

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

## در الگوریتم‌های ممتیکی

مهندی رضاپور میرصالح، محمد رضا میدی

الگوریتم ترکیبی بسیار موثر 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 بر روی یک کروموزوم.

تعادل نسل‌هایی که قبل از اجرای جستجوی محلی بر روی یک کروموزوم، طی می‌شود را فرکانس استفاده از جستجوی محلی می‌گویند. به عبارت دیگر این پارامتر مشخص می‌کند که هر چند نسل یکبار جستجوی محلی انجام شود. در اکثر الگوریتم‌های ترکیبی سنتی، از فرکانس یک استفاده شده است. در [۱] یک الگوریتم ترکیبی با فرکانس استفاده از جستجوی محلی دو برای حل مساله فروشندۀ دوره‌گرد ارائه شده است. در [۲] مجموعه‌ای از آزمایش‌ها جهت تعیین فرکانس بهینه جستجوی محلی بر روی دوتابع پیوسته انجام گرفته و نشان داده شده است 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 است که عبارتند از: تعداد فراخوانی‌های تابع شایستگی، سرعت همگرایی الگوریتم ژنتیک، و نمایش ژنتیکی کروموزوم‌ها. در این تحقیق نشان داده شده است 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 بر روی یک کروموزوم را نشان می‌دهد. اگر تعداد فراخوانی‌های تابع شایستگی را ثابت در نظر بگیریم، هر چه طول جستجوی محلی بیشتر باشد، تعداد تکرار الگوریتم ژنتیک کمتر خواهد بود و هر چه طول جستجوی محلی کمتر باشد، تعداد تکرار الگوریتم ژنتیک بیشتر خواهد بود. لذا همانگونه که مشخص است طول جستجوی محلی نقش مهمی در ایجاد تعادل بین جستجوی عمومی و جستجوی محلی را دارد. در [۴] از جستجوی محلی کامل به عنوان طول جستجو استفاده شده است. جستجوی محلی کامل به معنای انجام جستجوی محلی بر روی یک کروموزم تا رسیدن به یک کمینه محلی است. استفاده از جستجوی محلی کامل باعث کاهش تنوّع جمعیت و صرف هزینه محاسباتی و زمانی زیاد خواهد شد. طول بهینه برای انجام جستجوی محلی در مسائل مختلف متفاوت است. در [۵] نشان داده شده است که برای افزایش کارایی در

چکیده - یکی از مشکلات الگوریتم‌های ژنتیک سنتی، مشکل همگرایی زودرس می‌باشد 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 بوسیله 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 است. الگوریتم ارائه شده از دو بخش ژنتیکی و ممتیکی تشکیل شده است. تکامل یا جستجوی عمومی در بخش ژنتیکی و بهره برداری یا جستجوی محلی در بخش ممتیکی انجام می‌شوند. در بخش ممتیکی، احتمال موقوفیت جستجوی محلی تخمین زده شده و در صورتی که انجام جستجوی محلی نسبت به جستجوی عمومی مفروض به صرفه باشد، بهره برداری انجام می‌شود. تخمین صحیح احتمال موقوفیت جستجوی محلی، باعث ایجاد تعادل بین جستجوی عمومی و محلی شده و کارایی الگوریتم ممتیک را بالا می‌برد. جهت ارزیابی کارایی الگوریتم ارائه شده، از آن جهت حل دو مساله بهینه سازی بیشینه‌سازی یک‌ها و تاظاً گراف استفاده شده است. نتایج آزمایش‌ها نشان می‌دهد که الگوریتم ارائه شده 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، مم.

### ۱- مقدمه

الگوریتم ژنتیک و جستجوی محلی به ترتیب در جستجوی عمومی و تنظیم دقیق جواب‌های بسته آمده، استفاده می‌شوند. با توجه به اینکه هر کدام از این دو دارای ویژگی‌های خاص خود می‌باشند، نحوه ترکیب این دو در کارایی الگوریتم ترکیبی حاصل، تاثیر زیادی خواهد داشت. مهم‌ترین ویژگی الگوریتم‌های ممتیک، اضافه شدن 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 دقیق تر حوزه جواب، بهترین جواب موجود را بسته می‌آورد. تحقیقات نشان داده است که تعیین دقیق نرخ انجام جستجوی محلی در کارایی

مقاله در تاریخ ۹ مداد ماه ۱۳۹۲ دریافت شد.

