

استفاده از الگوریتم ژنتیک برای حل یک معادله ساده ریاضی

دنی هرماوانتو

موسسه علوم اندونزی

آدرس پست الکترونیکی: denny.hermawanto@gmail.com

۲۲ خرداد ۱۴۰۳

۱ چکیده

این مطلب استفاده از الگوریتم ژنتیک را به شکلی ساده به همراه مثال برای افراد مبتدی شرح میدهد. ابتدا فلسفه اساسی و فلوچارت این الگوریتم شرح داده می‌شود و در مرحله بعد محاسبات قدم به قدم الگوریتم ژنتیک برای حل یک مسئله ساده تساوی ریاضیات بصورت کامل شرح داده می‌شود.

۲ فلسفه پایه الگوریتم‌های ژنتیک

توسعه و گسترش یافت که الهام گرفته از تئوری تکامل داروین است. مبنای این نظریه هم بقای گونه‌ها بر اساس میزان ارزش آن‌هاست. هر چه قوی‌تر احتمال بقا هم بیشتر است. داروین همچنین معتقد است که بقای یک نسل میتواند بوسیله فرآیند تولید مثل، انتخاب، برش و جهش حفظ شود. بعدها از ایده داروین در خصوص تکامل برای بدست آوردن رامحل بهینه در مسائل محاسباتی استفاده شد که یکی از معروفترین این الگوریتم‌ها، الگوریتم ژنتیک است.

رامحل‌هایی که توسط الگوریتم‌های ژنتیک تولید می‌شود یک کروموزوم نامیده می‌شود و مجموعه‌ای از کروموزوم‌ها، جمعیت (population) نامیده می‌شوند. کروموزوم‌ها از ژن‌ها تشکیل شده‌اند و مقدار آن‌ها می‌تواند عددی دودویی، سمبل‌ها یا کاراکترها باشد که وابسته به مسئله‌ای است که قصد حل نمودن آن را داریم. شایان ذکر است نحوه نمایش کروموزوم‌ها و مقادیر آن‌ها یکی از اساسی‌ترین قسمت‌های حل یک مسئله با استفاده از الگوریتم ژنتیک است و دیگر قسمت بسیار مهم در این الگوریتم‌ها تعریف تابع برازش است که در قسمت بعدی به آن پرداخته می‌شود.

ارزش و بهای هر کروموزوم توسط تابعی تحت نام برازش اندازه‌گیری می‌شود. در واقع تابع برازش میزان مفید و مناسب بودن رامحل برای مسئله مورد نظر را اندازه‌گیری می‌نماید. پس از هر مرحله‌ای که الگوریتم ژنتیک تکرار شد، برازش هر یک از رامحل‌های تولید شده (کروموزوم‌ها) اندازه‌گیری می‌شود. برخی از کروموزوم‌ها درون جمعیت تحت فرآیندی به نام crossover با یکدیگر ترکیب می‌شوند و بدین صورت کروموزوم‌های جدیدی که فرزند نامیده می‌شود تولید می‌کنند که ترکیب ژن این کروموزوم‌های جدید ترکیبی از ژن‌های والدین آن‌هاست. در یک نسل تعدادی از کروموزوم‌ها نیز در ژن‌های خود دچار جهش (mutation) می‌شوند.

تعداد کروموزوم‌هایی که تحت تأثیر crossover و جهش قرار می‌گیرند بوسیله نرخ برش و نرخ جهش کنترل می‌شوند. کروموزومی در جمعیت که برای نسل بعدی حفظ و نگهداری می‌شود بوسیله قانون تکامل داروین انتخاب می‌شود. کروموزومی که مقدار برازش بالاتری دارد از احتمال بالاتری برای انتخاب دوباره در نسل بعدی برخوردار است. بعد از چندین نسل، مقدار کروموزوم به یک مقدار خاص که بهترین رامحل برای مسئله است همگرا می‌شود.

۳ مراحل الگوریتم ژنتیک

در الگوریتم ژنتیک فرآیند به شرح ذیل است:

۱. تعداد کروموزوم‌ها، نسل‌ها و نرخ جهش و نرخ برش معین می‌شود.

۲. بر اساس تعداد جمعیت کروموزوم - کروموزوم ایجاد می‌شود و ژن‌های کروموزوم - با یک مقدار تصادفی مقدار دهی اولیه می‌شوند.

۳. قدم‌های ۳ تا ۸ را تا زمانی که تعداد نسل‌ها برآورده شود انجام می‌شود.

