

LA-MA: یک مدل جدید ممتیکی مبتنی بر اتوماتای یادگیر

مهدی رضاپور میرصالح^۱، محمد رضا میبدی^۲

^۱ دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیر کبیر، تهران، ایران
mrezapoorm@aut.ac.ir

^۲ دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیر کبیر، تهران، ایران
mmeybodi@aut.ac.ir

چکیده

یکی از روش‌های حل مسایل بهینه سازی استفاده از الگوریتم تکاملی است. بسیاری از این الگوریتم‌ها در جستجوی عمومی موفق عمل می‌کنند اما نمی‌توانند جواب دقیقی را پیدا نمایند. استفاده از یک یا چند جستجوی محلی، به عنوان یادگیری محلی، برای پیدا کردن جواب بهتر، معروف‌ترین راه حل برای این مساله است. این روش، الگوریتم ممتیک نامیده می‌شود. اتوماتای یادگیر یک روش یادگیری تقویتی است که در مسائل مختلفی مورد استفاده قرار گرفته است. در این مقاله یک مدل جدید ترکیبی مبتنی بر اتوماتای یادگیر و الگوریتم ممتیک با نام LA-MA ارائه شده است. این مدل از دو بخش ژنتیک و ممتیک تشکیل شده است. فرآیندهای تکامل و یادگیری محلی به ترتیب در بخش‌های ژنتیک و ممتیک انجام می‌شوند. بخش ژنتیکی، مشابه الگوریتم ژنتیکی سنتی است. در بخش ممتیکی جمعیتی از مم‌ها قرار دارد که با اتوماتای یادگیر بازنمایی شده‌اند. هر مم متشکل از چند اتوماتای یادگیر است، که وظیفه یادگیری محلی را بر عهده دارند. جهت نمایش کارایی مدل ارائه شده، این مدل با سایر روش‌ها مقایسه شده است. نتایج بدست آمده، برتری این مدل را در مقایسه با سایر الگوریتم‌ها نشان می‌دهد.

کلمات کلیدی

الگوریتم ممتیک - مم - جستجوی محلی - جستجوی عمومی - اتوماتای یادگیر

۱- مقدمه

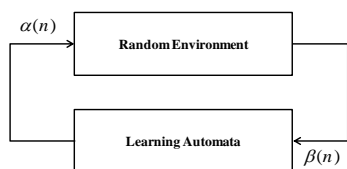
بین جستجوی عمومی و محلی، لازمه داشتن یک الگوریتم ممتیک با حداکثر کارایی است. جهت رسیدن به یک تعادل بهینه برای انجام جستجوی عمومی و محلی، بایستی اجزای الگوریتم ممتیک به صورت مناسب طراحی شوند. در [۴] یک الگوریتم تکاملی با الهام از مفاهیم محاسبات کوانتوم با نام QEA ارائه شده است که بر پایه مفاهیمی نظیر بیت، وضعیت کوانتومی و ... می‌باشد. همانند سایر الگوریتم‌های تکاملی، QEA بوسیله بازنمایی کروموزوم‌ها، تابع شایستگی و جمعیت پیاده‌سازی می‌شود. با این تفاوت که به جای بازنمایی دودویی یا عددی، QEA از نمایش احتمالاتی کیو-بیت، به عنوان کوچکترین واحد اطلاعاتی، برای بازنمایی کروموزوم‌ها استفاده می‌کند. یک کروموزوم کیو-بیتی از رشته ای از کیو-بیت‌ها تشکیل شده است. همچنین در این روش جهت تغییر افراد جمعیت، به منظور رسیدن به جواب بهینه، عملگر کیو-گیت تعریف شده است. در ابتدا، با توجه به یکسان بودن کیو-بیت‌های کروموزوم کیو-بیتی، احتمال همه وضعیت‌ها یکسان خواهد بود اما با نزدیک شدن احتمال هر کیو-بیت به 0 یا 1 بوسیله تغییرات ناشی از اعمال کیو-گیت، کروموزوم کیو-بیتی به وضعیت منحصر به فردی همگرا شده و تنوع کاهش می‌یابد.

الگوریتم‌های تکاملی، الگوریتم‌های قدرتمندی در جستجوی سراسری هستند. این الگوریتم‌ها دارای توانایی اکتشاف^۱ و بهره‌برداری^۲ در فضای مسئله می‌باشند. اکتشاف و بهره‌برداری دو هدف اساسی در جستجو هستند. اکتشاف، به معنای اطمینان از سراسری بودن جستجو است و از این جهت اهمیت دارد که فضای مسئله باید به نحو قابل اطمینانی برای یافتن سراسری نقطه بهینه، جستجو شود. بهره‌برداری از این لحاظ مورد توجه است که به تلاش پیرامون یافتن بهترین جواب، برای یافتن پاسخ‌های بهتر می‌پردازد. الگوریتم‌های مناسب و کارای زیادی وجود دارند که به این دو هدف توجه می‌کنند و هر دو را ارضا می‌کنند. به این گونه از الگوریتم‌ها، روش‌های ترکیبی یا ممتیک گفته می‌شود [۱، ۲]. این الگوریتم‌ها به الگوریتم‌های یادگیری لامارکی و یادگیری بالدوینی هم معروف هستند. مهمترین نقش را در این الگوریتم‌ها، الگوریتم‌های جستجوی محلی بر عهده دارند. در مدل یادگیری لامارکی بر خلاف مدل یادگیری بالدوینی، خصوصیات ژنتیکی یک موجود در طول حیات آن تغییر می‌کند [۳]. ایجاد تعادل

