

معايير الضبط المثلى للخوارزميات الجينية للأداء المتصل

م. ايناس محمد حسين م.م أخلاص عباس جبر البحراني
الجامعة المستنصرية / كلية التربية / قسم علوم الحاسبات

المستخلص

الخوارزميات الجينية هي صنف من إجراءات التحسين التي استعملت لتحسين عدد كبير و مختلف من الأنظمة المعقدة . وعلى الرغم من فوائد الخوارزمية الجينية فإنها تعاني من مساوئ منها : صعوبة تحديد معايير الضبط المثلى (Control Parameters) للخوارزمية ولهذه المشكلة تأثير كبير على الكفاءة التقليدية.

ومن اجل تسريع البحث وتحسين كفاءة الخوارزمية الجينية يتم من خلال تحديد معايير الضبط المثلى للخوارزمية الجينية والتي يجب ان تضبط لصالح الكفاءة.

تم في هذا البحث تصميم خوارزمية جينية تبحث في المجال المعير بسبعة معايير لتحديد الخوارزميات الجينية الكفوة على مجموعة من مسائل التحسين العددية ، وسميت هذه الخوارزمية الجينية بالخوارزمية الجينية مستوى فوقي- (Genetic Algorithms For On-Line Performance).

استطاعت الخوارزمية الجينية المقترحة إيجاد خوارزميات جينية مثلى تتفوق على الخوارزميات الجينية المثلى السابقة بالنسبة للأداء المتصل فقط (On-Line Performance). تم تدقيق النتائج على مجموعة أخرى من المسائل . أوضحت النتائج اقتدار وكفاءة الخوارزمية الجينية المقترحة مقارنة بالأعمال السابقة .

Abstract

A class of adaptive search procedures called genetic algorithms (GAs) has been used to optimize a wide variety of complex systems. However, GA's suffer from some disadvantages of identification of the optimal control parameters for GA's are hard. Among certain manipulations are usually essential to speed up and improve the GA performance is optimization of control parameters for genetic algorithms, which must be tuned for efficiency. This work describes experiments that search a parameterized space of GAs defined by seven control parameters in order to identify efficient GAs for the task of optimizing a set of numerical functions. Metalevel GA performs

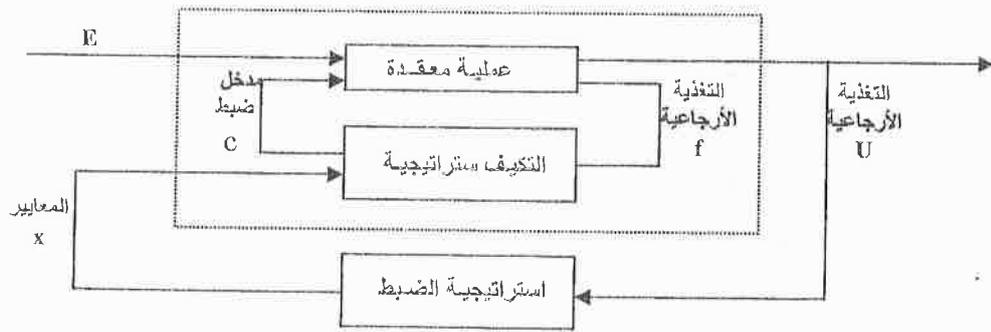
this search. The proposed genetic algorithm has enabled to found optimized genetic algorithm and exceeds over the previous genetic algorithm for the on-line performance only. These optimized algorithms represent a big statistically significant improvement over the expected online performance of the previous optimizing GAs. The results are validated (both the new proposed method & the previous methods) on another set of problems. The results showed the ability and the effectiveness of the proposed genetic algorithm as compared to the optimization rates of the previous GAs.

1 - المقدمة

مسألة الضبط الديناميكي لعملية معقدة ، غالب ما تختزل إلى مسألة تحسين دالة عددية ان بيئة كل مهمة تحدد سطح استجابة الأداء (performance response surface) والذي يجب أن يستطلع بصورة شاملة بواسطة تقنيات بحث مباشرة لغرض تحسين معايير الضبط ذات الأداء العالي (انظر الشكل رقم 1). عندما يكون سطح الاستجابة بسيط جدا تستعمل تقنيات الضبط أو التحسين اللاخطي التقليدية. لكن المهام الصعبة (مثل أنظمة التشغيل الحاسوبية) تتصف بصعوبة البحث عن سطح استجابة لها (مثلا مدخل ضبط ذو أداء ضوضائي أو متقطع أو عالي الأبعاد) ، في هذه الحالات قد تكون اختيارات تقنيات التحسين غير واضحة حتى عند توفر أصناف مناسبة من خوارزميات التحسين. هناك العديد من المعايير التي يجب ضبطها (مثل حجم الخطوة) في مختلف التقنيات القياسية وغالبا ما يكون لاختيار المعايير تأثيراً كبيراً على فعالية خوارزمية التحسين. أن معضلة ضبط معايير الخوارزمية ابتدائياً تمثل معضلة ثانوية أو مستوى فوقي للتحسين (انظر الشكل رقم 2). والخوارزمية الجينية تستعمل عدداً من المعايير لضبط بحثها التطوري لحل معضلاتها المعطاة بعض هذه المعايير تشمل معدل التزاوج (Crossover rate) ، معدل الطفرة (Mutation rate) ، العدد الأقصى للأجيال (Maximum number of generation) ، عدد الأفراد في المجتمع (Population size) ... وغيرها [Gorg, 1986].



