

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

مهدى رضاپور ميرصالح<sup>۱</sup>، محمد رضا ميبدي<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امير كبیر، تهران، ايران  
mrezaipoorm@aut.ac.ir

<sup>۲</sup> دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امير كبیر، تهران، اiran  
mmeybodi@aut.ac.ir

## چکیده

یکی از روش‌های حل مسائل 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.

## كلمات کلیدی

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

بين جستجوی عمومی و محلی، لازمه داشتن یک الگوریتم ممتیک با حداقل 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 مفاهیم نظری 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 رشته‌ای 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 وضعیت-ها یکسان خواهد بود اما با نزدیک شدن احتمال هر کیو-بیت به ۰ یا ۱ بوسیله تغییرات ناشی از اعمال کیو-گیت، کروموزوم کیو-بیتی به وضعیت منحصر به فردی همگرا شده و تنوع کاهش می‌یابد.

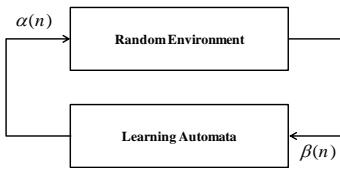
## ۱- مقدمه

الگوریتم‌های تکاملی، الگوریتم‌های قدرتمندی در جستجوی سراسری هستند. این الگوریتم‌ها دارای توانایی اکتشاف<sup>۱</sup> و بهره‌برداری<sup>۲</sup> در فضای مسئله می‌باشند. اکتشاف و بهره‌برداری دو هدف اساسی در جستجوها 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 لحظه مورد توجه است که به تلاش پیرامون یافتن بهترین جواب، برای یافتن پاسخ‌های بهتر می‌پردازد. الگوریتم‌های مناسب و کارایی زیادی وجود دارند که به این دو هدف توجه می‌کنند و هر دو را ارضاء می‌کنند. به این گونه از الگوریتم‌ها، روش‌های ترکیبی یا ممتیک گفته می‌شود [۲، ۱]. 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 برخلاف 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 تاظر گراف شرح داده شده و در ادامه به بررسی نتایج آزمایشات انجام شده و مقایسه آنها پرداخته شده است. در بخش آخر هم نتیجه‌گیری به عمل آمده است.

## ۲- اتوماتای یادگیر

اتوماتای یادگیر<sup>[۹]</sup> مашینی 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 اتوماتا بازگردانده می‌شود. مقدار این سیگنال در انتخاب اعمال بعدی تاثیر می‌گذارد. 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 می‌گیرد 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 سه‌تایی  $\langle \alpha, \beta, \gamma \rangle$  تعریف می‌شود که در آن  $\{\alpha_1, \dots, \alpha_r\} = \underline{\alpha}$  مجموعه ورودی‌ها،  $\{\beta_1, \dots, \beta_m\} = \underline{\beta}$  مجموعه مقادیر سیگنال تقویتی که توسط محیط تولید می‌شود و  $\{c_1, \dots, c_r\} = \underline{c}$  مجموعه‌ای از احتمال‌های تنبیه می‌باشد. هر  $c_i$  با  $\alpha_i$  رابطه دارد و در واقع  $c_i$ ‌ها مشخصات و رفتار محیط را تعریف می‌کند. اگر احتمال‌های تنبیه ثابت باشند، محیط را ایستا، و اگر در طول زمان تغییر کنند، محیط را غیر ایستا می‌نمند. برحسب نحوه تعریف مجموعه  $\beta$ ، 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 گسته یک مقدار از مقادیر محدود در فاصله [۰, ۱] را اختیار کند و در محیط از نوع S، سیگنال تقویتی متغیری تصادفی در فاصله [۰, ۱] است. اگر احتمال‌های جرمیه در طول زمان تغییر کنند، محیط را غیر ایستا و در غیر اینصورت ایستا می‌نامند. اتوماتاهای یادگیر به دو خانواده اتوماتاهای یادگیر با ساختار ثابت و اتوماتاهای یادگیر با ساختار متغیر دسته بندی می‌شوند. اتوماتاهای کرینسکی و کرایلو مثال‌هایی از اتوماتاهای با ساختار ثابت هستند. یک اتوماتای یادگیر با ساختار متغیر را می‌توان با یک سه‌تایی  $\langle \beta, \alpha, T \rangle$  نشان داد. که  $\underline{\alpha}$  مجموعه اقدام‌های مجاز برای اتوماتای یادگیر،  $\underline{\beta}$  مجموعه ورودی‌های اتوماتا و  $T$  الگوریتم یادگیری می‌باشد. الگوریتم یادگیری، رابطه‌ای تکراری است که برای تغییر بردار احتمال اقدام‌ها

