دانشگاه صنعتی امیرکبیر

کنفرانس پردازش سیگنال و سیستم های هوشمند

۲۵ و ۲۶ آذرماه ۱۳۹۴

قطب علمی سامانه‌های پردازش دیجیتال

ارائه الگوریتم ترکیبی مبتنی بر الگوریتم‌های فرهنگی، پیتسبورگ و میشیگان

ناصر سیه چهره خلردی [۱]، محمدرضا میبدی [۲]، مهدی رضاپور میرصالح [۳]

[۱] دانشجوی کارشناسی ارشد مهندسی نرم‌افزار، دانشگاه آزاد قزوین
nasser_s[۱]@yahoo.com
[۲] دانشکده مهندسی کامپیوتر و فن‌آوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیرکبیر
mmeybodi@aut.ac.ir
[۳] دانشجوی دکترای مهندسی نرم‌افزار، دانشگاه صنعتی امیرکبیر
mmrezapour@aut.ac.ir

چکیده

یکی از روش‌های حل مسائل بهینه‌سازی، استفاده از الگوریتم‌های فرااکتشافی است. در برخی از مسائل بهینه‌سازی با افزایش ابعاد کروموزوم‌ها هزینه‌ی محاسبات الگوریتم‌های فرااکتشافی افزایش پیدا کرده و در نتیجه ممکن است جواب‌های بهینه قابل قبولی را ارائه نکنند، و یا کُند شوند.
برای حل مسائل بهینه‌سازی با ابعاد زیاد، می‌توان از منطق الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان استفاده نمود. الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان در حوزه های مختلفی به کار گرفته‌شده است. در این مقاله، یک روش جدید ترکیبی مبتنی بر الگوریتم‌های فرهنگی، پیتسبورگ و میشگان ارائه‌شده است.
روش پیشنهادی از دو فاز تشکیل‌شده است. فاز اول کروموزوم‌های جمعیتی توسط الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان، گروه‌بندی، شاخص گذاری و سگمنت بندی می‌شود، در فاز دوم، توسط الگوریتم فرهنگی، فرهنگ به‌وسیله منابع موجود در فضای باور شبیه‌سازی می‌شود. روش ترکیبی ارائه‌شده، با سایر روش‌ها مقایسه شده است. نتایج حاصل‌شده، برتری قابل‌توجهی را با سایر الگوریتم‌ها به دست آورده است.

کلمات کلیدی

الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان، سگمنت‌بندی، گروه‌بندی، الگوریتم فرهنگی، گروه کامل

۱ – مقدمه

یکی از اساسی‌ترین اصول در جهان، جستجوی یک وضعیت بهینه است. در وضعیت بهینه سعی بر این است، راه‌حل به سمتی رود تا کمینه‌ترین یا بیشینه‌ترین نتایج نسبت به سایر جواب‌ها به دست آید.
یک مدل بهینه‌سازی به‌طورکلی دارای سه بخش تابع هدف، محدودیت‌ها و متغیرهای تصمیم‌گیری می‌باشد. به‌طور خلاصه می‌توان گفت در ریاضیات، مسائل بهینه‌سازی به دنبال حداقل و یا حداکثر نمودن یک تابع حقیقی (تابع هدف) از طریق جستجوی سامانمند مقادیر متغیرهای حقیقی یا متغیرهای تصمیم از یک بازه مجاز می‌باشد. الگوریتم‌های زیاد و کارایی برای این منظور ارائه‌شده است که اغلب آن‌ها برای شروع، مقادیری تصادفی تولید نموده و سپس آن‌ها را به‌صورت تکراری تصحیح می‌کنند. در طول این تکرارها امکان از دست دادن دوباره راه‌حل وجود دارد؛ بنابراین آن‌ها این راه‌حل‌ها را در مجموعه‌ای که موسوم به مجموعه جواب‌های بهینه است، نگهداری می‌کنند. ابعاد کروموزوم‌های در مسائل بهینه‌سازی متفاوت می‌باشد، هرچه ابعاد کروموزوم‌ها افزایش پیدا کند، پیچیدگی محاسباتی سیستم افزایش پیداکرده، درنتیجه زمان اجرای برنامه کُند می‌شود. یا حتی ممکن است، به جواب‌های قابل قبولی دست پیدا نکنند.