شكل (1) نظام نوع تكيفي ذو مستوى واحد



شكل (2) نظام نوع تكيفي ذو مستويين

الخوارزمية الجينية تبدأ بانتقاء مجتمع من الكروموسومات الممثلة بخيوط (Strings)، إذ تستعمل خيوط المجتمع الحالي لخلق مجتمع جديد، والخيوط في المجتمع الجديد تكون ذو معدل أفضل من تلك الموجودة في المجتمع الحالي (الانتقاء يعتمد على قيم الصلاحية).

يهدف هذا البحث الحالي إلى إيجاد معايير الضبط المثالية لصنف من طرائق التحسين العالمية تدعى بـ (الخوارزميات الجينية) التي تعمل لكل الحالات العامة باستعمال خوارزمية جينية مستوى فوقي. ويصف البحث التجارب التي تبحث المجال المعير بسبعة معايير للخوارزميات الجينية لكي تحدد خوارزميات جينية كفوة لمهام تحسين مجموعة من الدوال العددية عددها خمس دوال. الهدف هو البحث خلال فضاء من مدخلات الدالة (كل منها تمثل بخيط من الثنائيات strings) لإيجاد المدخل الأعلى (أو الأقل) حسب دالة الهدف المعطاة (Fitness Function).

تستعمل ثلاث من العمليات توازي الموجود في الطبيعة لغرض الانتقال من مجتمع واحد إلى آخر وهذه العمليات هي (الانتقاء selection والتزاوج mating or crossover والطفرة mutation) (انظر الشكل 3):



شكل (3) الدورة الأساسية للخوارزمية الجينية

1) عملية الانتقاء (Selection) تحدد أي من الخيوط في المجتمع الحالي ستختار لخلق المجتمع الجيل التالي وهذا يتأتى من استعمال الانتقاء العشوائي بطريقة تضمن بان الخيوط الأفضل في المجتمع الحالي لها احتمال كبير في انتقاءها.

2) عملية التزاوج (Mating) تحدد الشكل الحقيقي للخيوط في الجيل التالي. اثنين من الآباء المختارين تتزاوج إذا كان طول كل خيط هو r ، يتم اختيار رقم عشوائي بين 2 و r يسمى s ثم نوحد الثنائيات التي تبدأ من 1 إلى $(s-1)$ من الأب الأول مع الثنائيات التي تبدأ من s إلى r من الأب الثاني ينتج خيط جديد واحد (طفل جديد) والعكس بالعكس بالنسبة للخيوط الجديدة الثاني.

3) الطفرة (Mutation) يتم وضعها في بداية الخوارزمية الجينية، وان احتمال تعرض الثنائيات في كل الخيوط الجديدة إلى التغيير يعتمد على هذه الاحتمالية. واحدة من أكثر الدراسات المبكرة لمعايير ضبط الخوارزمية الجينية كانت لـ [De,75] (De.jong)، الذي أوجد صنف الخوارزميات الجينية لتحسين الدوال. تجارب دي جونج أظهرت أن أفضل خوارزمية جينية لها معايير الضبط الموضحة في الجدول (1).

جدول (1) الخوارزمية الجينية المثلى لـ دي جونج

حجم المجتمع (Pop Size)	طريقة الانتقاء (Selection strategy)	طريقة التزاوج (Mating)	إحتمالية التزاوج (Cross-over rate)	إحتمالية الطفرة (Mutation rate)	فجوة الجيل (Generation gap)	نافذة التقييس (scaling window)	ستراتيجية النخبة
50	عجلة الروليت (RW)	1points crossover r	0.6	0.001	1.0	7	نعم

رأى Grefenstette [Gre,86] بأن مسألة ضبط معايير الضبط للخوارزمية الجينية ابتدائياً تعد مسألة تحسين ثانوية أو مسألة تحسين مستوى فوقي وكان أول من طبق طريقة الخوارزمية الجينية مستوى فوقي. نتائج التجربة التجريبية أظهرت الخوارزمية الجينية (الفرد) الأعلى صلاحية نسبة لمقياس الأنجازية المتصلة (on-line) كما موضحة في الجدول (2).

جدول (2) الخوارزمية الجينية المثلثي لـ
Grefenstette, (on-line) نسبة لمقياس الانجازية المتصلة,
(line)

حجم المجتمع (Pop Size)	طريقة الانتقاء (Selection strategy)	طريقة التزاوج (Mating)	إحتمالية التزاوج (Crossover rate)	إحتمالية الطفرة (Mutation rate)	فجوة الجيل (Generation gap)	نافذة التقييم (scaling window)	ستراتيجيات النخبة
30	عجلة الروليت (RW)	2X-crossover	0.95	0.01	1.0	1	نعم

نتائج (Grefenstette) أظهرت تحسن قليل (3.09%) ولكنه مهم إحصائياً لانجازية (on-line) نسبة إلى إعدادات (De.jong). بصورة عامة معايير السيطرة لـ (Grefenstette) كانت مقتصرة على طريقة انتقاء واحدة وهي انتقاء عجلة الروليت (Roulette wheel selection) وطريقتي تزاوج وهي عامل تزاوج المقطع الواحد (One point-Crossover) وعامل تزاوج المقطعين (Two point-Crossover) فلذلك تعد هذه المعايير محددة في عدم استعماله باقي طرائق الانتقاء والعوامل الجينية الأخرى [Vin, 00] وسعوا من مجموعة الاختبار لـ (De.jong) و أنجزوا دراسة نظامية في تأثيرات معايير الضبط. حيث قضوا أكثر من سنة وقت معالجة (CPU time) مختبرين مدى واسع من تراكيب من المعايير. كانت انجازية (on-line) للخوازمية الجينية لمجموعة من المعايير على عدد من مسائل الامثلية العددية تشمل دوال اختبار De.jong مع مسائل أخرى. بعد انقضاء فترة اختبارهم أوجدوا أفضل إعدادات (settings) لحجم المجتمع ومعدل التزاوج ومعدل الطفرة والتي تكون مستقلة عن المسائل في مجموعة اختبارهم. هذه الإعدادات مشابهة لإعدادات Grefenstette: حجم المجتمع [20..30] ومعدل التزاوج [0.75..0.95] ومعدل الطفرة [0.005..0.01].