در [۵] با ترکیب اتوماتای یادگیر و اتوماتای سلوی مدل جدید با نام اتوماتای یادگیر سلوی (CLA) معرفی شده است. یک اتوماتای سلوی است که یک یا چند اتوماتای یادگیر در هر سلوی آن قرار دارد لذا هر سلوی CLA دارای توانایی یادگیری و تعامل با سلووهای دیگر می‌باشد. در [۶, ۷] با ترکیب اتوماتای یادگیر سلوی و پردازش تکاملی، مدل جدیدی بنام CLA-EC برای حل مسائل بهینه‌سازی ارائه شده است. در این مدل، پارامترهای فضای جستجوی مسئله در قالب ژن‌ها در نظر گرفته می‌شوند. هر ژن دارای دو جزء مدل ژن و رشتہ ژن می‌باشد. مجموعه عمل‌های انتخاب شده توسط مجموعه‌ای از اتوماتاهای یادگیر، رشتہ ژن نامیده می‌شود. در هر سلوی با استفاده از یک قانون محلی یک سیگنال تقویتی تولید و به اتوماتای یادگیر آن سلوول اعمال می‌شود. اتوماتای یادگیر سلوول با دریافت این سیگنال تقویتی بردار احتمال عمل‌های خود را بروز می‌کند. سپس هر سلوول یک رشتہ ژنی جدید تولید کرده و مقدار شایستگی آنرا با مقدار شایستگی رشتہ‌ی قدیمی خود مقایسه می‌کند. اگر مقدار شایستگی رشتہ‌ی جدید بیشتر از رشتہ‌ی قدیمی باشد، رشتہ‌ی جدید جایگزین رشتہ‌ی ژنی قدیمی سلوول می‌شود. این فرآیند تا زمانی که شرط خاتمه ارضاء شود، ادامه می‌یابد. در [۸] یک مدل ترکیبی با نام CLA-DE جهت بهینه‌سازی عددی ارائه شده است. این مدل از ترکیب اتوماتای یادگیر سلوی و الگوریتم تکاملی تفاضلی (DE) تشکیل شده است. در این روش در هر سلوول از اتوماتای یادگیر سلوولی گروهی از اتوماتاهای یادگیر قرار داده شده است که نشان‌دهنده یک راه حل از مساله می‌باشد. در این مدل فضای جستجو به صورت پویا به بازه‌هایی تقسیم می‌شود و هر بازه به عنوان یک اقدام اتوماتا در نظر گرفته می‌شود. در هر مرحله با استفاده از راه حلی که در هر سلوول موجود است و وزنی از اختلاف آن با بهترین راه حل موجود یا راه حل‌های همسایه، راه حل جدیدی بدست می‌آید که در صورتی که شایستگی آن بهتر از راه حل قبلی باشد جایگزین آن می‌گردد.