مهندی رضاپور میرصالح، دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیرکبیر (پلی‌تکنیک تهران)، تهران کدپستی ۱۵۸۵۷-۴۴۱۳ (email: mrezapoorm@aut.ac.ir) محمد رضا میدی، دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیرکبیر (پلی‌تکنیک تهران)، تهران کدپستی ۱۵۸۵۷-۴۴۱۳ (email: m.meybodi@aut.ac.ir)

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.



شکل ۱- تعامل اتوماتان یادگیر با محیط

مدل ریاضی محیط بصورت سه‌تایی  $\langle \underline{\alpha}, \underline{\beta}, \underline{\gamma} \rangle$  تعریف می‌شود که در آن  $\underline{\alpha} = \{\alpha_1, \dots, \alpha_r\}$  مجموعه ورودی‌ها،  $\underline{\beta} = \{\beta_1, \dots, \beta_m\}$  مجموعه مقادیر سیگنال تقویتی که توسط محیط تولید می‌شود و  $\underline{\gamma} = \{\gamma_1, \dots, \gamma_r\}$  مجموعه‌ای از احتمال‌های تنبیه می‌باشد. هر  $\alpha_i$  با  $\gamma_i = \{c_1, \dots, c_r\}$  رابطه دارد و در واقع  $\gamma_i$  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. برحسب نحوه تعریف مجموعه  $\underline{\beta}$ ، 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 گستته یک مقدار از مقادیر محدود در فاصله  $[0, 1]$  را اختیار کند و در محیط از نوع  $S$  سیگنال تقویتی متغیری تصادفی در فاصله  $[0, 1]$  است. اگر احتمال‌های جریمه در طول زمان تغییر کنند، محیط را غیر ایستا و در غیر اینصورت ایستا می‌نامند.

اتوماتای یادگیر به دو خانواده اتوماتای یادگیر با ساختار ثابت و اتوماتای یادگیر با ساختار متغیر دسته بندی می‌شوند. اتوماتای کرینسکی و کرایلو مثال‌هایی از اتوماتای با ساختار ثابت هستند. یک اتوماتان یادگیر با ساختار متغیر را می‌توان با یک سه‌تایی  $\langle T, \underline{\beta}, \underline{\gamma} \rangle$  نشان داد. که  $\underline{\alpha}$  مجموعه اقدام‌های مجاز برای اتوماتان یادگیر،  $\underline{\beta}$  مجموعه ورودی‌های اتوماتان و  $T$  الگوریتم یادگیری می‌باشد. الگوریتم یادگیری، رابطه‌ای تکراری است که برای تغییر بردار احتمال اقدام‌ها استفاده می‌شود.  $\underline{\alpha}(k)$  اقدام انتخاب شده توسط اتوماتان و  $\underline{p}(k)$  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 انتخاب شده  $\underline{\alpha}(k)$ ، توسط محیط پاداش بگیرد بردار احتمال  $\underline{p}(k)$  توسط الگوریتم یادگیری خطی رابطه (۱) بروز می‌شود و در صورتی که جریمه شود توسط رابطه (۲) تغییر می‌کند.

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

(2)

بهینه‌سازی تابع griewank طول جستجوی محلی باستی کوتاه در نظر گرفته شود، در حالیکه طول جستجوی محلی بلند در بهینه‌سازی rastrigin هرمنی 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 بر روی همه موجودات انجام می‌شد. این روش بدلیل هزینه زیاد مفروض به صرفه نیست. لذا باستی جستجوی محلی بر روی تعدادی منتخب از موجودات انجام پذیرد. هرچه درصد افرادی از جمعیت که جستجوی محلی بر روی آن‌ها انجام می‌پذیرد بیشتر باشد، اثر جستجوی عمومی الگوریتم ژنتیک کمتر خواهد شد و هرچه موجودات کمتری جستجوی محلی را انجام دهند از داشت محلی استفاده مفید نخواهد شد. در نتیجه تعیین درصد بهینه از افراد جمعیت برای انجام جستجوی محلی در تعادل جستجوی عمومی و جستجوی محلی تاثیر مستقیم دارد. تعیین درصدی از جمعیت برای انجام جستجوی محلی معادل تعیین احتمال انجام جستجوی محلی بر روی هر موجود است. در آزمایش‌هایی که در [۷] انجام شده است به بررسی احتمال انجام جستجوی محلی بر روی یک موجود در نسل‌های مختلف الگوریتم ترکیبی پرداخته شده است. در این مطالعه نشان داده شده است 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 ممتیکی به نام LA-MA که قبل از نویسنده‌گان ارائه شده است [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 مفروض به صرفه باشد، جستجوی محلی انجام می‌گردد.