2 - التصميم التجريبي للخوازمية الجينية المقترحة

نصف التجارب التي أجريناها لغرض تحسين أداء الخوارزميات الجينية على مجموعة من مسائل تحسين الدوال. قمنا بتصميم هذه التجارب للبحث في مجال الخوارزميات الجينية المعرفة بسبع معايير ضبط للخوازميات الجينية وتعريف أفضل إعدادات معايير بالنسبة لنوع من مقاييس الانجازية.

أن البحث عن الخوارزميات الجينية المثلى تم تنفيذه بواسطة الخوارزميات الجينية التقليدية وهذا يوضح كفاءة وقدرة الخوارزميات الجينية كتقنيات تحسين ذات مستوى فوقي .

1-2- مجال الخوارزمية الجينية المقترحة (the space of the proposed genetic algorithm)

هذا البحث مخصص لنوع فرعي محدد من الخوارزميات الجينية يتميز بسبع معايير وبالترتيب التالي:

1- **حجم المجتمع (Population size) (N)** : إن حجم المجتمع يؤثر على الأداء النهائي وكفاءة الخوارزمية الجينية. في تجارب البحث ، حجم المجتمع يتغير في المدى [10..160] بزيادة [10] في كل مرة .

2- **عدد الأجيال الأقصى (Maximum number of generation) (M-gen)** : عدد الأجيال الأقصى لكل خوارزمية وبالإمكان استخدامها كقياس توقف الخوارزمية الجينية. في تجارب البحث ، يتغير هذا المعيار في المدى [50..360] وبزيادة [10] في كل مرة.

2- **ستراتيجية الانتقاء (Selection strategy) (S)** : يقارن البحث بين أربعة من طرائق الانتقاء :

S=3	S=2	S=1	S=0
المجموعات انتقاء (طريقة الصدفية كولدبيرج) .	المجموعات انتقاء (طريقة الصدفية وايتلي)	انتقاء الرتبة	عجلة انتقاء الروليت

وقد استعملت مع كل طرائق الانتقاء تلك استراتيجية النخبة (elitist strategy) الذي يشترط على الهيكلين ذو الأداء الأفضل البقاء على حالها إلى الجيل القادم ، في غياب هكذا استراتيجية فإنه من الممكن لأفضل الهياكل أن تختفي بسبب أخطاء أخذ العينات أو التزاوج أو الطفرة . في تجارب البحث ، يتغير هذا المعيار في المدى [0..3] بزيادة [1] في كل مرة .

4- **عامل التزاوج (Crossover method) (O)** : يقارن البحث بين أربعة أنواع من عوامل التزاوج:

O=3	O=2	O=1	O=0
خط بين القطعين المنتظم.	التزاوج المنتظم (Uniform- crossover)	تزاوج المقطعين (Two point- crossover)	تزاوج المقطع الواحد (One point- crossover)

في تجارب البحث ، يتغير هذا المعيار في المدى [0.3] بزيادة [1] في كل مرة.
5- معدل التزاوج (Crossover rate) (C) : معدل التزاوج يسيطر على التكرار الذي بموجبه يطبق عامل التزاوج (crossover operator) . كلما كان معدل التزاوج أعلى كلما ساعد في استكشاف فضاءات جديدة من الحلول و إيجادها في المجتمع بصورة أسرع . أما إذا كان معدل التزاوج واطئ جدا فان البحث قد يختنق بسبب انخفاض معدل الاستكشاف. في تجارب البحث . يتغير هذا المعيار في المدى [0.4..1.0] بزيادة [0.04] في كل مرة .

6- معدل الطفرة (Mutation) (M) : الطفرة هي عامل بحث ثانوي في عمله ولكنه مهم جدا ، تزيد من التنوع في المجتمع . بعد الانتقاء فإن موقع كل ثنائية (بت) لكل فرد في المجتمع الجديد ينفذ تغير عشوائي باحتمالية تساوي معدل الطفرة (M) بالنتيجة تقريبا $(M*N*L)$ طفرة تحدث لكل جيل (L : طول الكروموسوم). إن الطفرة ذات المعدل الواطئ تؤدي إلى منع أي موقع معين (بت) من البقاء إلى الأبد مربوطا إلى قيمة واحدة في عموم المجتمع . الطفرة ذات المعدل العالي تنتج بحث عشوائي ويبدأ الناتج بفقدان ترابطه مع الأصل ويكون عادة معدل الطفرة في المدى $0.005 \leq M \leq 0.001$. أما في تجارب البحث ، يتغير هذا المعيار في المدى من (0.005) إلى (0.2) بزيادة (0.013) في كل مرة .