در این مقاله یک مدل جدید ممتیکی به نام LA-MA ارائه شده است. این مدل از دو بخش ژنتیکی و بخش ممتیکی تشکیل شده است. بخش ژنتیکی شامل جمعیت کروموزوم‌ها، عملگرهای جهش و بازنترکیبی و تابع شایستگی می‌باشد و وظیفه جستجوی عمومی را بر عهده دارد. بخش ممتیکی شامل جمعیت ممها 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 مجموعه‌ای از اتوماتاهای یادگیر است که وظیفه یادگیری محلی را بر عهده دارند. میزان یادگیری محلی هر مم توسط پارامتری به نام شایستگی ممتیکی نشان داده شده است. در هر نسل پس از انجام جستجوی عمومی، جستجوی محلی بر روی کروموزوم‌های بخش ژنتیکی اعمال می‌شود، و با توجه به نتیجه بدست آمده شایستگی ممتیکی مم مربوطه بروز خواهد شد. از شایستگی ممتیکی جهت تعادل بین جستجوی عمومی و محلی و انتخاب نسل بعد استفاده شده است.

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

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  $r$  عمل بازترکیبی بر روی آنها انجام می‌گیرد و با توجه به مکانیزم Crowding فرزندان نسل جدید انتخاب می‌شوند و سپس با احتمال  $r_m$  عمل جهش بر روی فرزندان نسل جدید اعمال می‌گردد. شایستگی کروموزوم یکتابع بیشنده‌سازی است که با  $f_g$  نمایش داده می‌شود و اصطلاحاً شایستگی ژنتیکی<sup>۳</sup> به آن گفته می‌شود. لازم به ذکر است که مقیاس شایستگی ممتیکی به  $[1, 0]$  تغییر یافته است.

## ۲-۳- بخش ممتیک

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  $n$  اتماتای یادگیر تشکیل شده و هر اتماتای یادگیر دارای  $m$  اقدام است. (تعداد اقدام‌های اتماتاهای یادگیر با برای تعداد مقادیر ممکن زن‌ها است). هر اتماتاً دارای یک بردار احتمال  $m$  تایی است که احتمال قرار داشتن هر یک از  $m$  مقدار زن مربوطه را نشان می‌دهد. احتمال اولیه انتخاب هر یک از اقدام‌های اتماتاهای 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 اتماتاهای 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 زن 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  $i$  پس از اعمال مم  $\alpha$  توسط جستجوی محلی  $\beta$  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 ممتیکی<sup>۴</sup> 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 اتماتاهای یادگیر بروز می‌شود. بدینصورت که اگر مقدار یک زن قبل و بعد از اعمال جستجوی محلی مقدار یکسانی داشته باشد، اقدام متناسب با آن مقدار

استفاده می‌شود.  $\alpha \in \alpha$  اقدام انتخاب شده توسط اتماتا 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 اتماتا انتخاب می‌شود. در لحظه  $k$  اگر اقدام انتخاب شده  $(k_i)$  با توسط محیط پاداش بگیرد بردار احتمال  $P(k)$  توسط الگوریتم یادگیری خطی رابطه (1) بروز می‌شود و در صورتی که جریمه شود توسط رابطه (2) تغییر می‌کند.

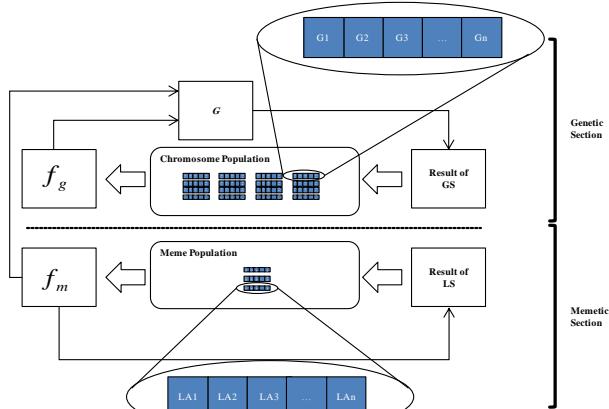
$$P_j(n+1) = \begin{cases} P_j(n) + a[1 - P_j(n)] & j=i \\ (1-a)P_j(n) & \forall j, j \neq i \end{cases} \quad (1)$$

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

در رابطه‌های بالا اگر  $a=b$  باشد، الگوریتم را  $L_{R-P}$  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 ممتیک تشکیل شده است. بخش ژنتیک شامل جمعیت کروموزوم‌ها، عملگرهای جهش و بازترکیبی و تابع شایستگی می‌باشد. در بخش ممتیک، 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 - شماتی 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  $n$  زن تشکیل شده و هر زن 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 مقرر شده 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 است. لازم به ذکر است که در این مرحله کروموزوم  $CR_j$  بدون تغییر خواهد ماند.