۴. مقدار برازش کروموزوم بوسیله محاسبه تابع هدف (objective function) مورد ارزیابی قرار می‌گیرد.

۵. انتخاب کروموزوم.

۶. برش.

۷. جهش.

۸. کروموزوم جدید (فرزند).

۹. رامحل بهترین کروموزوم‌ها.

فلوچارت الگوریتم را میتوان در شکل زیر مشاهده نمود:

مثال عددی

در اینجا یک مثال از کاربردی که از الگوریتم ژنتیک برای حل یک مسئله ترکیبی استفاده می‌کند را توضیح می‌دهیم. فرض کنیم که تساوی زیر را داریم:

$$a + 2b + 3c + 4d = 30$$

از الگوریتم ژنتیک برای بدست آوردن مقادیر a, b, c, d برای حل تساوی ذکر شده استفاده کنیم. در ابتدا باید تابع هدف را فرموله کنیم. برای این مسئله هدف مینیم نمودن مقدار تابع $F(X)$ جایی که:

$$F(X) = |a + 2b + 3c + 4d - 30|$$

از آنجا که چهار متغیر در تساوی وجود دارد، یعنی a, b, c, d ، می‌توانیم کروموزوم‌ها را به صورت زیر شکل دهیم:

$$d \quad c \quad b \quad a$$

برای افزودن سرعت محاسبات، می‌توانیم مقدار متغیرها را به اعداد صحیح بین ۰ تا ۳۰ محدود نماییم.

قدم اول: مقداردهی اولیه

برای نمونه، تعداد کروموزوم‌ها درون جمعیت را عدد ۶ تعریف می‌کنیم. سپس مقادیر تصادفی را برای ژن‌هایی که تشکیل دهنده کروموزوم مورد نظر ما هستند تولید می‌کنیم. پس همانطور که ملاحظه می‌شود، ۶ کروموزومی را که در اختیار داریم به صورت زیر با اعداد تصادفی مقداردهی می‌نماییم:

$$\text{Chromosome}[1] = [a; b; c; d] = [12; 05; 23; 08]$$

$$\text{Chromosome}[2] = [a; b; c; d] = [03; 21; 18; 03]$$

$$\text{Chromosome}[3] = [a; b; c; d] = [10; 04; 13; 14]$$

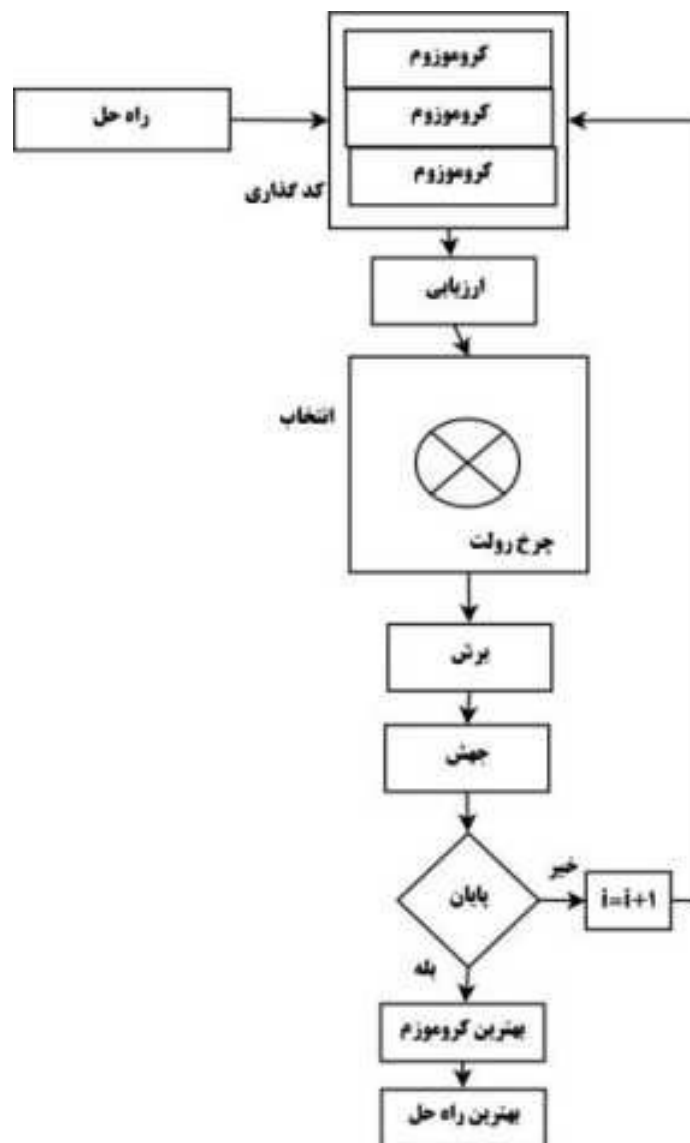
$$\text{Chromosome}[4] = [a; b; c; d] = [20; 01; 10; 06]$$