7- احتمالية عامل التزاوج المنتظم (UX-P)

يكون التزاوج بطريقة العامل المنتظم على مستوى الجينة الواحدة حيث يستنسخ الأبوين إلى طفلين ثم يتم المرور على جينات الطفلين و باحتمالية معينة (UX-P) يتم مبادلة قيمتي الجينتين . ويتراوح مدى هذا المعيار من (0.4) إلى (0.7) بزيادة (0.02) في كل مرة .

ونشير إلى الخوارزمية الجينية بالإشارة إلى قيمها الخصوصية للمعايير (N, M-gen, S, O, C, M, UX-P). الناتج الديكارتي للمديات المشار إليها للمعايير السبعة (N, M-gen, S, O, C, M, UX-P) . تحدد مجال 2^{25} خوارزمية جينية .

من الممكن التخمين بكيفية تأثير تغير معيار واحد فقط على أداء الخوارزميات الجينية مع افتراض أن باقي المعايير ثابتة . ومع ذلك ، فإن من الصعب التخمين بكيفية تفاعل المعايير المختلفة . مثلا ، ما هو تأثير زيادة حجم المجتمع بينما يتم تقليل معدل التزاوج ؟ أن التحسين التحليلي لهذا المجال يقع خارج مدى فهمنا الحالي للخوارزميات الجينية . فأسلوبنا هو ، تطبيق الخوارزميات الجينية مستوى فوقي لمسائل تحديد الخوارزميات الجينية ذات الأداء العالي . الخوارزمية الجينية مستوى فوقي هي الخوارزمية الجينية نفسها لكن أفرادها عبارة عن معايير الضبط للمسألة المطلوب حلها، مثلا المطلوب من بحثنا هذا هو إيجاد معايير الضبط المثلى للخوارزميات الجينية باستعمال خوارزمية جينية مستوى فوقي ، بمعنى أن كل فرد من أفراد مجتمع الخوارزمية الجينية مستوى فوقي عبارة عن خوارزمية جينية خاصة . كل فرد في المجتمع للخوارزمية المقترحة مكون من متجه (vector) ذو 25 ثنائية التي عرفت خوارزمية جينية، أداء كل خوارزمية جينية قد قيس خلال أداء سلسلة من دوال

التحسين (بيئة المهام Task Environment). الخوارزمية الجينية مستوى فوقي تستعمل هذه المعلومات لارشاد البحث باتجاه الخوارزميات ذات الأداء العالي. إن الخوارزمية الجينية ذات المستوى الفوقي يمكنها أن تبحث بالمثل أي فضاء آخر ذو إجراءات تحسينية مُعيرة.

2-2 بيئة المهام (Task Environment)

بالنسبة للخوارزمية الجينية مستوى فوقي فإن كل فرد من أفراد مجتمعها هو عبارة عن خوارزمية جينية ولتقييم كل فرد (خوارزمية جينية) يتم من خلال استعماله لاداء مجموعة مهام امثلية (مجموعة دوال اختبار) مختارة بعناية. أن الدوال المكونة لبيئة المهام قد درست في الدراسات السابقة للخوارزميات الجينية والدوال المتضمنة ذات الخواص المختلفة من ضمنها الدوال الضجيجية ذات الأبعاد المتعددة والغير المستمرة (جدول 3 يعطي وصف مختصر لدوال الاختبار). وتبعاً لهذه المهام ينسب إلى الفرد (الخوارزمية الجينية) قيمة صلاحية تبعاً لإحدى مقاييس الانجازية الموضحة في أدناه [Gre, 86].

جدول (3) يوضح مجموعة من دوال الاختبار

Fun.	Dim	Description
F1	3	Sphere function
F2	2	Rosenbrock's valley
F3	5	Step function
F4	30	Stochastic Function
F5	2	Shekel's foxholes

3-3 مقاييس الانجازية (Performance Measures)

في هذا البحث تم استعمال احد مقاييس الانجازية لستراتيجية البحث المكيف أخذت بنظر الاعتبار، الانجازية المتصلة (on-line Performance) [De,75][Gol,89] [Gre,86].

• الانجازية المتصلة (On-Line Performance) :

الانجازية المتصلة لستراتيجية البحث (s) على سطح الاستجابة (e) تعرف كما يلي :

$$U_e(s, T) = \text{ave}_t(u_e(t)), t=0,1,\dots,T \dots (1)$$

إذ أن $u_e(t)$ أنجازية الهيكل المقيم في الزمن (t). أي أن الانجازية المتصلة هي متوسط أداء كل هياكل الاختبار خلال دورة البحث . أي أن

$$U_e(s, T) = \sum_{i=0}^T \text{ave}_i / (t+1)$$

$$\text{ave}_i = \sum_{j=1}^n f_j^i / n$$

ave_i = متوسط صلاحيات الأفراد في الجيل i

ولقياس الرزانة العالمية تعرف المقاييس لكل سطوح الاستجابة (E) :

للأنجازية المتصلة

$$U_E(s,T) = ave_e(U_e(s,T)), e \text{ in } E \dots (2)$$

إذ أن $U_E(s,T)$ مقياس أداء الخوارزمية الجينية لمجموعة من المسائل والمستعمل لتقييم الخوارزمية الجينية بالنسبة للأنجازية المتصلة.