۱-۱- مروری بر روشهای دیگران

در [۱] از ترکیب سیستم‌های فازی خبره، برنامه‌نویسی ژنتیک و الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشیگان، توسط H.Mallinson و دیگران ارائه‌شده است. ابتدا، به‌وسیله‌ی الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان کروموزوم‌ها به‌صورت تصادفی مقداردهی اولیه شده، سپس با استفاده از الگوریتم برنامه‌نویسی ژنتیکی بهترین کروموزوم‌ها کشف می‌شوند. ضعف روش ارائه‌شده، هوشمند نبودن تخصیص مقدار اولیه به فضای مسئله می‌باشد.

در [۲] روشی برای تقسیم کروموزوم، توسط R.Sivaraj و T.Ravichandran ارائه‌شده است. در این روش، ابتدا طول هر کروموزوم به ژن‌هایی تقسیم می‌شوند یعنی، i- تای اول ژن، در گروه اول، i- تای بعدی ژن، در گروه دوم و الی‌آخر ادامه پیدا می‌کند. سپس برازش هر گروه محاسبه‌شده و بهترین راه‌حل‌ها از بین گروه‌های کشف می‌شوند. سپس اپراتورهای ژنتیکی روی آن‌ها اعمال‌شده، سپس باهم ترکیب می‌شوند. این روند تا رسیدن به جواب بهینه ادامه پیدا خواهد کرد. ایراد این روش این است که محاسبه‌ی برازش همه‌ی گروه‌ها، باید به‌صورت موازی انجام شود. درنتیجه پیچیدگی پیاده‌سازی آن افزایش پیدا می‌کند.

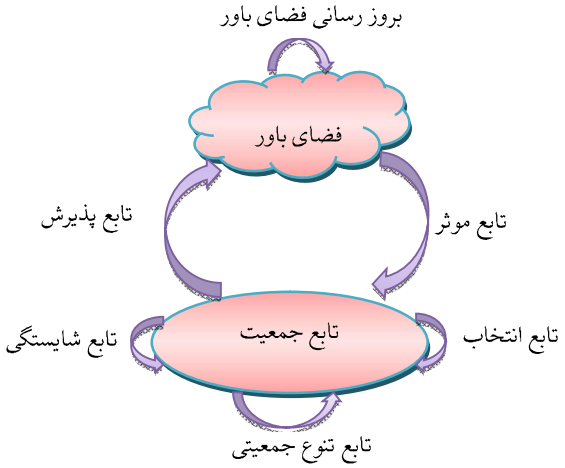
در این مقاله، یک الگوریتم ترکیبی مبتنی بر الگوریتم‌های فرهنگی، پیتسبورگ و میشگان پیشنهاد می‌گردد که از دو فاز تشکیل‌شده است. فاز اول کروموزوم‌های جمعیتی توسط الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان، گروه‌بندی، شاخص گذاری و سگمنت بندی می‌شوند. سپس کروموزوم‌های گروه‌بندی‌شده تشکیل گروه کامل را می‌دهند. الگوریتم پیشنهادی وارد فاز دوم می‌شود. فاز دوم، توسط الگوریتم فرهنگی، گروه‌های کامل به‌وسیله منابع دانش موقعیتی و هنجاری موجود در فضای باور فرهنگ شبیه‌سازی می‌شود. درباره‌ی الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان در بخش ۳ به آن‌ها پرداخته خواهد شد. الگوریتم پیشنهادی بر روی معروف‌ترین بنچمارک‌های استاندارد [٤] همچون تابع اسفیر، روزنبراك و رستریجن ارزیابی‌شده، سپس با روش‌های MPSO، LPSO، HPSO و LNAFSA [۹] مقایسه شده است. نتایج آزمایش‌ها نشان داده که الگوریتم پیشنهادی از کارایی قابل قبولی برخوردار است.

ادامه این مقاله، بدین‌صورت سازمان‌دهی شده است: در بخش دوم، الگوریتم‌های فرهنگی و قسمت‌های مختلف آن پرداخته می‌شود. در بخش سوم مروری بر الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان می‌پردازیم، همان‌گونه که بیان شد تحقیق و بررسی برای الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان در حوزه‌ی سیستم‌های فازی، داده‌کاوی، سیستمهای دسته-بندی می‌باشد. در بخش چهارم تعاریف اولیه و اصطلاحات خواهیم پرداخت. در بخش پنجم الگوریتم پیشنهادی مطرح می‌گردد. در بخش ششم نتایج آزمایش‌ها مورد بررسی قرار می‌گیرند و بخش نهایی به بیان نتیجه‌گیری می‌پردازد.