ادامه این مقاله بدینصورت سازماندهی شده است: در بخش دوم مفاهیم اتوماتای یادگیر شرح داده شده است. مدل جدید ارائه شده در بخش سوم مورد بررسی قرار گرفته است. سپس مساله تناظر گراف شرح داده شده و در ادامه به بررسی نتایج آزمایشات انجام شده و مقایسه آنها پرداخته شده است. در بخش آخر هم نتیجه گیری به عمل آمده است.

۲- اتوماتای یادگیر

اتوماتای یادگیر [۹] ماشینی است که می تواند تعداد محدودی عمل را انجام دهد. هرگاه این ماشین عملی را انتخاب می کند، عمل انتخاب شده توسط محیط ارزیابی شده و نتیجه آن به صورت یک سیگنال بازخوردی مثبت یا منفی به اتوماتا بازگردانده می شود. مقدار این سیگنال در انتخاب اعمال بعدی تاثیر می گذارد. هدف این فرایند این است که اتوماتا بعد از گذشت مدتی به سمت مناسب ترین عمل خود در محیط میل کرده و یا به عبارت دیگر یاد می گیرد که کدام عمل، بهترین عمل است. نحوه تعامل اتوماتای یادگیر و محیط در شکل ۱ نشان داده شده است.



شکل ۱- تعامل اتوماتای یادگیر با محیط

مدل ریاضی محیط بصورت سه تایی $\langle \underline{\alpha}, \underline{\beta}, \underline{c} \rangle$ تعریف می شود که در آن $\underline{\alpha} = \{\alpha_1, \dots, \alpha_r\}$ مجموعه ورودی ها، $\underline{\beta} = \{\beta_1, \dots, \beta_m\}$ مجموعه مقادیر سیگنال تقویتی که توسط محیط تولید می شود و $\underline{c} = \{c_1, \dots, c_r\}$ مجموعه ای از احتمال های تنبیه می باشد. هر C_i با α_i رابطه دارد و در واقع C_i ها مشخصات و رفتار محیط را تعریف می کنند. اگر احتمال های تنبیه ثابت باشند، محیط را ایستا، و اگر در طول زمان تغییر کنند، محیط را غیر ایستا می نامند. برحسب نحوه تعریف مجموعه $\underline{\beta}$ ، محیط به مدل P، مدل Q و مدل S تقسیم بندی می شود. محیطی که عناصر سیگنال تقویتی آن فقط دو مقدار 0 و 1 می گیرند را مدل P می نامند. در محیط از نوع Q، سیگنال تقویتی می تواند به طور گسسته یک مقدار از مقادیر محدود در فاصله [۱۰] را اختیار کند و در محیط از نوع S، سیگنال تقویتی متغیری تصادفی در فاصله [10, 11] است. اگر احتمال های جریمه در طول زمان تغییر کنند، محیط را غیر ایستا و در غیر اینصورت ایستا می نامند.

اتوماتاهای یادگیر به دو خانواده اتوماتاهای یادگیر با ساختار ثابت و اتوماتاهای یادگیر با ساختار متغیر دسته بندی می شوند. اتوماتاهای کرینسکی و کرایلو مثال هایی از اتوماتاهای با ساختار ثابت هستند. یک اتوماتای یادگیر با ساختار متغیر را می توان با یک سه تایی $\langle \underline{\beta}, \underline{\alpha}, T \rangle$ نشان داد. که $\underline{\alpha}$ مجموعه اقدام های مجاز برای اتوماتای یادگیر، $\underline{\beta}$ مجموعه ورودی های اتوماتا و T الگوریتم یادگیری می باشد. الگوریتم یادگیری، رابطه ای تکراری است که برای تغییر بردار احتمال اقدام ها