2-4- الإجراءات التجريبية (Experimental Procedures):

تم إجراء تجربة واحدة لتحسين الأداء المتصل و كان لها إجراءاتها الخاصة للحصول على خوارزمية جينية مثالية وكما يلي :

• تجارب الأداء المتصل (on-line Experiments):

1- تطبيق الخوارزمية الجينية المثلى لـ **De.jong** ولتكن (DGA) الموضحة في الجدول

(1) على الطريقة المقترحة كالآتي :

أ. قُيِّمت (1000) خوارزمية جينية باستعمال الخوارزمية الجينية المقترحة لتنجز بحث خلال فضاء من الخوارزميات الجينية المعرفة بسبعة معايير ضبط للخوارزمية الجينية ويشتمل تقييم كل خوارزمية جينية بتنفيذها على كل دالة من دوال الاختبار الخمسة (بيئة المهام) أي (5000) تقييم دالة .

2- تطبيق الخوارزمية الجينية المثلى لـ **Grefenstette**، ولتكن (GGA) للأداء المتصل الموضحة في الجدول (2) على الطريقة المقترحة كالآتي :

أ. قُيِّمت (600) خوارزمية جينية باستعمال الخوارزمية الجينية المقترحة لتنجز بحث خلال فضاء من الخوارزميات الجينية المعرفة بسبعة معايير ضبط للخوارزمية الجينية ويشتمل تقييم كل خوارزمية جينية بتنفيذها على كل دالة من دوال الاختبار الخمسة (بيئة المهام) أي (3000) تقييم دالة .

بالنسبة لـ (1) و(2) ، أن أداء كل خوارزمية جينية خلال محاولة مفردة يمثل نموذج من توزيع الاداءات . لذلك تؤخذ مجموعة من الخوارزميات الجينية التي أظهرت افضل أداء خلال الخطوة (أ) وتخضع إلى اختبارات أوسع وكل خوارزمية جينية من الـ (20) خوارزمية جينية الأفضل في الخطوة (أ) تنفذ مرة أخرى مقابل بيئة المهام لكن هذه المرة (10) محاولات لكل دالة اختبار والخوارزمية الجينية التي تُظهر افضل أداء في هذه الخطوة تعد الفائزة لتلك التجربة.

3- نتائج التجربة

تم تصميم التجربة للبحث عن الخوارزمية الجينية المثلى للأداء المتصل على بيئة المهام (E)

أولاً : في حال استعمال خوارزمية (DGA) De.jong كمعايير ضبط للخوارزمية الجينية مستوى فوقي المقترحة فكانت النتيجة الحصول على خوارزمية جينية مثلى نسبة إلى الأداء المتصل لتكن (GA1) تتفوق على أداء (DGA). والجدول (4) يوضح الخوارزمية الجينية (GA1).

لتجربة (GA1) جدول (4) الخوارزمية الجينية المثلى
معايير ضبط (DGA) الأداء المتصل وباستعمال خوارزمية
للخوارزمية المقترحة

حجم المجتمع	العدد الأقصى للأجيال	طريقة الانتقاء	طريقة التزاوج	إحتمالية التزاوج	إحتمالية الطفرة
70	350	وايتلي	two point-crossover	0.92	0.005

وفي مقارنة مطولة أظهرت الخوارزمية (GA1) تحسناً بنسبة (0.0958812) أعلى من خوارزمية (DGA)، (تنفيذ كل خوارزمية على بيئة المهام (E)). كذلك في مقارنة مطولة أظهرت الخوارزمية (GA1) تحسناً بنسبة (0.0649251) أعلى من الخوارزمية الجينية المثلى لـ Grefenstette (GGA)، (تنفيذ كل خوارزمية على بيئة المهام (E)). أن تحسن الأداء فيما بين (GA1) و (DGA) وبين (GA1) و (GGA) يمكن أن يعزى إلى تفاعل عدد من العوامل:

2. حجم المجتمع الكبير يعني أن المجتمع يحوي على الأغلب عدد كبير من نماذج التماثل، وبالنتيجة فإن المجتمع الكبير يحبط التقارب المبكر للحلول غير المثالية مع معدل طفرة واطئ والذي يؤدي دور مهم في إنعاش القيم المفقودة ومنع أي موقع معين (ثنائية) من البقاء إلى الأبد مربوطاً إلى قيمة واحدة في عموم المجتمع ويميل معدل التزاوج العالي إلى إخلال في الهياكل (الأفراد) المختارة للتكاثر بمعدل عالي مما يؤدي إلى ازدياد في معدل الاستكشاف.

3. استعمالها لطريقة انتقاء المجموعات الثنائية (طريقة وايتلي) وهي طريقة تتميز بسرعتها مقارنة بطريقة انتقاء عجلة الروليت، وإمكاناتها العالية على إجراء عملية الانتقاء المتوازي و كما يحدث في الطبيعة [Sch,97].

4. واستعمالها لطريقة تزاوج المقطعين التي تمتاز بالاتي : تقلص التحيز الموضوعي (المصاحب للعامل 1X) وتحافظ على النقاط الطرفية، وتقلل احتمالية تدمير نماذج التماثل ذات الطول المعرف الكبير وتمكنها في توحيد نماذج تماثل أكثر مما للعامل 1X.

ثانياً : في حال استعمال خوارزمية جرفينستيت (GGA) كمعايير ضبط للخوارزمية الجينية مستوى فوقي المقترحة فكانت النتيجة الحصول على خوارزمية جينية مثلى نسبة

إلى الأداء المتصل لتكن (GA2) تتفوق على أداء (GGA). والجدول (5) يوضح الخوارزمية الجينية (GA2).