ادامه‌ی این مقاله به صورت زیر سازماندهی شده است: در بخش دوم اتوماتان یادگیر شرح داده شده است. سپس نحوه تخمین احتمال انجام جستجوی محلی در بخش سوم بیان شده است. در بخش چهارم مدل LA-MA ارائه شده و در ادامه به بررسی آزمایش‌های انجام شده پرداخته شده است. در بخش آخر هم نتیجه گیری 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 انتخاب شده توسط محیط ارزیابی شده و نتیجه آن به صورت یک سیگنال بازخوردی مثبت یا منفی به اتوماتان بازگردانده می‌شود. مقدار این سیگنال در انتخاب اعمال بعدی تأثیر می‌گذارد. هدف این فرایند این است که اتوماتان بعد از گذشت مدتی به سمت مناسب ترین عمل خود در محیط

شکل ۲ - مجموعه نقاط مختلف فضای جستجو و ارتباط آنها

در این بخش، تکامل و یادگیری فردی در الگوریتم ممtíک در فرآیندهای جداگانه مورد بررسی قرار گرفته‌اند و مقادیر احتمال قرار گرفتن کروموزوم‌ها در هر یک از سه مجموعه مذکور در این دو فرآیند به تفکیک مورد بررسی واقع شده‌اند.

با فرض وجود  $N$  کروموزوم در هر نسل احتمال انتقال حداقل یکی از کروموزوم‌ها از مجموعه شماره ۱ به مجموعه شماره ۱ از طریق جستجوی عمومی و احتمال انتقال از مجموعه شماره ۳ به مجموعه شماره ۲ از طریق جستجوی عمومی و برابرست با:

(4)

$$P_{31} = p_1(t) + (1 - p_1(t)) * p_1(t) + \dots + (1 - p_1(t))^{N-1} * p_1(t) = 1 - (1 - p_1(t))^N$$

$$p_{32} = p_2(t) + (1 - p_2(t)) * p_2(t) + \dots + (1 - p_2(t))^{N-1} * p_2(t) = 1 - (1 - p_2(t))^N$$

و در نتیجه مقدار  $p_{33}$  از رابطه زیر حاصل خواهد شد.

(6)

$$p_{33} = 1 - p_{32} - p_{31} = (1 - p_1(t))^N + (1 - p_2(t))^N - 1$$

همچنین احتمال انتقال حداقل یکی از کروموزوم‌ها از مجموعه شماره

۲ به مجموعه شماره ۱ از طریق جستجوی محلی برابرست با:

(7)

$$p_{21} = p_2(t) + (1 - p_2(t)) * p_2(t) + \dots + (1 - p_2(t))^{N-1} * p_2(t) = 1 - (1 - p_2(t))^N$$

در نتیجه مقدار  $p_{22}$  هم از رابطه زیر بدست خواهد آمد.

$$p_{22} = 1 - p_{21} = (1 - p_2(t))^N$$

هر کروموزوم می‌تواند توسط جستجوی محلی یا جستجوی عمومی به بهینه سراسری همگرا شود. با توجه به بحث پاراگراف قبل،  $p^{ls} = p_3(t) * p_{21}$  و  $p^{gs} = p_2(t) * p_{21}$  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 ممtíک را می‌توان به ساز و کاری جهت تصمیم گیری برای انجام جستجوی محلی یا جستجوی عمومی در هر تکرار بسط داد. به عبارت دیگر، اگر احتمال رسانیدن یک کروموزوم به بهینه سراسری از طریق جستجوی محلی ( $p^{ls}$ ) بیشتر از احتمال رسانیدن آن به بهینه سراسری از طریق جستجوی عمومی ( $p^{gs}$ ) باشد، جستجوی محلی باید مورد استفاده قرار گیرد. بدین معنی که

$$p^{ls} \geq p^{gs} \Leftrightarrow p_2(t) * p_{21} \geq p_3(t) * p_{31}$$

در نتیجه، با توجه به رابطه‌های قبل به نامساوی زیر می‌رسیم.

