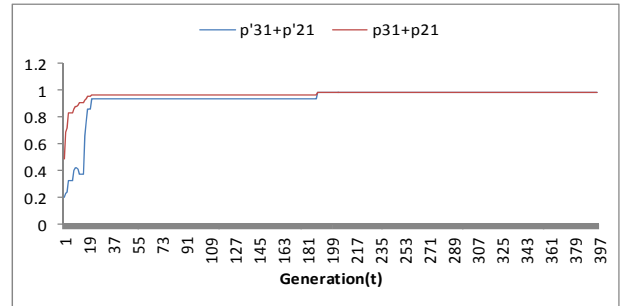
یک گراف به وسیله عبارت  $G=(E,V)$  نمایش داده می‌شود که  $V$  مجموعه رأس‌ها و  $E \subset V \times V$  مجموعه یال‌ها می‌باشد. دو گراف  $G=(E_1,V_1)$  و  $H=(E_2,V_2)$  را متناظر گویند اگر و فقط اگر ماتریس‌های مجاورت آنها  $M(G)$  و  $M(H)$  تنها در جابه‌جایی تعدادی از سطرها و ستون‌هایشان با هم متفاوت باشند. وابستگی ماتریس‌های  $M(G)$  و  $M(H)$  تحت نگاشت  $\sigma$  مطابق با (۲۰) است

$$M(H) = P \times M(G) \times P^T \rightarrow [P \times M(G) \times P^T]_{\sigma(i),\sigma(j)} = [M(H)]_{\sigma(i),\sigma(j)} \quad (20)$$

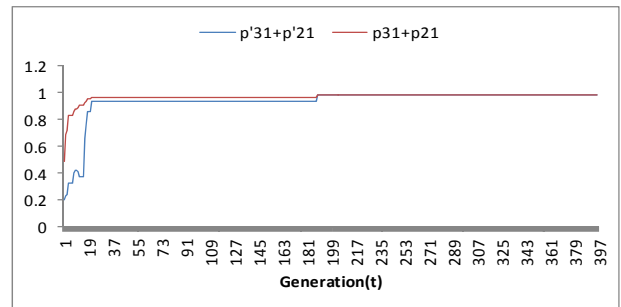
به گونه‌ای که  $P$  ماتریس جایگشت نگاشت  $\sigma$  است. اختلاف بین دو گراف با (۲۱) نشان داده می‌شود



(الف)



(ب)



(ج)

شکل ۶: مقایسه مقادیر محاسبه‌شده  $(p'_{r1} + p'_{r1})$  و تخمین زده شده  $(p_{r1} + p_{r1})$  در سه اجرای مختلف.

که در آن  $e_r = \text{round}(e)$ .

هدف از انجام این آزمایش مقایسه مقدار تخمین زده شده احتمال رسیدن به نقطه بهینه سراسری از طریق جستجوی محلی یا جستجوی عمومی  $(p_{r1} + p_{r1})$  و مقدار محاسبه‌شده احتمال رسیدن به نقطه بهینه سراسری از طریق جستجوی محلی یا جستجوی عمومی  $(p'_{r1} + p'_{r1})$  می‌باشد. لازم به ذکر است که با توجه به مقادیر تخمین زده شده برای پارامترهای  $p_r(t)$ ،  $p_r(t)$  و  $p_r(t)$  با توجه به (۴) تا (۸) مقادیر  $p_{r1}$  و  $p_{r1}$  به ترتیب برابر با  $p_{r1} = p_r(t)$  و  $p_{r1} = p_r(t)$  خواهند بود. شکل ۵ نمودار مقادیر محاسبه‌شده  $(p'_{r1} + p'_{r1})$  و تخمین زده شده  $(p_{r1} + p_{r1})$  را در سه اجرای مختلف نشان می‌دهد.

