

توضیحات برنامه:

داده‌های مربوط به تولید و صادرات را با کتابخانه pandas به dataframe تبدیل کردیم.

دیتافریم‌های تولید و صادرات را Union کردیم و مقدار را بر اساس نوع کود جمع کردیم تا بیشترین تولید و صادرات کود در جهان محاسبه شود. (همانند GROUP BY و SUM در SQL).

تابع set_year را برای فیلتر سال مدنظر پیاده کردیم. مثلاً اگر 2015 انتخاب شود، 2015 و قبل از آن در محاسبات می‌آیند.

لیست تمام کشورها و کودهای دیتاست را به دست آوردیم.

دیتاست همسایگی را اینجا تهیه کردیم و همسایگی‌ها را در نوع داده دیکشنری قرار دادیم.

تفاوت نام کشورها در دو دیتاست را هندل کردیم و در آخر، همسایگی‌های مورد نظر را استخراج کردیم.

مقدار محاسبه شده برای تولید و صادرات در مرحله اولیه را با توجه به همسایگی تغییر دادیم و برای اولویت دادن به همسایه‌ها، مقدار به دست آمده را برای کشورهای همسایه در عددی ضرب کردیم و با توجه به اولویت‌های جدید، بهترین کودها بر اساس کشور داده شده را به دست آوردیم.

توابعی برای راحتی کار در قسمت ژنتیک و جلوگیری از تکرار پیاده‌سازی کردیم.

توضیح تابع فیتنس:

پس از محاسبه‌ی ترتیب کودها براساس تولید و صادرات کشورها و اعمال اولویت برای همسایه‌های کشور انتخاب شده، آرایه‌ای از کودها طبق اولویت گفته‌شده داریم. تابع فیتنس، به ازای کروموزوم دریافتی، ژن‌های کروموزوم را نظیر به نظیر با عناصر آرایه مقایسه می‌کند و به ازای هر کود که نظیر به نظیر در کروموزوم و آرایه یکی باشد، یک امتیاز اختصاص می‌دهد.

بیشترین فیتنس برای یک کروموزوم وقتی اتفاق می‌افتد که تمام ژن‌ها، با تمام عناصر آرایه به دست آمده یکی باشند. یعنی به ازای تمام کودهایی که در جای درست خود قرار دارند، 1+ امتیاز داده شده. به عبارت دیگر؛ اگر امتیاز برابر طول آرایه شد، حداکثر فیتنس را خواهیم داشت.

توضیح بازترکیب در این مسئله:

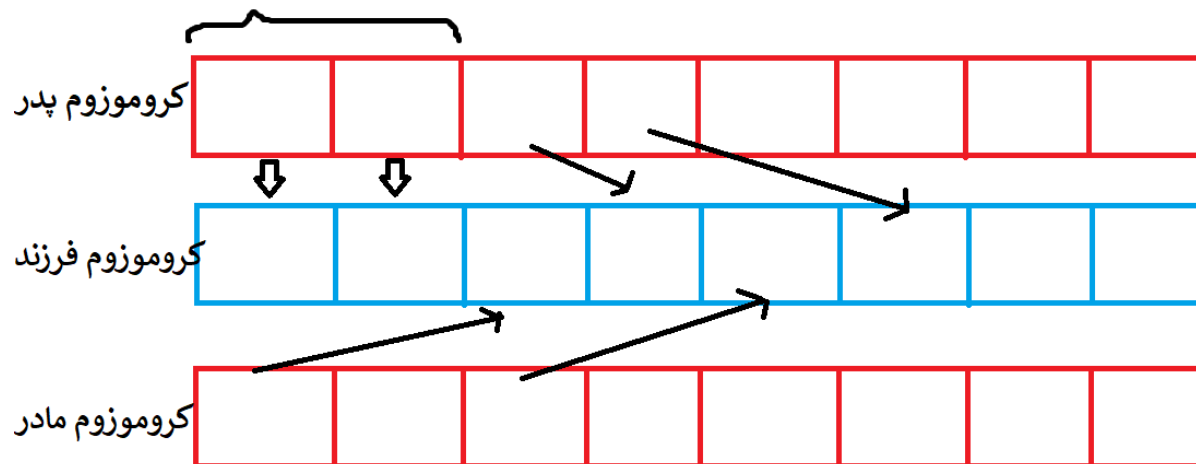
به دلیل اینکه شکل کروموزوم این مسئله، از نوع ترتیب کودهای متمایز می‌باشد، نمیتوان از روش‌های متداول بازترکیب استفاده کرد. چون در اینجا ترتیب و عدم تکرار یک نوع کود در کروموزوم برای ما اهمیت دارد و استفاده از روش‌هایی نظیر Single point و Uniform، سبب به وجود آمدن ژن تکراری می‌شوند که باعث نامعتبر شدن کروموزوم حاصل می‌شود.

برای این مسئله که در آن، پیاده سازی بازترکیب کار دشواری است، چند گزینه داشتیم:

- استفاده نکردن از عملگر بازترکیب
- Order Crossover (OX)
- ✓ روش ابداعی

در این روش، یک چهارم ژن‌های ابتدای کروموزوم فرزند از پدر گرفته می‌شود. پس از آن، به ترتیب یک ژن از پدر و یک ژن از مادر با شرط تکراری نبودن ژن انتخاب شده والدها و پر نبودن ژن مقصد (برای جلوگیری از مشکل به وجود آمدن ژن تکراری)؛ به فرزند انتقال می‌یابد. اگر ژن مقصد پر بود، تا اولین جای خالی پیش می‌رویم. اگر ژن انتخاب شده یکی از والدها تکراری بود، اولین غیرتکراری را به اولین جای خالی منتقل می‌کنیم.

یک چهارم از ژن‌های پدر مستقیم به فرزند منتقل می‌شوند



توضیح تابع جهش:

عددی از صفر تا طول کروموزوم به صورت تصادفی انتخاب می‌کنیم و محتویات اندیس عدد در کروموزوم را با محتویات اندیس با تفاضل یک واحد از عدد جابه‌جا (Swap) می‌کنیم. برای مثال اگر عدد تصادفی برابر 4 بود، محتویات خانه‌های 4 و 3 آرایه را جابه‌جا می‌کنیم.

تعداد اعضای جمعیت اولیه و احتمال بازترکیب و ضریب جهش را به صورت تجربی و با مشاهده عملکرد الگوریتم تغییر دادیم.