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

در رابطه‌های بالا اگر  $a=b$  باشد، الگوریتم را  $L_{R-P}$ ، اگر  $a >> b$  باشد، الگوریتم را  $L_{R-P}$  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

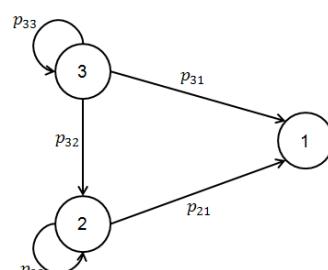
### ۳- معیار جدید جهت تعادل بین جستجوی عمومی و

#### محلي

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

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

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 کروموزمی در مجموعه نقاط شماره ۳ باشد، پس از اعمال جستجوی عمومی با احتمال  $p_{31}$  به مجموعه نقاط شماره ۱ (جواب مساله) خواهد رسید یا با احتمال  $p_{32}$  به مجموعه نقاط شماره ۲ منتقل خواهد شد و یا با احتمال  $p_{33}$  در همان مجموعه باقی خواهد ماند. همچنین اگر کروموزمی در مجموعه نقاط شماره ۲ باشد، پس از اعمال جستجوی محلی با احتمال  $p_{21}$  به مجموعه نقاط شماره ۱ (جواب مساله) منتقل خواهد شد و یا با احتمال  $p_{22}$  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 قرار گرفتن در مجموعه شماره ۳ صفر خواهد بود به عبارت دیگر ( $p_{23} = 0$ ). شکل ۲ مجموعه نقاط مختلف فضای جستجو و نحوه ارتباط بین آنها را نشان می‌دهد.



احتمال  $r_m$  عمل جهش بر روی فرزندان نسل جدید اعمال می‌گردد. در روش Crowding فرزندانی که دارای شایستگی بالاتر و فاصله اقلیدسی کمتری نسبت به والدین خود می‌باشند برای نسل بعد انتخاب می‌شوند. شایستگی کروموزوم  $CR^i$  یک تابع بیشنه‌سازی است که با  $(t)$   $GF^i(t)$  نمایش داده می‌شود و اصطلاحاً شایستگی ژنتیکی<sup>a</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 بر روی کروموزوم‌ها اعمال می‌شود. مم از  $n$  اتوماتان یادگیر تشكیل 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 قرار داشتن هر یک از  $m$  مقدار ژن مربوطه را نشان می‌دهد. احتمال اولیه انتخاب هر یک از اقدام‌های اتوماتان یادگیر مساوی و برابر مقدار  $1/m$  است. با اعمال جستجوی محلی بر روی کروموزوم‌ها و توجه حاصله، مقدار احتمال هر یک از اقدام‌های اتوماتان یادگیر بروز می‌شود. تاریخچه تأثیر جستجوی محلی در نسل  $t$  بوسیله بردارهای احتمال اتوماتان یادگیر واقع در مم نشان داده می‌شود (رابطه (۱۳)).

$$M(t) = [M_1(t), M_2(t), \dots, M_n(t)] \quad (13)$$

$$\text{و } M_j(t) = [M_{j1}(t), M_{j2}(t), \dots, M_{jm}(t)]' \quad \text{که در آن } \sum_{k=1}^m M_{jk}(t) = 1$$

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  $\alpha$  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>b</sup> کروموزوم  $\alpha$  گفته می‌شود که با  $(t)$   $MF^\alpha(t)$  نمایش داده می‌شود. پس از اعمال جستجوی محلی بر روی هر یک از کروموزوم‌ها، احتمال انتخاب هر یک از اقدام‌های اتوماتان 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 در اتوماتان مربوطه پاداش داده می‌شود و در غیر اینصورت جریمه می‌شود. از ترکیب شایستگی ممیکی و شایستگی ژنتیکی یک کروموزوم می‌توان به تابع دقیق‌تری برای انتخاب کروموزوم‌های نسل بعد دست یافت. این تابع که در شکل ۳ با  $G$  نشان داده است، شایستگی ترکیبی<sup>c</sup> نامیده می‌شود. به عبارت دیگر حاصل این تابع ترکیبی، نشان دهنده پتانسیل جستجوی عمومی و جستجوی محلی برای بهبود یک کروموزوم است. نتیجه آزمایش‌ها نشان می‌دهند که مقادیر  $GF^i(t) - 1$ ،  $GF^i(t) * MF^\alpha(t)$  و  $GF^i(t) * (1 - MF^\alpha(t))$  به ترتیب تخمین