در [۵] با ترکیب اتوماتای یادگیر و اتوماتای سلولی مدل جدید با نام اتوماتای یادگیر سلولی (CLA) معرفی شده است. CLA یک اتوماتای سلولی است که یک یا چند اتوماتای یادگیر در هر سلول آن قرار دارد لذا هر سلول CLA دارای توانایی یادگیری و تعامل با سلول های دیگر می باشد. در [۶، ۷] با ترکیب اتوماتای یادگیر سلولی و پردازش تکاملی، مدل جدیدی بنام CLA-EC برای حل مسائل بهینه سازی ارائه شده است. در این مدل، پارامترهای فضای جستجوی مسأله در قالب ژن ها در نظر گرفته می شوند. هر ژن دارای دو جزء مدل ژن و رشته ی ژن می باشد. مجموعه عمل های انتخاب شده توسط مجموعه ای از اتوماتاهای یادگیر، رشته ی ژن نامیده می شود. در هر سلول با استفاده از یک قانون محلی یک سیگنال تقویتی تولید و به اتوماتای یادگیر آن سلول اعمال می شود. اتوماتای یادگیر سلول با دریافت این سیگنال تقویتی بردار احتمال عمل های خود را بروز می کند. سپس هر سلول یک رشته ی ژنی جدید تولید کرده و مقدار شایستگی آنرا با مقدار شایستگی رشته ی قدیمی خود مقایسه می کند. اگر مقدار شایستگی رشته ی جدید بیشتر از رشته ی قدیمی باشد، رشته ی جدید جایگزین رشته ی ژنی قدیمی سلول می شود. این فرایند تا زمانی که شرط خاتمه ارضاء شود، ادامه می یابد. در [۸] یک مدل ترکیبی با نام CLA-DE جهت بهینه سازی عددی ارائه شده است. این مدل از ترکیب اتوماتای یادگیر سلولی و الگوریتم تکاملی تفاضلی (DE) تشکیل شده است. در این روش در هر سلول از اتوماتای یادگیر سلولی گروهی از اتوماتاهای یادگیر قرار داده شده است که نشان دهنده یک راه حل از مساله می باشد. در این مدل فضای جستجو به صورت پویا به بازه هایی تقسیم می شود و هر بازه به عنوان یک اقدام اتوماتا در نظر گرفته می شود. در هر مرحله با استفاده از راه حلی که در هر سلول موجود است و وزنی از اختلاف آن با بهترین راه حل موجود یا راه حل های همسایه، راه حل جدیدی بدست می آید که در صورتی که شایستگی آن بهتر از راه حل قبلی باشد جایگزین آن می گردد.

در این مقاله یک مدل جدید ممیزی به نام LA-MA ارائه شده است. این مدل از دو بخش ژنتیکی و بخش ممیزی تشکیل شده است. بخش ژنتیکی شامل جمعیت کروموزوم ها، عملگرهای جهش و بازترکیبی و تابع شایستگی می باشد و وظیفه جستجوی عمومی را بر عهده دارد. بخش ممیزی شامل جمعیت مم ها است و وظیفه یادگیری محلی را بر عهده دارد. در این بخش به ازای هر روش جستجوی محلی یک مم وجود دارد. هر مم شامل مجموعه ای از اتوماتاهای یادگیر است که وظیفه یادگیری محلی را بر عهده دارند. میزان یادگیری محلی هر مم توسط پارامتری به نام شایستگی ممیزی نشان داده شده است. در هر نسل پس از انجام جستجوی عمومی، جستجوی محلی بر روی کروموزوم های بخش ژنتیکی اعمال می شود، و با توجه به نتیجه بدست آمده شایستگی ممیزی مم مربوطه بروز خواهد شد. از شایستگی ممیزی جهت تعادل بین جستجوی عمومی و محلی و انتخاب نسل بعد استفاده شده است.

$CR_i(k)$ مقدار تخصیص یافته به ژن k ام را نشان می‌دهد. بدیهی است که $1 \leq CR_i(k) \leq m$ و $1 \leq k \leq n$.

جمعیت اولیه به صوت 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 بر روی آنها انجام می‌گیرد و با توجه به مکانیزم Crowding فرزندان نسل جدید انتخاب می‌شوند و سپس با احتمال I_m عمل جهش بر روی فرزندان نسل جدید اعمال می‌گردد. شایستگی کروموزوم یک تابع بیشینه‌سازی است که با f_g نمایش داده می‌شود و اصطلاحاً شایستگی ژنتیکی^۳ به آن گفته می‌شود. لازم به ذکر است که مقیاس شایستگی ممیتیکی به $[0, 1]$ تغییر یافته است.

۳-۲- بخش ممیتیکی

در روش ارائه شده در کنار جمعیت کروموزوم‌ها، جمعیتی از مم‌ها قرار دارد. تعداد افراد جمعیت مم‌ها برابر با تعداد جستجوهای محلی است که استفاده می‌شوند. به عبارت دیگر به ازای هر یک از جستجوهای محلی، یک مم وجود دارد. هر مم از n اتوماتای یادگیر تشکیل شده و هر اتوماتای یادگیر دارای m اقدام است. (تعداد اقدام‌های اتوماتاهای یادگیر برابر با تعداد مقادیر ممکن ژن‌ها است). هر اتوماتا دارای یک بردار احتمال m تایی است که احتمال قرار داشتن هر یک از m مقدار ژن مربوطه را نشان می‌دهد. احتمال اولیه انتخاب هر یک از اقدام‌های اتوماتاهای یادگیر مساوی و برابر مقدار $\frac{1}{m}$ است. با اعمال جستجوی محلی بر روی کروموزوم‌ها و نتیجه حاصله، مقدار احتمال هر یک از اقدام‌های اتوماتاهای یادگیر بروز می‌شود. به عنوان مثال جستجوی محلی i م دارای ممی به شکل زیر است:

$$M_i = \begin{bmatrix} p_{11i} & p_{12i} & \dots & p_{1ni} \\ p_{21i} & p_{22i} & \dots & p_{2ni} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ p_{m1i} & p_{m2i} & \dots & p_{mni} \end{bmatrix}, \quad \sum_{k=1}^m p_{kji} = 1, \quad (4)$$