لتجربة (GA2) جدول (5) الخوارزمية الجينية المثلى
معايير (GGA) الأداء المتصل وباستعمال خوارزمية
ضبط للخوارزمية المقترحة

حجم المجتمع	العدد الأقصى للأجيال	طريقة الانتقاء	طريقة التزاوج	إحتمالية التزاوج	إحتمالية الطفرة
60	360	وايتلي	2X-crossover	0.96	0.005

وفي مقارنة مطولة أظهرت الخوارزمية (GA2) تحسناً بنسبة (0.0666288) أعلى من الخوارزمية (GGA) (تنفيذ كل خوارزمية على بيئة المهام (E)). كذلك في مقارنة مطولة أظهرت الخوارزمية (GA2) تحسناً بنسبة (0.0975849) أعلى من الخوارزمية (DGA) (تنفيذ كل خوارزمية على بيئة المهام (E)). أن تحسن الأداء فيما بين (GA2) و (DGA) وبين (GA2) و (GGA) يمكن أن يعزى إلى تفاعل عدد من العوامل وهي نفس العوامل المذكورة ضمن أولاً. الخوارزميات الجينية المثلى التي تم الحصول عليها من التجربة رقم (1)، (GA1) و (GA2) تمثلان تحسن كبير ومهم إحصائياً فوق الأداء المتصل للخوارزميات الجينية المثلى السابقة، (DGA) و (GGA).

4- مسائل لتثبيت صحة النتائج

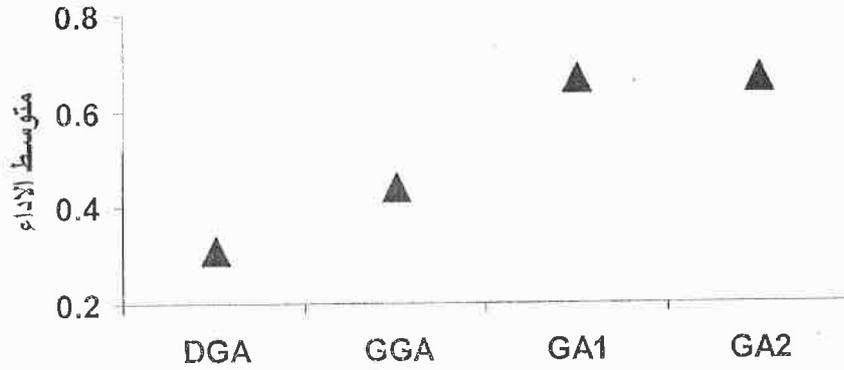
أخذنا مجموعة من الدوال بغية تثبيت صحة نتائجنا وتتميز هذه الدوال بأنها (Scalable) أي أن متغيرات هذه الدوال متحركة وقابلة للتسلق أي بالإمكان زيادة عدد متغيرات الدالة، أداء كل دالة من هذه الدوال هو أداء تصغير (Minimized performance) [Qua,97]. هذه المجموعة من الدوال متضمنة دوال ذات خواص مختلفة، من ضمنها دوال ذات أبعاد متعددة والمستمرة وغير المستمرة والمحدبة وغير المحدبة والجدول (6) يعطي وصف مختصر لمجموعة من دوال التثبيت.

جدول (6) يوضح مجموعة من دوال التثبيت

Fun	Dim	Description
F6	7	Rastrigin's function 6
F7	5	Rotated hyper-ellipsoid
F8	5	Schwefel's function 7

أرشدتنا التجارب إلى المقارنة بين الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة نسبة إلى أداءها المتصل وكل تجربة تتألف من تنفيذ كل خوارزمية جينية مثلى نسبة إلى أداءها المتصل على كل مسألة (دالة) من المسائل أعلاه وعند التطبيق كانت النتائج الآتية :
-1 Rastrigin's function 6 (F6):

الأداء المتصل (on-line performance) :تنفيذ الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة (نتيجة الطريقة المقترحة) ذات الأداء المتصل على هذه الدالة. والشكل (4) يقارن بين متوسطات الأداء المتصل للخوارزميات DGA و GGA و GA1 و GA2 على هذه الدالة .

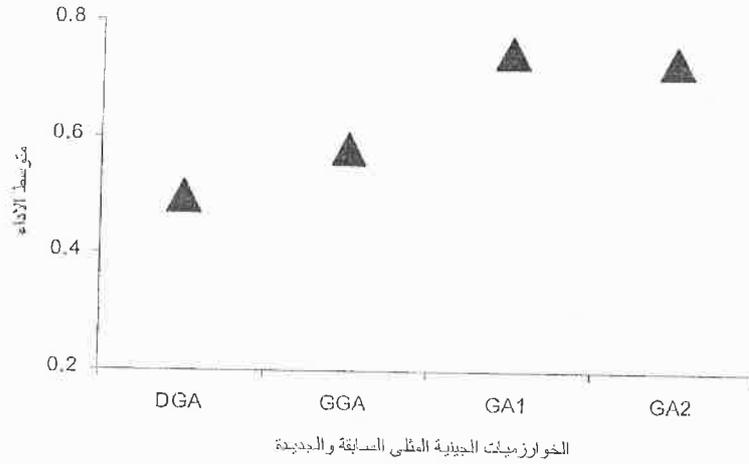


الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة

شكل (4) الأداء المتصل للخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة على دالة (7) Rastrigin's Function

2- Rotated hyper-ellipsoid (F7) :