$$p_2(t) * (1 - (1 - p_2(t))^N) \geq p_3(t) * (1 - (1 - p_1(t))^N) \quad (10)$$

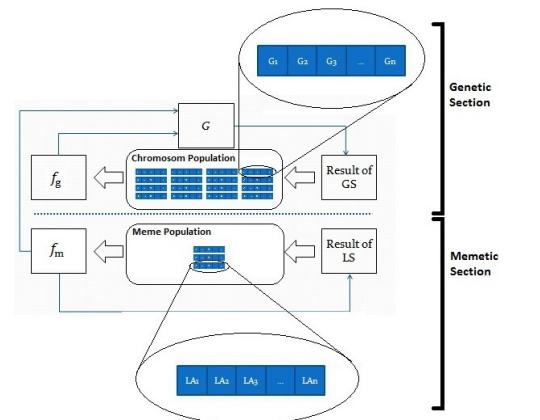
در یک حالت خاص، که تنها یک کروموزوم وجود داشته باشد، نامساوی قبل به شکل زیر تبدیل می‌شود:

$$p_2(t) * p_2(t) \geq p_1(t) * p_3(t) \quad (11)$$

به عبارت دیگر، در صورتیکه که نامساوی (۱۱) برقرار باشد، انجام جستجوی محلی مقرر به صرفه است. جهت استفاده از مدل ارائه شده، تعیین دقیق  $p_1(t)$ ،  $p_2(t)$  و  $p_3(t)$  مهمترین مساله می‌باشد. در بعضی از مسائل می‌توان با ارائه رابطه دقیقی، مقادیر مذکور را تعیین نمود و در مسائلی که نمی‌توان رابطه دقیقی ارائه نمود، بایستی این مقادیر را به صورت مناسب تخمین زد. در بخش‌های بعد نشان داده شده است که می‌توان از مدل LA-MA برای تخمین این مقادیر استفاده نمود.

#### ۴- مدل LA-MA

این مدل که در شکل ۳ نشان داده شده قبلاً توسط نویسنده‌گان ارائه شده است<sup>d</sup>.



شکل ۳ - شمای گرافیکی مدل LA-MA

این مدل از دو بخش ژنتیک و ممیک تشکیل شده است. 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  $CR^i$  به شکل زیر نمایش داده می‌شود.

(12)

$$CR^i = [CR_1^i, CR_2^i, \dots, CR_n^i]$$

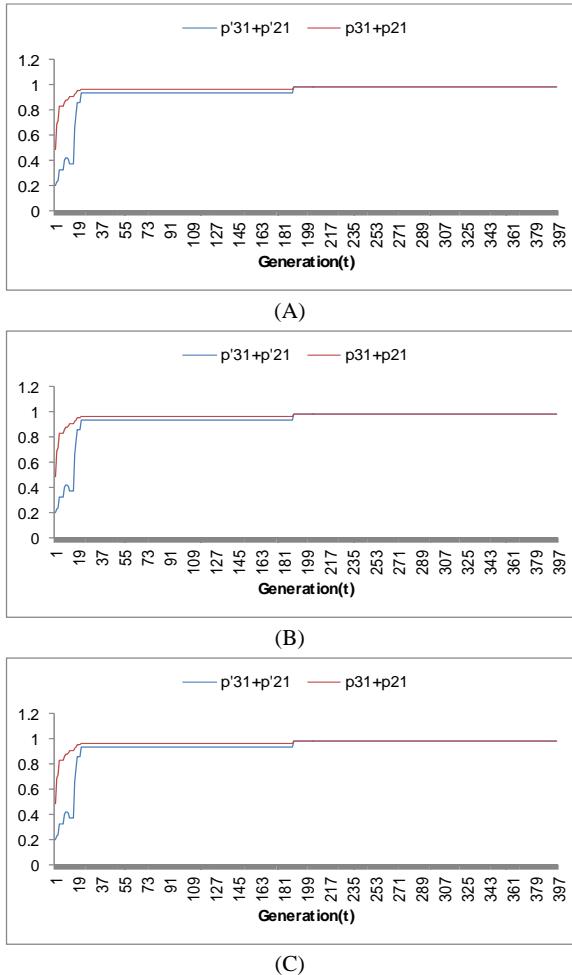
$CR_k^i$  مقدار تخصیص یافته به ژن  $k$  ام را نشان می‌دهد. جمعیت اولیه به صورت تصادفی تولید می‌شود. در بخش ژنتیکی مدل ارائه شده در هر نسل، کروموزوم‌ها از طریق مکانیزم تورنمنت، انتخاب شده و با احتمال  $r_c$  عمل بازترکیبی بر روی انجام می‌گیرند و با توجه به روش Crowding فرزندان نسل جدید انتخاب می‌شوند و سپس با