در سطر ۱۲، بردار احتمال اتماتاهای یادگیر مربوط به مم  $i$  ام با توجه به مقادیر  $CR_j$  و  $NewCR$  بروزرسانی می‌شود. اگر مربوط به مم  $i$  پاداش داده خواهد شد و در غیر اینصورت جرمیه می‌شود.

در سطر ۱۶، مقدار شایستگی تکیبی، با توجه به رابطه  $G(f_g, f_m) = w_1 f_g + w_2 f_m$  محاسبه می‌شود. در این رابطه وزن‌های شایستگی ژنتیکی و ممتیکی 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  $G = (E_2, V_2)$  را متناظر گویند، اگر و فقط اگر ماتریس‌های مجاور آنها  $M(G)$  و  $M(H)$  تنها در جایجایی تعدادی از سطرها و ستون‌هایشان با هم متفاوت باشند. وابستگی ماتریس‌های  $M(H)$  و  $M(G)$  تحت نگاشت  $\sigma$  مطابق با رابطه (6) است.

$$M(H) = P \cdot M(G) \cdot P^T \rightarrow \quad (6)$$

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

به گونه‌ای که  $P$  ماتریس جایگشت، نگاشت  $\sigma$  است. اگر اختلاف بین دو گراف را با رابطه (7) نشان دهیم (که در این رابطه  $\|M\| = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n |m_{ij}|$  بدست می‌آید)، مساله تناظر گراف، به یک مساله بهینه سازی جهت یافتن جایگشت  $\sigma$  به منظور مینیمم کردن  $J(\sigma)$  تبدیل خواهد شد.

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

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

در اتوماتای مربوطه پاداش داده می‌شود و در غیر اینصورت اقدام مربوط به مقدار قبیل از تغییر ژن جرمیه 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 ممتیکی 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<sup>۵</sup> 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  $PM(t) = \{M'_1, M'_2, \dots, M'_L\}$ ;
3.   Initialize  $CR(t) = \{CR'_1, CR'_2, \dots, CR'_N\}$ ;
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.           $NewCR =$  Perform ith 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, Ch.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 - شبیه 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  $PM(t) = \{M'_1, M'_2, \dots, M'_L\}$  است، که  $L$  اندازه جمعیت مم‌ها است و  $M'_i$  مم متناسب با جستجوی محلی  $i$  است که مطابق رابطه (1) تعريف شده است. همچنین  $CR(t) = \{CR'_1, CR'_2, \dots, CR'_N\}$  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  $p_{kji}^t$  از هر  $M_i^t$  با مقدار  $\frac{1}{m}$  مقداردهی اولیه می‌شوند. (  $k = 1, \dots, m$ ,  $j = 1, \dots, n$ ,  $i = 1, \dots, L$  ).

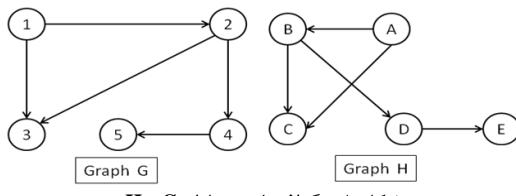
در سطر ۳، همه  $CR_i(k)$  از هر  $k = 1, \dots, n$ ,  $i = 1, \dots, N$  با یک مقدار تصادفی بین  $[1, m]$  مقداردهی اولیه می‌شوند.

در سطر ۸، مقدار شایستگی ممتیکی مم  $M_i$  بر روی کروموزوم  $CR_j$  محاسبه می‌شود. احتمال همگرایی کروموزوم  $j$  به  $p_2^t$  بهینه سراسری توسط مم  $i$  در نسل  $t$  را نشان می‌دهد.