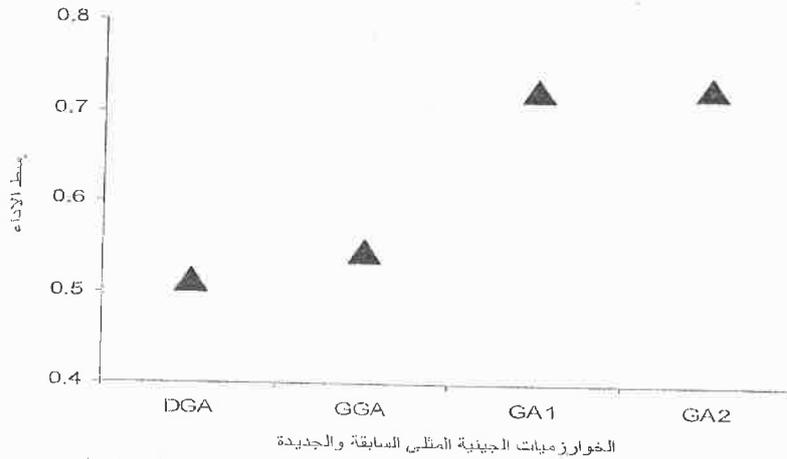
الأداء المتصل (on-line performance) : تنفيذ الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة (نتيجة الطريقة المقترحة) ذات الأداء المتصل على هذه الدالة. والشكل (5) يقارن بين متوسطات الأداء المتصل للخوارزميات DGA و GGA و GA1 و GA2 على هذه الدالة.



3- funct

شكل (5) الاداء المتصل للخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة على دالة (Rotated hyper-ellipsoid function)

3. الأداء المتصل (on-line performance) : تنفيذ الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة (نتيجة الطريقة المقترحة) ذات الأداء المتصل على هذه الدالة. والشكل (6) يقارن بين متوسطات الأداء المتصل للخوارزميات DGA و GGA و GA1 و GA2 على هذه الدالة.



شكل (6) الاداء المتصل للخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة على

5- مناقشة Disussion

1. كما تم توضيحه في بداية الفقرة (4) بان من مزايا هذه المسائل هي دوال قابلة للتسلق (Scalable) أي بالإمكان تغيير (زيادة أو نقصان) في عدد متغيرات الدالة ، وعندما يكون عدد متغيرات الدالة قليل (اقل من n متغير المحدد لكل دالة في أعلاه) فانه لا يوجد فرق ملحوظ بين نتائج الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة بمعنى آخر جميعها بنفس الجودة في الوصول إلى الحل المثلى ، لكن في حالة ازدياد عدد متغيرات الدالة (n متغير فاكثرت) ليس بإمكان الخوارزميات الجينية المثلى السابقة الوصول إلى الحل الأمثل ، أما بالنسبة للخوارزميات الجينية المثلى الجديدة لها القدرة في الوصول إلى الحل الأمثل كلما ازداد عدد متغيرات الدالة مما يؤكد رصانة الخوارزميات الجينية المثلى الجديدة وهي افضل جودة من الخوارزميات الجينية المثلى السابقة بالنسبة للأداء المتصل .

2. الأشكال (4) و (5) و (6) تقارن بين متوسطات الأداء المتصل للخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة (نتائج الخوارزمية المقترحة) للمسائل الثلاث ، والأشكال توضح مدى التحسن الكبير بين الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والحالية . وهذه النتائج تتفق مع النتائج الواردة في التجربة (1) الموضحة في الفقرة (3) من هذا البحث، وتشير هذه النتائج بأنها قد تكون قابلة للتطبيق على مسائل تحسين أخرى.

6- الاستنتاجات و مقترحات لأعمال مستقبلية

1. اثبت هذا البحث اقتدار الخوارزمية الجينية المقترحة في ضبط معايير الضبط للخوارزميات الجينية نسبة إلى مقياس الانجازية المتصل.
2. لقد لاحظنا من خلال نتائج تطبيق الخوارزميات الجينية المثلى السابقة والجديدة (نتيجة الطريقة المقترحة) بالنسبة للأداء المتصل على دوال (مسائل) أخرى غير مشمولة في بيئة المهام (مسائل قابلة للتسلق) بأنه لا يوجد فرق ملحوظ بينهما من حيث العثور على الحلول المثلى عندما يكون عدد متغيرات الدالة قليل (اقل من حد معين) ، لكن وصول الخوارزميات الجينية المثلى السابقة إلى الحل الأمثل يكون معدوم مقارنة مع الخوارزميات الجينية المثلى الجديدة التي لها قدرة الوصول إلى الحل الأمثل عند زيادة عدد متغيرات الدالة عن حد معين مما يؤكد رصانة الخوارزميات الجينية المثلى الجديدة في وصولها إلى الحل المثلى افضل من الخوارزميات الجينية المثلى السابقة.
3. من خلال النتائج نلاحظ بان جميع الخوارزميات الجينية المثلى الجديدة لها معدل طفرة قليل (0.005)، وهو ما يؤيد بان معدل الطفرة الواطئ يؤدي دور مهم في إنعاش القيم المفقودة ومنع أي موقع معين (ثنائية) من البقاء إلى الأبد مربوطا إلى قيمة واحدة في عموم المجتمع.
4. لقد لاحظنا من النتائج عند تطبيق الخوارزميات الجينية المثلى لـ Grefenstette (GGA) للأداء المتصل كمعايير ضبط للخوارزمية المقترحة كانت ذي تقييم أعلى بقليل من نتائج تطبيق الخوارزمية الجينية المثلى لـ دي جونج (DGA) للأداء المتصل كمعايير ضبط