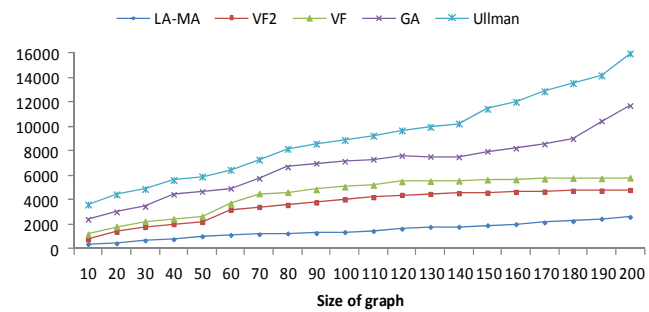
شکل ۶ شایستگی ژنتیکی و احتمال همگرایی فضای جستجوی مسأله (CP) را توسط LA-MA در نسل‌های ۵، ۱۰ و ۵۰ نشان می‌دهد. شایستگی هر یک از نقاط فضای جستجو توسط نمودار Fitness و احتمال همگرایی هر مورد از فضای جستجو به وسیله نمودار CP نشان داده شده و جهت نمایش بهتر نمودارها، مقدار شایستگی صد برابر کوچک‌تر شده است. همان گونه که مشاهده می‌شود، در شکل الف احتمال همگرایی همه نقاط فضای جستجو در نسل‌های اولیه جستجو برابر با ۰/۰۵ می‌باشد و این بدان معنی است که در نسل‌های اولیه جستجو به صورت تصادفی انجام گرفته و احتمال همگرایی به هر یک از ۱۰۲۴ نقطه فضای جستجو وجود دارد. لازم به ذکر است که احتمال همگرایی به نقاط مختلف فضای

## ۶- نتیجه گیری

در این مقاله معیار جدید جهت تخمین احتمال موفقیت جستجوی محلی با استفاده از مدل LA-MA ارائه شد. این مدل از دو بخش ژنتیکی و ممیتیکی تشکیل شده که جستجوی عمومی در بخش ژنتیکی و جستجوی محلی در بخش ژنتیکی انجام می‌شود. در این روش، جهت ایجاد تعادل بین جستجوی عمومی و جستجوی محلی، احتمال موفقیت جستجوی محلی در رسیدن به بیشینه سراسری تخمین زده می‌شود و در صورت مقرون به صرفه بودن انجام جستجوی محلی نسبت به جستجوی عمومی، جستجوی محلی انجام می‌شود. نشان داده شد که در معیار ارائه شده، مقادیر تخمین زده شده و محاسبه شده بسیار به هم نزدیکند. همچنین کارایی روش ارائه شده در دو مسأله بهینه‌سازی بیشینه‌سازی یک‌ها و تناظر گراف نشان داده شد. نتایج به دست آمده حاکی از برتری روش پیشنهادی نسبت به سایر روش‌های موجود است.