احتمال قرار گرفتن این روش در می‌نیم محلی کاهش می‌یابد و در نتیجه سرعت همگرایی بالاتری خواهد داشت.

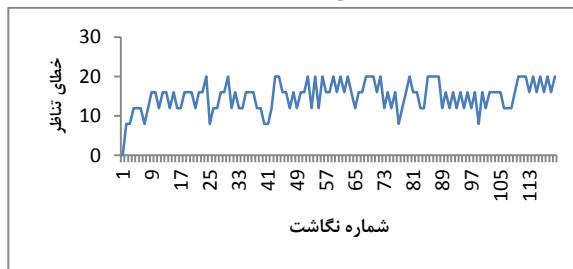
## ۲- آزمایش ۲:

یکی از مهمترین مزایای روش ارائه شده، همگرایی الگوریتم به نقاطی است که دارای خطای تناظر کم و شاهد 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 نموده‌ایم. هر یک از دو گراف مذکور دارای ۵ راس بوده و در نتیجه می‌توان ۱۲۰ نگاشت مختلف را بین راس‌های 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 تناظر G و H

شکل ۶ میزان خطای تناظر نگاشتهای مختلف دو گراف را نشان می‌دهد. نگاشت شماره ۱ که نمایشگر تناظر ۱،(A),(2,B),(3,C),(4,D),(5,E) می‌باشد دارای خطای صفر بوده و تنها می‌نیم سراسری فضای جستجوست. سایر نگاشت‌ها دارای خطای تناظر بزرگتر از صفر می‌باشند.



شکل ۶- فضای جستجوی نگاشتهای مختلف گرافهای G و H

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

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

n تعداد راس‌های G گراف است. در نتیجه خطای تناظر گراف را می‌توان به صورت زیر نوشت:

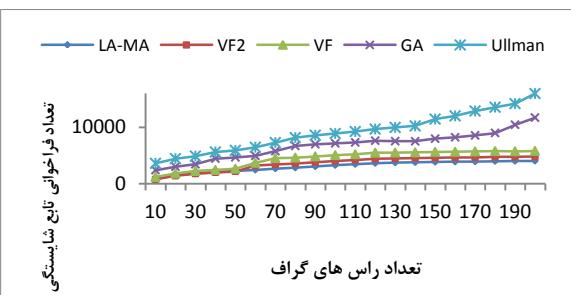
$$J(\sigma) = \sum_{k=1}^n J_k(\sigma) \quad (9)$$

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

## ۵- نتایج آزمایش‌ها

### ۱- آزمایش ۱:

هدف از انجام این آزمایش بررسی عملکرد مدل LA-MA برای حل مساله تناظر گراف در مقایسه با سایر روش‌های مشهور حل این مساله می‌باشد. در این آزمایش از پایگاه داده‌ای که مشتمل از ۱۰۰۰۰ زوج گراف متناظر می‌باشد، استفاده شده است. شرح جزئیات این پایگاه داده استاندارد در [۱۲] آمده است. جهت انجام این آزمایش، الگوریتم‌های ژنتیک [۱۳]، VF2 [۱۴] و VF [۱۵] Ullmann پیاده سازی شده‌اند. کد برنامه نویسی این الگوریتم‌ها در شکل ۴ متوضع شده‌اند. کد برنامه نویسی این الگوریتم‌ها در شکل ۴ فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم‌های VF2، VF، GA و LA-MA در ۵۰ اجرای مختلف را نشان می‌دهد.