- للخوارزمية المقترحة ومن خلال هذا الفارق القليل الذي يعطي إثبات، بان طريقة العمل صحيحة وكما هو مذكور في الفقرة (1) بأنه يوجد تحسن طفيف للخوارزميات الجينية المثلى لـ جرفستيت للأداء المتصل عن الخوارزمية الجينية المثلى لـ دي جونج للأداء المتصل.
5. حجم المجتمع الكبير يعني أن المجتمع يحوي على الأغلب عدد كبير من نماذج التماثل، وبالنتيجة فإن المجتمع الكبير يحبط التقارب المبكر للحلول غير المثالية.
6. طريقة الإنتقاء وايتلي هي طريقة الانتقاء الأفضل والتي أعطت نتائج أفضل من تلك التي أعطتها طريقة انتقاء عجلة الروليت والطريقتان أفضل من طريقة انتقاء كولديبرج وطريقة انتقاء الرتبة.
7. عامل تزواج المقطعين هو عامل التزاوج الأفضل والذي أعطى نتائج أفضل من عامل تزواج المقطع الواحد والعاملين أفضل من عامل التزاوج المنتظم.

نتيجة للنتائج والإمكانات التي تمتعت بها الخوارزمية الجينية نقترح :-

1. دراسة تأثير إضافة عوامل أخرى للطريقة المقترحة على أداء الخوارزمية الجينية : مثل عامل الزحام (crowding factor) واستراتيجيات انتقاء وعوامل تزواج أخرى مثل (Boltzmann select) و (multipoint crossover).
2. تطبيق الطريقة المقترحة نفسها في تحديد معايير الضبط للخوارزمية الجينية ولكن بدلا من استعمال مجموعة من المسائل العددية في تقييم الخوارزمية الجينية تُضمّن الشبكات العصبية للقيام بعملية التقييم وذلك لتقليل الوقت الحسابي .

المصادر

1. Biesbroek R. (2000). "**Genetic Algorithm Tutorial Home Page**", E-mail: Robin.Biesbroek@jaqar.demon.nl.
2. Dawn, T.,(1995)."**Nature Shows the Way to Discover Better Answers**". Scientific Computing World 6 (1995), 23-27.
3. De Jong, K.A.,(1975)."**Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems**". Ph.D. thesis, Dept. Computer and Communication Sciences, Univ. of Michigan, 1975.
4. Goldberg D.E. (1989), "**Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning**". Reading: Addison-Wesley, 1989.
5. Grefenstette, J.(1986)."**Optimization of control parameters for genetic algorithms**". IEEE Transactions on Systems,

- Man, & Cybernetics 16(1): 122-128.
6. Heitkoetter, J. and D. Beasley, ***The Hitch-Hiker's Guide to Evolutionary Computation: A List of Frequently Asked Questions (FAQ)***. USENET: comp.ai.genetic. Available via anonymous FTP from "ftp://rtfm.mit.edu/pub/usenet/news.answers/ai-faq/genetic/", 1994.
 7. Hue, X. (1997). "***Genetic Algorithm Algorithms for Optimization Background & Applications***", Edinburgh Parallel Computing Center, The University of Edinburgh. Available from <http://www.epce.edUK/Epce-tec/documents>.
 8. Kadim A.M. (2000). "***Effects of Selection schemes & Scaling strategies on the Performance of genetic algorithms***". M.Sc. thesis, Univ. of Al-nahreen, December 2000.
 9. Li C., Licheng j (1998). "***Hybrid Genetic Algorithm and its modification***". International Conference on Neural Networks and Brain proceeding (ICNN & B'98), pp 278-281
 10. Luger G.F., Stubblefield W.A.(1998). "***Artificial Intelligence Structures and Strategies for Complex Problems***". Third Edition, Addisonn Wesley Longman.
 11. Maričić B. (1991). "***Current Trends in Neural Network Design Tools Research***". EC-Newsletter, Vol.3, No. 1,pp 37-45.
 12. Michalewicz, Z. (1996). "***Genetic Algorithm Algorithms + Data Structures = Evolution Programs***", third revised & extended edition, Springer - Verlag, Berlin.
 13. Mitchell M. (1996). "***An introduction to Genetic Algorithms***".Abradford book.
 14. Patterson D. W. (1996). "***Artificial Neural Networks Theory And Application***", Prentice Hall.
 15. Quagliarella D., Vicini A. (1997). Genetic Algorithms and Evolution Strategy in Engineering and Computer

- Science,"Coupling Genetic Algorithms and Gradient Based Optimization Techniques",Johen Wiley & Sons.
16. Rzempoluck E.J. (1998). "**Neural Network Data Analysis Using Simulant**",Springer-Verlag.
 17. Schmidt M., Stidsen T. (1997)."**Hybrid Systems: Genetic Algorithms, Neural Networks and Fuzzy Logic**", DAIMIIR.
 18. Tang,S.K.& Man, F. k. and Kwony,S(1996) "**Genetic Algorithms Concepts & Applications**" ,IEEE Transactions on Industrial Electronics. VOL.43.NO.5.
 19. Vincent A. Ciciello & Stephen F. Smith (2000), "**Modeling Genetic Algorithm Performance for Control Parameter Optimization**", Robotics Institute, Carnegie Mellon University, 5000 Forbes Avenue, Pittsburgh, PA 15213, vincent+@cs.cmu.edu.