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

$$p'_{21} = \binom{n-k}{k-e_r} * \binom{k}{e_r} / \binom{n}{k} \quad (19)$$

که در آن  $e_r = \text{round}(e)$

هدف از انجام این آزمایش مقایسه مقدار تخمین زده شده احتمال رسیدن به نقطه بیشینه سراسری از طریق جستجوی محلی یا جستجوی عمومی ( $p_{31} + p_{21}$ ) و مقدار محاسبه شده احتمال رسیدن به نقطه بیشینه سراسری از طریق جستجوی محلی یا جستجوی عمومی ( $p'_{31} + p'_{21}$ ) می‌باشد. لازم به ذکر است که با توجه به مقادیر تخمین زده شده برای پارامترهای  $p_1(t)$  و  $p_2(t)$  و با توجه به رابطه‌های ۴ تا ۸ مقادیر  $p_{31}$  و  $p_{21}$  به ترتیب برابر با  $p_{31} = p_1(t)$  و  $p_{21} = p_2(t)$  خواهند بود. شکل ۵ نمودار مقادیر محاسبه شده  $p_{31} + p_{21}$  و  $p'_{31} + p'_{21}$  را در سه اجرای مختلف نشان می‌دهد.

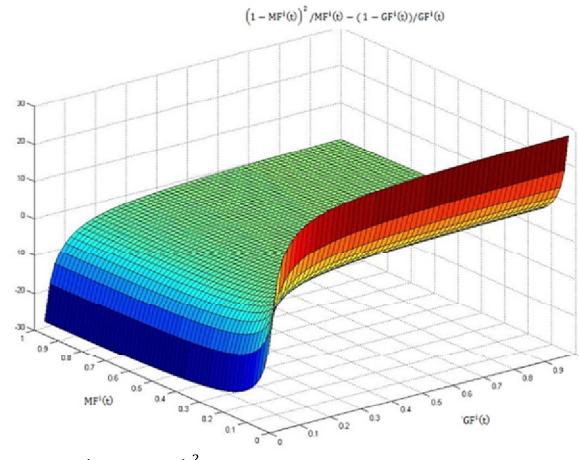


شکل ۵ - مقایسه مقادیر محاسبه شده ( $p_{31} + p_{21}$ ) و تخمین زده شده ( $p'_{31} + p'_{21}$ ) در سه اجرای مختلف

مناسی برای مقادیر پارامترهای  $(t)$ ،  $p_3(t)$  و  $p_2(t)$  می‌باشند. با توجه به این مقادیر نامساوی (۱۱) به شکل زیر تبدیل می‌شود.

$$(1 - MF^i(t))^2 / MF^i(t) \geq (1 - GF^i(t)) / GF^i(t) \quad (15)$$

شکل زیر نمودار رابطه (۱۵) را نسبت به  $MF^i(t)$  و  $GF^i(t)$  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.



شکل ۶ - نمودار  $(1 - MF^i(t))^2 / MF^i(t) \geq (1 - GF^i(t)) / GF^i(t)$

## ۵- نتیجه آزمایش‌ها

### مساله بیشینه سازی یک‌ها

در مساله بیشینه سازی یک‌ها هدف بیشینه کردن تعداد یک‌های رشته دودویی  $X$  است.

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

بگونه‌ای که  $x_i$  بیت  $i$ ام و  $n$  طول رشته  $X$  است و مقدار بیشینه سراسری برابر است با  $11\dots1$ .

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

$$p'_{31} = (1 - r_m)^{n-k} * (r_m)^k \quad (17)$$

به عبارت دیگر با توجه به مشخص بودن پارامترهای  $r_m$  و  $k$  احتمال انتقال از وضعیت از ۰ به وضعیت ۱ مطابق رابطه (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:

$$e = \sum_{i=0}^k i * \binom{n-k}{k-i} * \binom{k}{i} / \binom{n}{k} \quad (18)$$

شکل ۶- مقدار شایستگی و احتمال همگرایی هر یک از نقاط فضای جستجو توسط  
(A)  $t=5$ , (B)  $t=10$ , (C)  $t=50$  در نسل های LA-MA