که p_{kji} احتمال قرار گرفتن مقدار k ام در ژن شماره j با اعمال جستجوی محلی i ام را نشان می‌دهد. به عبارت دیگر هر مم احتمال رسیدن به هریک از نقاط فضای جستجو را پس از اعمال جستجوی محلی نشان می‌دهد. به عبارت دیگر احتمال ایجاد کروموزوم CR_i پس از اعمال مم CR_α توسط جستجوی محلی β برابر است با:

$$f_m(CR_\alpha | M_\beta) = \prod_{j=1}^n p_{kj\beta}, \quad k = CR_\alpha(j) \quad (5)$$

که به آن شایستگی ممیتیکی^۴ کروموزوم گفته می‌شود که با f_m نمایش داده می‌شود. پس از اعمال جستجوی محلی بر روی هر یک از کروموزوم‌ها، احتمال انتخاب هر یک از اقدام‌های اتوماتاهای یادگیر بروز می‌شود. بدینصورت که اگر مقدار یک ژن قبل و بعد از اعمال جستجوی محلی مقدار یکسانی داشته باشد، اقدام متناسب با آن مقدار

استفاده می‌شود. $\alpha_i(k) \in \alpha$ اقدام انتخاب شده توسط اتوماتا 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 اتوماتا انتخاب می‌شود. در لحظه k اگر اقدام انتخاب شده $\alpha_i(k)$ ، توسط محیط پاداش بگیرد بردار احتمال $p(k)$ توسط الگوریتم یادگیری خطی رابطه (۱) بروز می‌شود و در صورتی که جریمه شود توسط رابطه (۲) تغییر می‌کند.

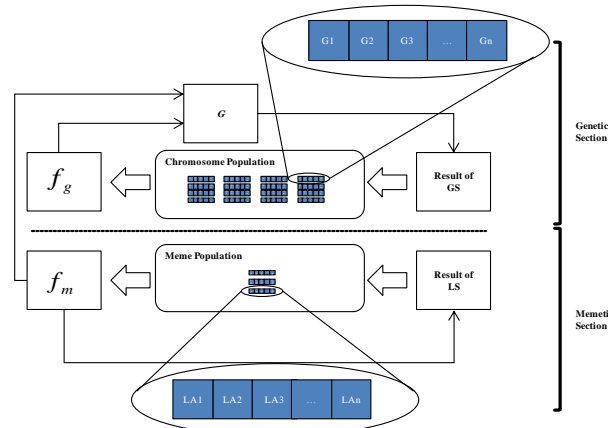
$$P_j(n+1) = \begin{cases} P_j(n) + a[1 - P_j(n)] & j=i \\ (1-a)P_j(n) & \forall j, j \neq i \end{cases} \quad (1)$$

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

در رابطه‌های بالا اگر $a=b$ باشد، الگوریتم را L_{R-P} ، اگر $a \gg b$ الگوریتم را L_{R-E} و اگر $b=0$ باشد 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- مدل جدید LA-MA

مدل پیشنهادی از دو بخش ژنتیک و ممیتیکی تشکیل شده است. بخش ژنتیک شامل جمعیت کروموزوم‌ها، عملگرهای جهش و بازترکیبی و تابع شایستگی می‌باشد. در بخش ممیتیکی، جمعیت مم‌ها، انواع مختلف جستجوی محلی و احتمال موفقیت هر یک از جستجوهای محلی قرار دارد. این مطلب در شکل ۲ نشان داده شده است.



شکل ۲- شمای گرافیکی مدل ارائه شده

۳-۱- بخش ژنتیک

بخش ژنتیک مدل ارائه شده همانند الگوریتم ژنتیک سنتی است. 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 توسط رابطه ۳ نمایش داده می‌شود.

$$CR_i = [CR_i(1) \quad CR_i(2) \quad \dots \quad CR_i(n)] \quad (3)$$

در سطر ۹، مقدار شایستگی ژنتیکی کروموزوم CR_j محاسبه می‌شود. p_3^t احتمال همگرایی کروموزوم CR_j به بهینه سراسری توسط جستجوی عمومی، در نسل t را نشان می‌دهد.