## مراجع

- [1] H. Ishibuchi, S. Kaige, and K. Narukawa, "Comparison between Lamarckian and Baldwinian repair on multiobjective 0/1 knapsack problems," in *Evolutionary Multi-Criterion Optimization*, C. A. C. Coello, A. H. Aguirre, and Eckart Zitzler, Eds., Springer, 2005, pp. 370-385.
- [2] H. Wang, D. Wang, and S. Yang, "A memetic algorithm with adaptive hill climbing strategy for dynamic optimization problems," *Soft Computing-A Fusion of Foundations, Methodologies, and Applications*, vol. 13, no. 8, pp. 763-780, Aug. 2009.
- [3] M. Syrjakov and H. Szczerbicka, "Combination of direct global and local optimization methods," in *Proc., IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation*, vol. 1, pp. 326-333, Dec. 1995.
- [4] D. Whitley, V. Gordon, and K. Mathias, "Lamarckian evolution, the Baldwin effect and function optimization," *Parallel Problem Solving from Nature-PPSN III*, vol. 866, pp. 5-15, Jan. 1994.
- [5] D. Molina, M. Lozano, and F. Herrera, "MA-SW-Chains: Memetic algorithm based on local search chains for large scale continuous global optimization," in *Proc. IEEE Congress on Evolutionary Computation, CEC'10*, 8 pp., 18-23 Jul. 2010.
- [6] N. Q. Huy, O. Y. Soon, L. M. Hiot, and N. Krasnogor, "Adaptive cellular memetic algorithms," *Evolutionary Computation*, vol. 17, no. 2, pp. 231-256, Summer 2009.
- [7] W. E. Hart and R. K. Belew, "Optimization with genetic algorithm hybrids that use local searches," in *Adaptive Individuals in Evolving Populations*, R. K. Belew and M. Mitchell, Ed., Boston: Addison-Wesley Longman Publishing Co., pp. 483-496, 1996.
- [8] M. Rezapoor and M. R. Meybodi, "LA-MA: a new memetic model based on learning automata," in *Proc. of 18th National Conf. of Computer Society of Iran*, 6 pp., Tehran, Iran, 14-16 Mar. 2013.
- [9] M. A. Wiering and H. van Hasselt, "Ensemble algorithms in reinforcement learning," *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics*, vol. 38, no. 4, pp. 930-936, Aug. 2008.
- [10] K. Najim and A. S. Poznyak, *Learning Automata: Theory and Applications*, Pergamon Press, Inc., 1994.
- [11] M. A. L. Thathachar and P. S. Sastry, *Networks of Learning Automata: Techniques for Online Stochastic Optimization*, Kluwer Academic Publishers, 2004.
- [12] P. Foggia, C. Sansone, and M. Vento, "A database of graphs for isomorphism and sub-graph isomorphism benchmarking," in *Proc. of the 3rd Int. Workshop on Graph-Based Representations*, pp. 176-187, May 2001.
- [13] W. Yuan-Kai, F. Kuo-Chin, and H. Jorng-Tzong, "Genetic-based search for error-correcting graph isomorphism," *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics*, vol. 27, no. 4, pp. 588-597, Aug. 1997.
- [14] J. R. Ullmann, "An algorithm for subgraph isomorphism," *J. ACM*, vol. 23, no. 1, pp. 31-42, Jan. 1976.
- [15] L. P. Cordella, P. Foggia, C. Sansone, and M. Vento, "A (sub) graph isomorphism algorithm for matching large graphs," *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 26, no. 10, pp. 1367-1372, Oct. 2004.



شکل ۷: مقایسه تعداد فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم‌های VF2، VF، GA، و Ullmann.

$$J(\sigma) = \|M(H) - P \times M(G) \times P^T\| \quad (21)$$

که  $\|M\| = \sum_i \sum_j |m_{ij}|$  مقدار آن از رابطه دست می‌آید. لذا مسأله تناظر گراف به یک مسأله بهینه‌سازی جهت یافتن جایگشت  $\sigma$  به منظور کمینه‌کردن  $J(\sigma)$  تبدیل خواهد شد.

خطای تناظر رأس  $k$  در ماتریس  $G$  و رأس  $\sigma(k)$  در ماتریس  $H$  به صورت زیر تعریف می‌شود

$$J_k(\sigma) = \sum_{m=1}^n \left| [M(H)]_{k,m} - [M(G)]_{\sigma(k),\sigma(m)} \right| + \sum_{m=1}^n \left| [M(H)]_{m,k} - [M(H)]_{\sigma(m),\sigma(k)} \right| \quad (22)$$

که در این رابطه  $n$  تعداد رأس‌های  $G$  گراف است. در نتیجه خطای تناظر گراف را می‌توان به صورت زیر نوشت

$$J(\sigma) = \sum_{k=1}^n J_k(\sigma) \quad (23)$$

ما از رابطه  $1/(1+J(\sigma))$  برای محاسبه مقدار شایستگی ژنتیکی استفاده نموده‌ایم.