### مساله تناظر گراف

یک گراف بوسیله عبارت  $G = (E, V)$  نمایش داده می شود که  $V$  مجموعه راس ها و  $E \subset V * V$  مجموعه یال ها می باشد. دو گراف  $G = (E_1, V_1)$  و  $H = (E_2, V_2)$  را را متناظر گویند، اگر و فقط اگر ماتریس های مجاور آنها  $M(G)$  و  $M(H)$  تنها در جابجایی تعدادی از سطرها و ستون هایشان با هم متفاوت باشند. وابستگی ماتریس های  $M(G)$  و  $M(H)$  تحت نکاشت  $\sigma$  مطابق با رابطه (۳۳) است.

$$M(H) = P * M(G) * P^T \rightarrow \quad (20)$$

به گونه ای که  $P$  ماتریس جایگشت، نگاشت  $\sigma$  است. اختلاف بین دو گراف با رابطه (۲۴) نشان داده می شود.

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

که در این رابطه  $\| \cdot \|$  نرم ماتریس بوده و مقدار آن از رابطه  $\| M \| = \sum_i \sum_j |m_{ij}|$  بدست می آید. لذا مساله تناظر گراف، به یک مساله بهینه سازی جهت یافتن جایگشت  $\sigma$  به منظور کمینه کردن  $J(\sigma)$  تبدیل خواهد شد.

خطای تناظر راس  $k$  در ماتریس  $G$  و راس  $\sigma(k)$  در ماتریس  $H$  به صورت زیر تعریف می شود:

$$(22)$$

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

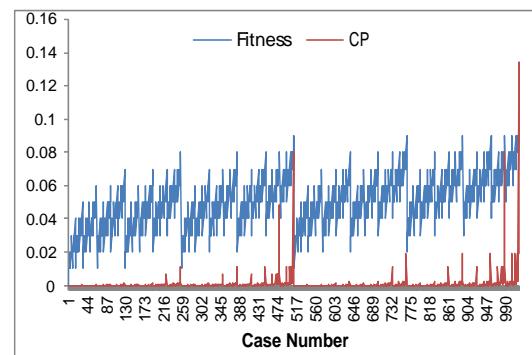
که در این رابطه  $n$  تعداد راس های  $G$  گراف است. در نتیجه خطای تناظر گراف را می توان به صورت زیر نوشت:

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

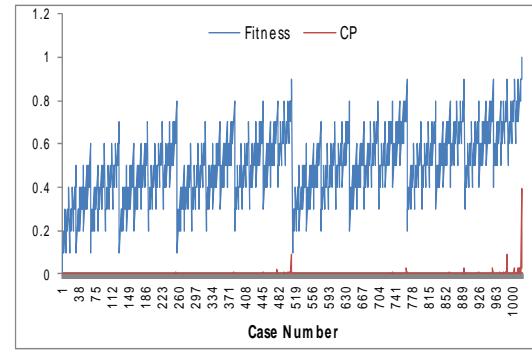
ما از رابطه  $(1 + J(\sigma))/1$  برای محاسبه مقدار شایستگی ژنتیکی استفاده نموده ایم.

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 مشکل 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]، VF2 [۱۴] و VF2 [۱۵] پیاده سازی شده اند. کد برنامه نویسی این الگوریتمها در <http://amalfi.dis.unina.it/graph> موجود می باشد. شکل ۷ متوسط تعداد فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم های VF2، VF، GA، Ullmann و LA-MA در ۵۰ اجرای مختلف را نشان می دهد. در این آزمایش از گراف های با تعداد راس ۱۰ تا

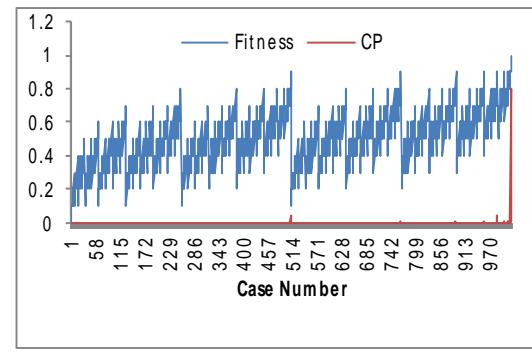
شکل ۶ شایستگی ژنتیکی (Fitness) و احتمال همگرایی فضای جستجوی مساله (CP) توسط LA-MA در نسل های ۱۰، ۵ و ۰ را نشان می دهد. شایستگی هر یک از نقاط فضای جستجو توسط نمودار Fitness و احتمال همگرایی هر مورد از فضای جستجو بوسیله نمودار CP نشان داده شده است. همانگونه که مشاهده می شود، در شکل (A) احتمال همگرایی همه نقاط فضای جستجو در نسل های اولیه جستجو برابر با ۰،۰ می باشد. این بدان معنی است که در نسل های 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 جستجو با میزان شایستگی آنها رابطه مستقیمی وجود دارد. در نسل ۱۰ نقاطی با احتمال همگرایی بالاتری ظاهر شده اند. و در نسل های پایانی (B) احتمال همگرایی بعلافتن از نقاط به ترتیب به بیش از ۰،۹ رسیده است.