در سطر ۱۰، در صورتی که انجام جستجوی محلی نسبت به جستجوی عمومی مقرون به صرفه باشد، جستجوی محلی اعمال می‌گردد. معیارهای مختلفی برای تعیین این موضوع می‌توان در نظر گرفت (مثلاً معیار ساده $p_2^t > p_3^t$).

در سطر ۱۱، نتیجه اعمال جستجوی محلی i ام بر روی CR_j در $NewCR$ نشان داده شده است. لازم به ذکر است که در این مرحله کروموزوم CR_j بدون تغییر خواهد ماند.

در سطر ۱۲، بردار احتمال اتوماتاهای یادگیر مربوط به i ام با توجه به مقادیر $NewCR$ و CR_j بروزرسانی می‌شود. اگر $CR_j(k) = NewCR(k)$ عمل $CR_j(k)$ از k امین اتوماتای یادگیر مربوط به M_i پاداش داده خواهد شد و در غیر اینصورت جریمه می‌شود.

در سطر ۱۶، مقدار شایستگی ترکیبی، با توجه به رابطه $G(f_g, f_m) = w_1 f_g + w_2 f_m$ محاسبه می‌شود. در این رابطه w_1, w_2 وزن‌های شایستگی ژنتیکی و ممیزی می‌باشند که در این مقاله مقادیر $w_1 = 0.2$ و $w_2 = 0.8$ در نظر گرفته شده است. سایر مراحل الگوریتم کاملاً واضح و روشن هستند.

۴- مساله تناظر گراف

یک گراف بوسیله عبارت $G=(E,V)$ نمایش داده می‌شود که V مجموعه راس‌ها و $E \subset V * V$ 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 جابجایی تعدادی از سطرها و ستون‌هایشان با هم متفاوت باشند. وابستگی ماتریس‌های $M(G)$ و $M(H)$ تحت نگاشت σ مطابق با رابطه (6) است.

$$M(H) = P.M(G).P^T \rightarrow [P.M(G).P^T]_{i,j} = [M(H)]_{\sigma(i),\sigma(j)} \quad (6)$$

به گونه‌ای که P ماتریس جایگشت، نگاشت σ است. اگر اختلاف بین دو گراف را با رابطه (7) نشان دهیم (که در این رابطه $\|.\|$ نرم ماتریس بوده و مقدار آن از رابطه $\|M\| = \sum_i \sum_j |m_{ij}|$ بدست می‌آید)، مساله تناظر گراف، به یک مساله بهینه‌سازی جهت یافتن جایگشت σ به منظور مینیمم کردن $J(\sigma)$ تبدیل خواهد شد.

$$J(\sigma) = \|M(H) - P.M(G).P^T\| \quad (7)$$

خطای تطابق راس k در ماتریس G و راس $\sigma(k)$ در ماتریس H به صورت زیر تعریف می‌شود:

در اتوماتای مربوطه پاداش داده می‌شود و در غیر اینصورت اقدام مربوط به مقدار قبل از تغییر ژن جریمه می‌شود. لازم به ذکر است که چون از روش یادگیری بالدوینی استفاده می‌شود، نتیجه جستجوی محلی بر روی ژنتیک کروموزوم اثری نمی‌گذارد و تنها باعث تغییر مم خواهد شد. از ترکیب شایستگی ممیزی و شایستگی ژنتیکی یک کروموزوم می‌توان به تابع دقیق‌تری برای انتخاب کروموزوم‌های نسل بعد دست یافت. این تابع که در شکل ۲ با G نشان داده شده است، شایستگی ترکیبی^۵ نامیده می‌شود. به عبارت دیگر حاصل این تابع ترکیبی، نشان دهنده پتانسیل جستجوی عمومی و جستجوی محلی برای بهبود یک کروموزوم است. جزئیات ساختار LA-MA در شکل ۳ نشان داده شده است:

```

1.  $t \leftarrow 0$ 
2. Initialize  $PM(t) = \{M_1^t, M_2^t, \dots, M_L^t\}$ ;
3. Initialize  $CR(t) = \{CR_1^t, CR_2^t, \dots, CR_N^t\}$ ;
4. While( not Satisfied Condition)
5.    $t \leftarrow t + 1$ 
6.   For  $i=1$  to  $L$ 
7.     For  $j=1$  to  $N$ 
8.        $p_2^t = f_m(CR_j | M_i)$ 
9.        $p_3^t = f_g(CR_j)$ 
10.      If (ith local search is beneficial)
11.         $NewCR = \text{Perform } i\text{th Local Search on } CR_j$ 
12.        Update  $M_i$  using Eq. (1), (2) by  $CR_j$  and  $NewCR$ 
13.      End If
14.    End For
15.  End For
16.  H_Fitness = Calculate Hybrid Fitness()
17.  For  $j=1$  to  $N$ 
18.    Select Chr.1 and Chr.2 based on H_Fitness;
19.    (Chr.1, Chr.2) = Crossover(Chr.1, Chr.2);
20.    (Chr.1) = Mutation(Chr.1);
21.    (Chr.2) = Mutation(Chr.2);
22.  End For
23. End While