$$\text{Chromosome}[5] = [a; b; c; d] = [01; 04; 13; 19]$$

$$\text{Chromosome}[6] = [a; b; c; d] = [20; 05; 17; 01]$$

قدم دوم: ارزیابی رامحل‌ها (کروموزوم‌ها)

در این مرحله مقدار تابع هدف برای هر کروموزومی که در مرحله مقداردهی جمعیت اولیه تولید شده است، محاسبه می‌شود:



شکل ۱: نمودار جریان الگوریتم ژنتیک

$$\begin{aligned}
 F_{obj}[1] &= \text{Abs}((12 + 2 \times 05 + 3 \times 23 + 4 \times 08) - 30) \\
 &= \text{Abs}((12 + 10 + 69 + 32) - 30) \\
 &= \text{Abs}(123 - 30) \\
 &= 93
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 F_{obj}[2] &= \text{Abs}((02 + 2 \times 21 + 3 \times 18 + 4 \times 03) - 30) \\
 &= \text{Abs}((02 + 42 + 54 + 12) - 30) \\
 &= \text{Abs}(110 - 30) \\
 &= 80
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 F_{obj}[3] &= \text{Abs}((10 + 2 \times 04 + 3 \times 13 + 4 \times 14) - 30) \\
 &= \text{Abs}((10 + 08 + 39 + 56) - 30) \\
 &= \text{Abs}(113 - 30) \\
 &= 83
 \end{aligned}$$

مرحله سوم: انتخاب

با ارزشترین کروموزوم از شانس و احتمال بیشتری برای انتخاب شدن به منظور تولید نسل بعدی دارد. برای محاسبه احتمال برآزش باید برآزش هر کروموزوم محاسبه شود. برای جلوگیری از مشکل تقسیم بر صفر مقدار تابع هدفی که برای هر کروموزوم در مرحله قبل بدست آمد با عدد ۱ جمع می‌شود:

$$\begin{aligned}\text{Fitness}[1] &= \frac{1}{1 + F_{obj}[1]} \\ &= \frac{1}{94} \\ &= 0.0106\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Fitness}[2] &= \frac{1}{1 + F_{obj}[2]} \\ &= \frac{1}{81} \\ &= 0.0123\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Fitness}[3] &= \frac{1}{1 + F_{obj}[3]} \\ &= \frac{1}{84} \\ &= 0.0119\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Fitness}[4] &= \frac{1}{1 + F_{obj}[4]} \\ &= \frac{1}{47} \\ &= 0.0213\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Fitness}[5] &= \frac{1}{1 + F_{obj}[5]} \\ &= \frac{1}{95} \\ &= 0.0105\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{Fitness}[6] &= \frac{1}{1 + F_{obj}[6]} \\ &= \frac{1}{56} \\ &= 0.0179\end{aligned}$$

$$Total = 0.0106 + 0.0123 + 0.0119 + 0.0213 + 0.0105 + 0.0179 = 0.0845$$

احتمال مربوط به هر کروموزوم را بوسیله فرمول $P[i] = \text{Fitness}[i] / \text{Total}$ محاسبه می‌نماییم:

$$P[1] = \frac{0.0106}{0.0845} \\ = 0.1254$$

$$P[2] = \frac{0.0123}{0.0845} \\ = 0.1456$$

$$P[3] = \frac{0.0119}{0.0845} \\ = 0.1408$$

$$P[4] = \frac{0.0213}{0.0845} \\ = 0.2521$$

$$P[5] = \frac{0.0105}{0.0845} \\ = 0.1243$$

$$P[6] = \frac{0.0179}{0.0845} \\ = 0.2118$$

با توجه به احتمالاتی که در بالا محاسبه شده است، مشاهده می‌شود که کروموزوم ۴ بیشترین برآزش را دارا می‌باشد و بنابراین احتمال انتخاب آن برای نسل بعدی کروموزوم‌ها بسیار بالا است. برای فرایند انتخاب از روش چرخ رولت استفاده می‌کنیم که بدین منظور ابتدا باید مقادیر احتمال تجمعی (cumulative probability) را محاسبه کنیم:

$$C[1] = 0.1254$$

$$C[2] = 0.1254 + 0.1456 = 0.2710$$

$$C[3] = 0.1254 + 0.1456 + 0.1408 = 0.4118$$

$$C[4] = 0.1254 + 0.1456 + 0.1408 + 0.2521 = 0.6639$$

$$C[5] = 0.1254 + 0.1456 + 0.1408 + 0.2521 + 0.1243 = 0.7882$$

$$C[6] = 0.1254 + 0.1456 + 0.1408 + 0.2521 + 0.1243 + 0.2118 = 1.0$$

با داشتن مقادیر احتمال تجمعی استفاده از چرخ رولت در فرایند انتخاب امکان پذیر می‌گردد. فرایند بعدی تولید یک عدد تصادفی در محدوده ۰ تا ۱ است که آن را R می‌نامیم:

$$R[1] = 0.201$$

$$R[2] = 0.284$$

$$R[3] = 0.099$$

$$R[4] = 0.822$$

$$R[5] = 0.398$$

$$R[6] = 0.501$$

اگر برای مثال عدد تصادفی $R[1]$ بزرگتر از $C[1]$ و کوچکتر از $C[2]$ بود در این صورت $Chromosome[2]$ به عنوان یک کروموزوم در جمعیت جدید برای تولید نسل بعدی مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به مقادیر نمونه‌های بالا خواهیم داشت:

```
NewChromosome[1] = Chromosome[2]
NewChromosome[2] = Chromosome[3]
NewChromosome[3] = Chromosome[1]
NewChromosome[4] = Chromosome[6]
NewChromosome[5] = Chromosome[3]
NewChromosome[6] = Chromosome[4]
```

و کروموزوم‌ها در جمعیت به صورت زیر خواهد شد:

```
Chromosome[1] = [02; 21; 18; 03]
Chromosome[2] = [10; 04; 13; 14]
Chromosome[3] = [12; 05; 23; 08]
Chromosome[4] = [20; 05; 17; 01]
Chromosome[5] = [10; 04; 13; 14]
Chromosome[6] = [20; 01; 10; 06]
```

مرحله ۴: برش *crossover*

در این مثال از برش یک نقطه ای (point cut one) استفاده می‌نماییم. به صورت تصادفی یک محل در کروموزوم والدین انتخاب شده و سپس زیر کروموزوم‌هایی که از این نقطه بدست آمده‌اند در دو واحد تعویض می‌شود. کروموزوم‌های والدینی که با همدیگر جفت شده‌اند به صورت تصادفی انتخاب می‌شوند و تعداد کروموزوم‌هایی که جفت می‌شوند توسط پارامتری به نام نرخ برش (pc rate crossover) معین می‌شود. شبه کد فرایند برش در ذیل آورده شده است:

```
begin
    0; k ←
    do <population> while (k
        -1); random(0 = R[k]
        then c) <if (R[k]
        parent; as Chromosome[k] select
        end;
        1; + k = k
        end;
    end;
```

اگر $R[k] < \rho_c$ باشد کروموزوم k به عنوان یکی از والدین انتخاب می‌شود. فرض کنیم که نرخ برش را 25% در نظر گرفته باشیم، در این صورت کروموزوم شماره k در صورتی برای برش انتخاب می‌شود اگر مقدار عدد تصادفی تولید شده برای کروموزوم k کمتر از 0.25 باشد. در فرایند را به صورت زیر ادامه می‌دهیم. ابتدا به تعداد جمعیتی که داریم عدد تصادفی R تولید می‌نماییم:

$$R[1] = 0.191$$

$$R[2] = 0.259$$

$$R[3] = 0.760$$

$$R[4] = 0.006$$

$$R[5] = 0.159$$

$$R[6] = 0.340$$

با توجه به اعداد نمونه تصادفی که در بالا آورده شده است، والدین $Chromosome[1]$ ، $Chromosome[4]$ و $Chromosome[5]$ برای عملگر برش انتخاب می‌شوند. حالا با توجه این والدین ترکیب همگی آن‌ها را بدست آوریم که به صورت زیر خواهد بود:

$$Chromosome[1] >< Chromosome[4]$$

$$Chromosome[4] >< Chromosome[5]$$

$$Chromosome[5] >< Chromosome[1]$$

بعد از انتخاب کروموزوم‌ها برای برش، فرآیند بعدی مشخص نمودن محل نقطه برش است. این کار با تولید یک عدد تصادفی بین عدد ۱ تا طول کروموزوم انجام می‌شود. در مثال ما عدد تصادفی باید بین ۱ تا ۳ باشد. بعد از این که نقطه برش را بدست آوردیم، کروموزوم‌های والد در آن نقطه برش خورده و ژن‌های آن‌ها تعویض می‌شود و یک فرزند جدید تولید می‌شود. برای مثال ما سه عدد تصادفی زیر را تولید نمودیم:

$$C[1] = 1$$

$$C[2] = 1$$

$$C[3] = 2$$

و کروموزوم‌ها به صورت زیر تحت تأثیر عملگر برش قرار می‌گیرند. همانگونه که مشاهده می‌شود ژن‌های والدین به ترتیب در ژن‌های شماره ۱، شماره ۱ و شماره ۲ برش داده می‌شوند:

$$Chromosome[1] = Chromosome[1] >< Chromosome[4]$$

$$= [02; 21; 18; 03] >< [20; 05; 17; 01]$$

$$= [02; 05; 17; 01]$$

$$Chromosome[4] = Chromosome[4] >< Chromosome[5]$$

$$= [20; 05; 17; 01] >< [10; 04; 13; 14]$$

$$= [20; 04; 13; 14]$$

$$Chromosome[5] = Chromosome[5] >< Chromosome[1]$$

$$= [10; 04; 13; 14] >< [02; 21; 18; 03]$$

$$= [10; 04; 18; 03]$$

بعد از انجام اولین فرآیند برش در الگوریتم ژنتیک مورد نظرمان، جمیع ما به صورت زیر خواهد بود:

Chromosome[1] = [02; 05; 17; 01]

Chromosome[2] = [10; 04; 13; 14]

Chromosome[3] = [12; 05; 23; 08]

Chromosome[4] = [20; 04; 13; 14]

Chromosome[5] = [10; 04; 18; 03]

Chromosome[6] = [20; 01; 10; 06]

مرحله ۵: جهش تعداد کروموزوم هایی که جمعیت مورد جهش قرار می گیرند، توسط پارامتر نرخ جهش مشخص می شوند، با تعویض تصادفی مقدار یک ژن که در یک موقعیت تصادفی قرار دارد با مقدار جدید انجام می شود. برای انجام این فرایند مراحل زیر را انجام می دهیم. ابتدا باید مجموع کل ژن های موجود در جمعیت را محاسبه کنیم. در مثال ما از فرمول زیر بدست می آید:

$$\text{تعداد کل ژن ها} = \text{تعداد ژن های هر کروموزوم} * \text{تعداد جمعیت} = 6 * 4 = 24$$

فرایند جهش با تولید یک عدد تصادفی بین ۱ و تعداد کل ژن های (۱ تا ۲۴ در مثال ما) انجام می شود. اگر مقدار عدد تصادفی تولید شده کمتر از نرخ جهش (rate_mutation) باشد، در این صورت موقعیت این ژن در کروموزوم نشان گذاری می شود. فرض کنیم که نرخ جهش را ۱۰٪ در نظر بگیریم، که در این صورت انتظار داریم که ۱۰٪ (۰.۱) کل ژن ها در جمعیت جهش داده شوند:

تعداد کل جهش ها = $24 * 0.1 = 2.3 = 2$

حالا اگر فرض کنیم که اعداد تصادفی که تولید شده اند ۱۲ و ۱۸ باشند، در این صورت کروموزوم هایی که جهش دارند کروموزوم شماره ۳ در ژن شماره ۴ آن و کروموزوم شماره ۵ در ژن شماره ۲ آن خواهند بود. مقدار ژن های جهش یافته در نقطه جهش بوسیله اعداد تصادفی بین ۰ تا ۳۰ عوض می شوند. اگر اعداد تصادفی تولید شده ۲ و ۵ باشند، سپس ترکیب کروموزوم ها بعد از جهش به صورت زیر است:

Chromosome[1] = [02; 05; 17; 01]

Chromosome[2] = [10; 04; 13; 14]

Chromosome[3] = [12; 05; 23; 02]

Chromosome[4] = [20; 04; 13; 14]

Chromosome[5] = [10; 05; 18; 03]

Chromosome[6] = [20; 01; 10; 06]

بعد از پایان فرایند جهش یک تکرار یا یک نسل از الگوریتم ژنتیک داریم که باید این نسل جدید را مجدداً توسط تابع هدف مورد