شکل ۷- مقایسه تعداد فراخوانی تابع شایستگی در الگوریتم‌های VF2، VF، GA و LA-MA برای گراف‌های مختلف

در این آزمایش از گراف‌های با تعداد راس ۱۰ تا ۲۰۰ راس استفاده شده است. در گراف‌های کوچک ( $n < 50$ )، عملکرد الگوریتم‌های VF2 و LA-MA نسبت به سایر روش‌های مقایسه شده بهتر است. در این دسته از گراف‌ها، عملکرد الگوریتم VF2 و LA-MA بزرگ نزدیک به یکدیگر می‌باشند. اما در گراف‌هایی بزرگ ( $n > 50$ ) نرخ همگرایی 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 می‌نیم سراسری همگرا بیشتر می‌باشد. با توجه به انعطاف مدل LA-MA در جایجایی 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 J.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, 2012/04.۲۰ ۱۲۰ ۱/
- [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.

## زیرنویس‌ها

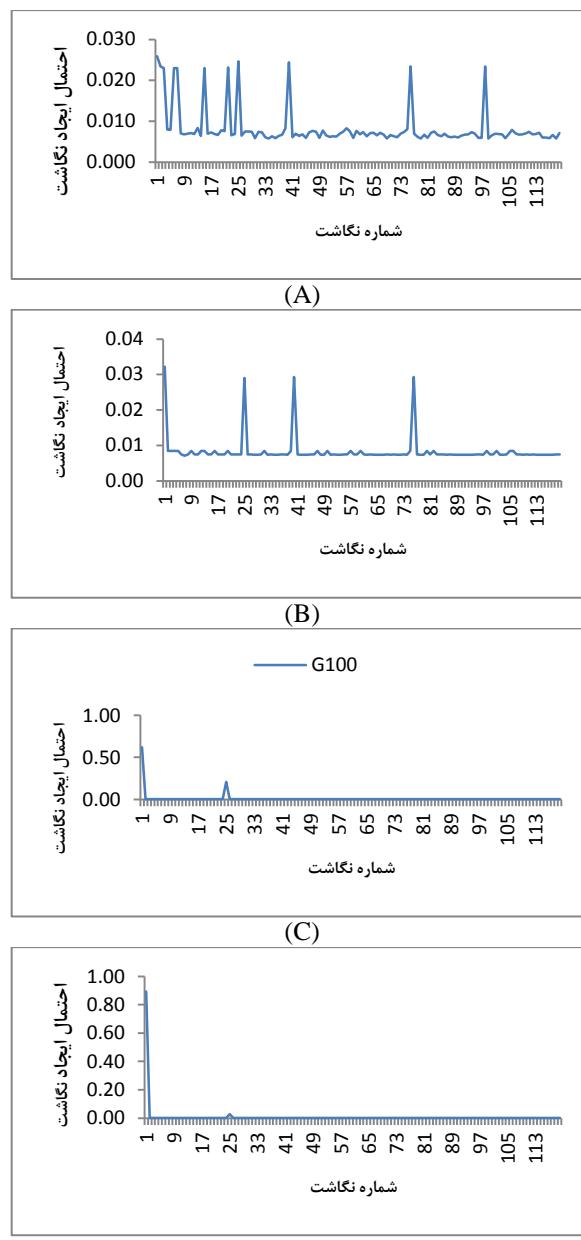
<sup>۱</sup> Exploring

<sup>۲</sup> Exploiting

<sup>۳</sup> Genetic Fitness

<sup>۴</sup> Memetic Fitness

<sup>۵</sup> Hybrid Fitness



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

## ۶- نتیجه گیری

در این مقاله مدل جدید ممتیکی LA-MA ارائه شد. در این روش، یک الگوریتم ممتیک در دو بخش کاملاً جدا چهت انجام جستجوی محلی و عمومی مدل شده است. چهت بازنمایی احتمالاتی مم از مجموعه‌ای از اوتوماتاهای یادگیر استفاده شده است. در این مدل جمعیت کروموزم‌ها، جمعیت مم‌ها نیز تکامل می‌یابند. در این مدل مفاهیم شایستگی ممتیکی و شایستگی ژنتیکی چهت نمایش میزان اثربخشی فرآیندهای تکامل و یادگیری محلی تعریف شدند و با ترکیب آنها، تابع جدیدی چهت 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.