```

شکل ۳ - شبه کد الگوریتم LA-MA

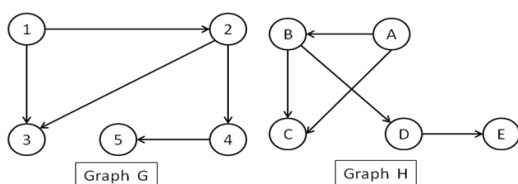
روش ارائه شده همانند سایر الگوریتم‌های تکاملی، یک الگوریتم احتمالاتی است. LA-MA در نسل t شامل یک جمعیت از مم‌های $PM(t) = \{M_1^t, M_2^t, \dots, M_L^t\}$ است، که L اندازه جمعیت مم‌ها است و M_i^t مم متناسب با جستجوی محلی i م است که مطابق رابطه (1) تعریف شده است. همچنین $CR(t) = \{CR_1^t, CR_2^t, \dots, CR_N^t\}$ جمعیت نسل t کروموزوم‌ها را نشان می‌دهد که N اندازه جمعیت کروموزوم‌ها را نشان می‌دهد. جزئیات الگوریتم LA-MA به شکل زیر است:

در سطر ۲، همه p_{kji} از هر M_i^t با مقدار $\frac{1}{m}$ مقداردهی اولیه می‌شوند. ($k=1, \dots, m, j=1, \dots, n, i=1, \dots, L$). در سطر ۳، همه $CR_i^t(k), k=1, \dots, n, i=1, \dots, N$ از هر CR_i^t با یک مقدار تصادفی بین $[1, m]$ مقداردهی اولیه می‌شوند. در سطر ۸، مقدار شایستگی ممیزی مم M_i بر روی کروموزوم CR_j محاسبه می‌شود. p_2^t احتمال همگرایی کروموزوم CR_j به بهینه سراسری توسط مم i ام در نسل t را نشان می‌دهد.

احتمال قرار گرفتن این روش در می نیم محلی کاهش می یابد و در نتیجه سرعت همگرایی بالاتری خواهد داشت.

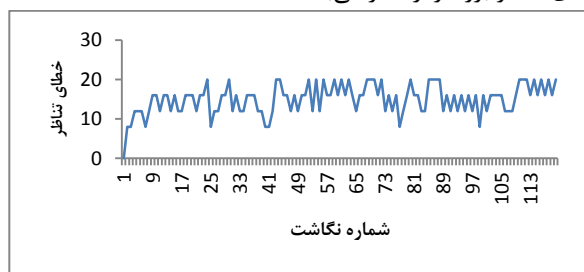
۲-۵- آزمایش ۲:

یکی از مهمترین مزایای روش ارائه شده، همگرایی الگوریتم به نقاطی است که دارای خطای تناظر کم و شباهت ژنتیکی بالا هستند. برای تجزیه و تحلیل همگرایی LA-MA در مساله تناظر گراف، از دو گراف G و H که در شکل ۵ نشان داده شده است استفاده نموده ایم. هر یک از دو گراف مذکور دارای ۵ راس بوده و در نتیجه می توان ۱۲۰ نگاشت مختلف را بین راس های آنها تشکیل داد. از ۱۲۰ نگاشت مذکور تنها یک نگاشت دارای خطای صفر بوده و خطای سایر نگاشتها بزرگتر از صفر است.



شکل ۵- گرافهای متناظر G و H

شکل ۶ میزان خطای تناظر نگاشتهای مختلف دو گراف را نشان می دهد. نگاشت شماره ۱ که نمایشگر تناظر $\{(1,A), (2,B), (3,C), (4,D), (5,E)\}$ می باشد دارای خطای صفر بوده و تنها می نیم سراسری فضای جستجو است. سایر نگاشتها دارای خطای تناظر بزرگتر از صفر می باشند.



شکل ۶- فضای جستجوی نگاشتهای مختلف گرافهای G و H

در شکل ۷ احتمال همگرایی LA-MA به ۱۲۰ نگاشت مختلف گراف های G و H پس از انجام ۱۰، ۳۰، ۱۰۰ و ۲۰۰ نسل از الگوریتم، نشان داده شده است. احتمال همگرایی به بیشتر نقاط فضای جستجو در نسل های اولیه کوچک و مساوی هستند. این بدان معنی است که در نسل های ابتدایی، جستجو به صورت تصادفی انجام می شود ولی در نسل های بعد احتمال نگاشتهای مختلف همانند الگوی فضای جستجوی نگاشتها (شکل ۶) تغییر می کند. بدین معنی که هر نگاشتی که دارای خطای کمتری باشد، احتمال آن بیشتر خواهد بود. نهایتاً در نسل های پایانی اجرای الگوریتم احتمال نگاشتهایی که دارای خطای تناظر پایین و شباهت ژنتیکی بالاتری هستند بیشتر خواهد شد و جستجو به سمت مینیم سراسری همگرا می شود.