(A)



(B)

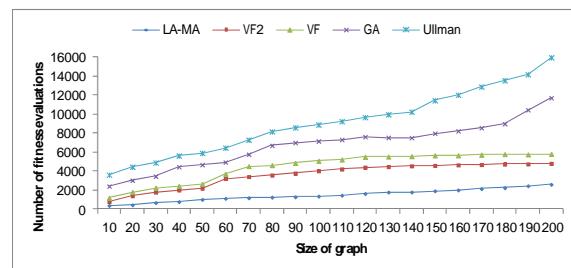


(C)

- [4] D. Whitley, V. Gordon, and K. Mathias, "Lamarckian evolution, the Baldwin effect and function optimization," *Parallel Problem Solving from Nature—PPSN III*, pp. 5-15, 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 *Evolutionary Computation (CEC), 2010 IEEE Congress on*, 2010, pp. 1-8.
- [6] N. Q. Huy, O. Y. Soon, L. M. Hiot, and N. Krasnogor, "Adaptive cellular memetic algorithms," *Evolutionary computation*, vol. 17, pp. 231-256, 2009.
- [7] W. E. Hart, and R. K. Belew, "Optimization with genetic algorithm hybrids that use local searches," in *Adaptive individuals in evolving populations* ed Boston: Addison-Wesley Longman Publishing Co., 1996, pp. 483-496.
- [8] M. Rezapoor M. and M. R. Meybodi, "LA-MA: A New Memetic Model based on Learning Automata," in *Proceeding of 18th National Conference of Computer Society of Iran*, Sharif University, Tehran, Iran, 2013.
- [9] 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.
- [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 IAPR TC-15 International Workshop on Graph-based Representations*, 2001, pp. 176-187.
- [13] 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.
- [14] J. R. Ullmann, "An Algorithm for Subgraph Isomorphism," *J ACM*, vol. 23, pp. 31-42, 1976.
- [15] L. P. Cordella, P. Foggia, C. Sansone, and M. Vento, "A (sub) graph isomorphism algorithm for matching large graphs," *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, vol. 26, pp. 1367-1372, 2004.

- <sup>a</sup> Genetic Fitness  
<sup>b</sup> Memetic Fitness  
<sup>c</sup> Hybrid Fitness  
<sup>d</sup> OneMax

۲۰۰ راس استفاده شده است. در گراف‌های کوچک ( $n < 50$ ), عملکرد الگوریتم‌های VF2 و LA-MA نسبت به سایر روش‌های مقایسه شده LA-AM بهتر است. در این دسته از گراف‌ها، عملکرد الگوریتم VF2 نزدیک به یکدیگر می‌باشد. اما در گراف‌های بزرگ ( $n > 50$ ) نزدیکی 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 قرار گرفتن در کمینه سراسری بیشتر می‌باشد. با توجه به انعطاف مدل LA-MA در جابجایی بین جستجوی عمومی و محلی، احتمال قرار گرفتن این روش در کمینه محلی کاهش می‌یابد و در نتیجه سرعت همگرایی بالاتری خواهد داشت.



شکل ۷ - مقایسه تعداد فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم‌های VF2, VF, GA, Ullmann.

## 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 ممتدیکی تشکیل شده است. 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 مقرنون 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 مساله بهینه‌سازی بیشینه سازی یک‌ها و تناظر گراف نشان داده شد. نتایج به دست آمده حاکی از برتری روش پیشنهادی نسبت به سایر روش‌های موجود است.

## ۷- 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*, 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, pp. 763-780, 2009.
- [3] M. Syrjakov and H. Szczerbicka, "Combination of direct global and local optimization methods," in *Evolutionary Computation, 1995., IEEE International Conference on*, 1995, p. 326.