هدف از انجام این آزمایش بررسی عملکرد مدل LA-MA برای حل مسأله تناظر گراف در مقایسه با سایر روش‌های مشهور حل این مسأله می‌باشد. در این آزمایش از پایگاه داده‌ای که متشکل از ۱۰۰۰۰ زوج گراف متناظر است، استفاده شده و شرح جزئیات این پایگاه داده استاندارد در [۱۲] آمده است. جهت انجام این آزمایش، الگوریتم‌های ژنتیک [۱۳]، Ullmann [۱۴]، VF [۱۵] و VF2 [۱۵] پیاده‌سازی شده‌اند و کد برنامه‌نویسی این الگوریتم‌ها در <http://amalfi.dis.unina.it/graph> موجود می‌باشد. شکل ۷ متوسط تعداد فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم‌های VF، VF2، Ullmann و LA-MA در ۵۰ اجرای مختلف را نشان می‌دهد که در این آزمایش از گراف‌های با تعداد رأس ۱۰ تا ۲۰۰ استفاده شده است. در گراف‌های کوچک ( $n < 50$ ) عملکرد الگوریتم‌های VF2 و LA-MA نسبت به سایر روش‌های مقایسه شده بهتر و عملکرد الگوریتم VF2 و LA-AM نزدیک به یکدیگر می‌باشند. اما در گراف‌های بزرگ ( $n > 50$ ) نرخ همگرایی الگوریتم VF2 در مقایسه با LA-MA پایین‌تر است و الگوریتم LA-AM عملکرد بهتری دارد. در این دسته از گراف‌ها فضای جستجو بزرگ است و احتمال قرارگرفتن در کمینه سراسری بیشتر می‌باشد. با توجه به انعطاف مدل LA-MA در جابه‌جایی بین جستجوی عمومی و محلی، احتمال قرارگرفتن این روش در کمینه محلی کاهش می‌یابد و در نتیجه سرعت همگرایی بالاتری خواهد داشت.

**مهدی رضاپور میرصالح** در سال ۱۳۷۹ مدرک کارشناسی مهندسی کامپیوتر خود را از دانشگاه خوارزمی و در سال ۱۳۸۲ مدرک کارشناسی ارشد خود را از دانشگاه صنعتی امیرکبیر (پلی‌تکنیک تهران) در این رشته دریافت نمود. هم‌اکنون ایشان در دوره دکتری رشته مهندسی کامپیوتر دانشگاه صنعتی امیرکبیر مشغول به تحصیل می‌باشد. زمینه‌های تحقیقاتی مورد علاقه ایشان عبارتند از: الگوریتم‌های تکاملی، محاسبات نرم و کاربردهای آن در گراف، شبکه‌های کامپیوتری و شبکه‌های اجتماعی.

**محمد رضا مبینی** تحصیلات خود را در مقاطع کارشناسی و کارشناسی ارشد اقتصاد به ترتیب در سال‌های ۱۳۵۲ و ۱۳۵۶ از دانشگاه شهید بهشتی و در مقطع کارشناسی ارشد و دکتری علوم کامپیوتر به ترتیب در سال‌های ۱۳۵۹ و ۱۳۶۲ از دانشگاه اوکلاهما آمریکا به پایان رسانده است و هم‌اکنون استاد دانشکده مهندسی کامپیوتر دانشگاه صنعتی امیرکبیر می‌باشد. نام‌برده قبل از پیوستنش به دانشگاه صنعتی امیرکبیر در سال‌های ۱۳۶۲ الی ۱۳۶۴ استادیار دانشگاه میشیگان غربی و در سال‌های ۱۳۶۴ الی ۱۳۷۰ دانشیار دانشگاه اوهایو در ایالات متحده آمریکا بوده است. زمینه‌های تحقیقاتی مورد علاقه ایشان عبارتند از: الگوریتم‌های موازی، پردازش موازی، محاسبات نرم و کاربردهای آن، شبکه‌های کامپیوتری و مهندسی نرم‌افزار.