$$J_k(\sigma) = \sum_{m=1}^n |[M(H)]_{k,m} - [M(G)]_{\sigma(k),\sigma(m)}| \quad (8)$$

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

n تعداد راس های G گراف است. در نتیجه خطای تناظر گراف را می توان به صورت زیر نوشت:

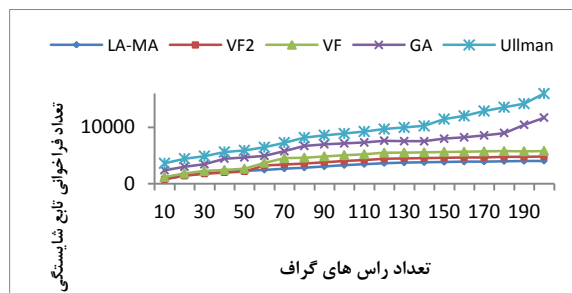
$$J(\sigma) = \sum_{k=1}^n J_k(\sigma) \quad (9)$$

ما از رابطه $f_g = C_{max} - J(\sigma)$ برای نمایش شایستگی ژنتیکی استفاده نموده ایم. در این رابطه C_{max} حداکثر مقدار $J(\sigma)$ است.

۵- نتایج آزمایش ها

۵-۱- آزمایش ۱:

هدف از انجام این آزمایش بررسی عملکرد مدل LA-MA برای حل مساله تناظر گراف در مقایسه با سایر روش های مشهور حل این مساله می باشد. در این آزمایش از پایگاه داده ای که متشکل از ۱۰۰۰۰ زوج گراف متناظر می باشد، استفاده شده است. شرح جزئیات این پایگاه داده استاندارد در [۱۲] آمده است. جهت انجام این آزمایش، الگوریتم های ژنتیک [۱۳]، Ullmann [۱۴]، VF و VF2 [۱۲] پیاده سازی شده اند. کد برنامه نویسی این الگوریتم ها در <http://amalfi.dis.unina.it/graph> موجود می باشد. شکل ۴ متوسط تعداد فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم های GA، VF2، VF، Ullmann و LA-MA در ۵۰ اجرای مختلف را نشان می دهد.



شکل ۴- مقایسه تعداد فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم های GA، VF، VF2 و Ullmann برای گراف های مختلف

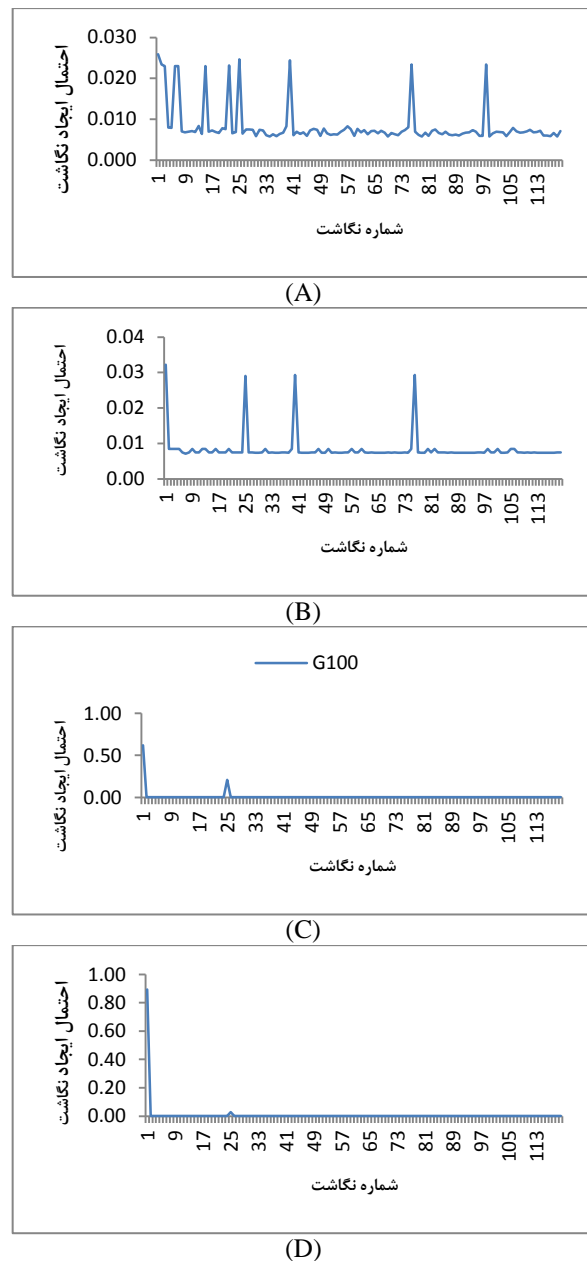
در این آزمایش از گراف های با تعداد راس ۱۰ تا ۲۰۰ راس استفاده شده است. در گراف های کوچک ($n < 50$)، عملکرد الگوریتم های VF2 و LA-MA نسبت به سایر روش های مقایسه شده بهتر است. در این دسته از گراف ها، عملکرد الگوریتم VF2 و LA-MA نزدیک به یکدیگر می باشند. اما در گراف های بزرگ ($n > 50$) نرخ همگرایی الگوریتم VF2 در مقایسه با LA-MA پایین تر است و الگوریتم LA-MA عملکرد بهتری دارد. در این دسته از گراف ها فضای جستجو بزرگ است و احتمال قرار گرفتن در می نیم سراسری بیشتر می باشد. با توجه به انعطاف مدل LA-MA در جابجایی بین جستجوی عمومی و محلی،