ارزیابی قرار دهیم که ارزیابی آن مانند آنچه قبلاً گفته شد انجام می‌شود:

$$\begin{aligned}
 \text{Chromosome}[1] &= [02; 05; 17; 01] \\
 F_{\text{obj}[1]} &= \text{Abs}((02 + 2 * 05 + 3 * 17 + 4 * 01) - 30) \\
 &= \text{Abs}((2 + 10 + 51 + 4) - 30) \\
 &= \text{Abs}(67 - 30) \\
 &= 37 \\
 \text{Chromosome}[2] &= [10; 04; 13; 14] \\
 F_{\text{obj}[2]} &= \text{Abs}((10 + 2 * 04 + 3 * 13 + 4 * 14) - 30) \\
 &= \text{Abs}((10 + 8 + 39 + 56) - 30) \\
 &= \text{Abs}(107 - 30) \\
 &= 77 \\
 \text{Chromosome}[3] &= [12; 05; 23; 02] \\
 F_{\text{obj}[3]} &= \text{Abs}((12 + 2 * 05 + 3 * 23 + 4 * 02) - 30) \\
 &= \text{Abs}((12 + 10 + 69 + 8) - 30) \\
 &= \text{Abs}(87 - 30) \\
 &= 47 \\
 \text{Chromosome}[4] &= [20; 04; 13; 14] \\
 F_{\text{obj}[4]} &= \text{Abs}((20 + 2 * 04 + 3 * 13 + 4 * 14) - 30) \\
 &= \text{Abs}((20 + 8 + 39 + 56) - 30) \\
 &= \text{Abs}(123 - 30) \\
 &= 93 \\
 \text{Chromosome}[5] &= [10; 05; 18; 03] \\
 F_{\text{obj}[5]} &= \text{Abs}((10 + 2 * 05 + 3 * 18 + 4 * 03) - 30) \\
 &= \text{Abs}((10 + 10 + 54 + 12) - 30) \\
 &= \text{Abs}(86 - 30) \\
 &= 56 \\
 \text{Chromosome}[6] &= [20; 01; 10; 06] \\
 F_{\text{obj}[6]} &= \text{Abs}((20 + 2 * 01 + 3 * 10 + 4 * 06) - 30) \\
 &= \text{Abs}((20 + 2 + 30 + 24) - 30) \\
 &= \text{Abs}(76 - 30) \\
 &= 46
 \end{aligned}$$

همانگونه که از ارزیابی کروموزوم‌ها در جمعیت جدید مشاهده می‌شود تابع هدف کاهش یافته است که به این معناست که ما کروموزوم‌ها یا راه حل‌های بهتری نسبت به کروموزوم‌های نسل قبل داریم. بنابراین کروموزوم‌ها برای تکرار بعدی به صورت زیر خواهد بود:

$$\begin{aligned}
 \text{Chromosome}[1] &= [02; 05; 17; 01] \\
 \text{Chromosome}[2] &= [10; 04; 13; 14] \\
 \text{Chromosome}[3] &= [12; 05; 23; 02] \\
 \text{Chromosome}[4] &= [20; 04; 13; 14] \\
 \text{Chromosome}[5] &= [10; 05; 18; 03] \\
 \text{Chromosome}[6] &= [20; 01; 10; 06]
 \end{aligned}$$

کروموزوم‌های جدید تحت تأثیر فرآیند مشابهی با آنچه با نسل قبلی کروموزوم‌ها انجام شد قرار می‌گیرند. مثل ارزیابی، انتخاب، برش و جهش و در پایان هر تکرار نیز نسل جدیدی از کروموزوم‌ها برای تکرار بعدی تولید می‌شود. این فرآیند تا رسیدن به تعداد تکرار‌های از پیش تعریف شده با بدست آمدن یک شرط ادامه می‌یابند. در این مثال حدوداً بعد از ۵۰ نسل بهترین کروموزوم بدست می‌آید:

$$\text{Chromosome} = [07; 05; 03; 01]$$

که بدان معناست که اگر این اعداد معادله این که در ابتدا داشتیم قرار دهیم خواهیم داشت:

$$a + 2b + 3c + 4d = 30$$

$$7 + (2 \times 5) + (3 \times 3) + (4 \times 1) = 30$$

در این مثال ساده به خوبی کارایی و قدرت الگوریتم ژنتیک در حل مسائل بهینه سازی مشاهده می شود.