مراجع

- [۱] C. Xianshun, O. Yew-Soon, L. Meng-Hiot, and T. Kay Chen, "A Multi-Facet Survey on Memetic Computation," *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, vol. 15, pp. 591-607, 2011.
- [۲] Q. H. Nguyen, Y. S. Ong, and N. Krasnogor, "A study on the design issues of Memetic Algorithm," in *Evolutionary Computation, 2007. CEC 2007. IEEE Congress on*, 2007, pp. 2390-2397.
- [۳] N. Krasnogor and J. Smith, "A tutorial for competent memetic algorithms: model, taxonomy, and design issues," *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, vol. 9, pp. 474-488, 2005.
- [۴] H. Kuk-Hyun and K. Jong-Hwan, "Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization," *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, vol. 6, pp. 580-593, 2002.
- [۵] M. Meybodi, H. Beigy, and M. Taherkhani, "Cellular learning automata and its applications," *Journal of Science and Technology, University of Sharif*, pp. 54-77, 2003.
- [۶] R. Rastegar and M. R. Meybodi, "A new evolutionary computing model based on cellular learning automata," in *Cybernetics and Intelligent Systems, 2004 IEEE Conference on*, 2004, pp. 433-438 vol.1.
- [۷] R. Rastegar, M. R. Meybodi, and A. Hariri, "A new fine-grained evolutionary algorithm based on cellular learning automata," *International Journal of Hybrid Intelligent Systems*, vol. 3, pp. 83-98, 2006.
- [۸] R. Vafashoar, M. R. Meybodi, and A. H. Momeni Azandaryani, "CLA-DE: a hybrid model based on cellular learning automata for numerical optimization," *Applied Intelligence*, vol. 36, pp. 735-748, 2012/04.۲۰۱۲۰۱/
- [۹] M. A. Wiering and H. van Hasselt, "Ensemble Algorithms in Reinforcement Learning," *Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics, IEEE Transactions on*, vol. 38, pp. 930-936, 2008.
- [۱۰] K. Najim and A. S. Poznyak, *Learning automata: theory and applications*: Pergamon Press, Inc., 1994.
- [۱۱] M. A. L. Thathachar and P. S. Sastry, *Networks of learning automata: Techniques for online stochastic optimization*: Kluwer Academic Publishers, 2004.
- [۱۲] P. Foggia, C. Sansone, and M. Vento, "A database of graphs for isomorphism and sub-graph isomorphism benchmarking," in *Proc. of the 3rd IAPR TC-15 International Workshop on Graph-based Representations*, 2001, pp. 176-187.
- [۱۳] W. Yuan-Kai, F. Kuo-Chin, and H. Jorng-Tzong, "Genetic-based search for error-correcting graph isomorphism," *Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics, IEEE Transactions on*, vol. 27, pp. 588-597, 1997.
- [۱۴] J. R. Ullmann, "An Algorithm for Subgraph Isomorphism," *J. ACM*, vol. 23, pp. 31-42, 1976.

زیر نویس ها

- ¹ Exploring
- ² Exploiting
- ³ Genetic Fitness
- ⁴ Memetic Fitness
- ⁵ Hybrid Fitness



شکل ۷- احتمال نگاشت‌های مختلف دو گراف G و H پس از ۱۰ (A)، ۳۰ (B)، ۱۰۰ (C) و ۲۰۰ نسل (D)

۶- نتیجه گیری

در این مقاله مدل جدید ممیتی LA-MA ارائه شد. در این روش، یک الگوریتم ممیتیک در دو بخش کاملاً جدا جهت انجام جستجوی محلی و عمومی مدل شده است. جهت بازنمایی احتمالاتی مم از مجموعه‌ای از اتوماتاهای یادگیر استفاده شده است. در این مدل در کنار جمعیت کروموزم‌ها، جمعیت مم‌ها نیز تکامل می‌یابند. در این مدل مفاهیم شایستگی ممیتی و شایستگی ژنتیکی جهت نمایش میزان اثربخشی فرایندهای تکامل و یادگیری محلی تعریف شدند و با ترکیب آنها، تابع جدیدی جهت انتخاب موجودات نسل بعد ارائه شد. نتایج بدست آمده، کارایی و کاربردی بودن مدل ارائه شده در حل مسائل بهینه سازی را به خوبی نشان می‌دهد.