۲- الگوریتم فرهنگی

الگوریتم‌های فرهنگی یکی از الگوریتم‌های بهینه‌سازی است که توسط Reynolds ارائه‌شده است[۳]. کاربردهای مختلفی در بهینه سازی، پردازش تصویر ، شبکه های اجتماعی [۱۱] و غیره دارد. الگوریتم فرهنگی یک سیستم دو جمعیتی بوده که با دو فضای جستجو ارائه‌شده است. سیستم دو جمعیتی شامل، فضای جمعیت[۱] و فضای باور[۲] بوده و فرهنگ فضای جمعیت در آن شبیه‌سازی می‌شود.فضای باور اطلاعات فرهنگ افراد را مدل می‌کند. هر دو فضا به‌صورت موازی باهم تعامل داشته و از هم تأثیر می‌پذیرند. برای ارتباط دادن بین این دو فضا دو پروتکل ارتباطی تعریف می‌شود. ابتدا، گروهی از افراد برای شکل دادن فضای باور انتخاب می‌شوند. سپس، روشی برای تأثیر این فضای باور بر روی تولید افراد جدید در فضای جمعیت است.

اجزای الگوریتم فرهنگی عبارت‌اند از: فضای جمعیت، فضای باور، تابع پذیرش و تابع تأثیر که هرکدام در بخش آینده شرح داده خواهد شد. برای درک بیشتر الگوریتم شبه کد و چارچوب آن در شکل (۱) و (۲) نشان داده‌شده است.



شکل (۱): چارچوب الگوریتم فرهنگی

```
Begin
 t=۰;
 Initialize Population Space POP(t);
 Initialize Belief Space BLF(t);
 Repeat
      Evaluate Population POP(t);
      Update(BLF(t), Acceptance (POP(t)));
      Variation(POP(t), Influence(BLF(t)));
       t=t+۱;
      Select POP(t) from POP(t-۱);
   Until termination condition achieved;
End
```

شکل(۲): شبه کد الگوریتم فرهنگی استاندارد

۲-۱- فضای جمعیت

این فضا درواقع فضای اصلی جمعیت بوده و با مقداردهی اولیه کار خود را شروع کرده، سپس افراد فضای جمعیت ارزیابی و انتخاب می-شوند. همچنین، فرهنگ استخراج‌شده از فضای باور در این فضا تأثیر و ذخیره می‌گردد.

۲-۲- فضای باور

در فضای باور، تجربیات عمومی شده افراد خوب از فضای جمعیتی به‌دست‌آمده و این تجارب در طی نسل و نسل‌های بعدی شکل‌گرفته و

ذخیره می‌شوند[۵،۳]. دانش‌های مختلفی فضای باور را تشکیل داده، که به شرح زیر است:

- دانش موقعیتی[۳]
- دانش هنجاری[۴]

دانش‌های دیگری نیز به مرور برای کاربردهای مختلف مطرح‌شده[٦]، ولی در این مقاله از دانش‌های ذکرشده استفاده می‌شود.

۲-۲-۱- دانش موقعیتی

این قسمت از دانش برای بهینه‌سازی توابع اعداد حقیقی در محیط‌های ایستا معرفی شد. در واقع شامل تعدادی از افراد خوب بوده که بهترین آن‌ها برای تأثیرگذاری در تولید نسل بعدی، در نظر گرفته می‌شود.

۲-۲-۲- دانش هنجاری

این دانش، مجموعه بازه‌های خوب و امیدبخش که از زیرگروه‌های کامل خوب استخراج‌شده، برای هر بعد از مسئله نگهداری می‌کند. طبق رابطه زیر تعریف می‌شود:

$$N\ (t) = \{X_i, \ldots, X_D\} \qquad (۴)$$

بطوریکه، D معرف تعداد ابعاد مسئله است. همچنین Xi به‌صورت رابطه زیر است:

$$Xi = [l_i u_i \qquad L_i U_i] \qquad (۵)$$

در اینجا، li و ui به ترتیب حد بالا و حد پایین بعد i-ام هستند. Li و Ui مقدار تابع شایستگی در آن حدود است[۵].

دانش معیار طبق رابطه زیر بروز می‌شود.

$$l_i(t+1) = \begin{cases} X_{j,i} \text{if } X_k, i \pounds u_i(t) \text{ Or } f(\overline{X_k}) < L_i(t) \\ l_i(t) \qquad \text{Otherwise} \end{cases} \qquad (۶)$$

$$u_i(t+1) = \begin{cases} X_{k,i} \text{if } X_{k,i} {}^3 u_i(t) \text{ Or } f(\overline{X_k}) < U_i(t) \\ u_i(t) \qquad \text{Otherwise} \end{cases} \qquad (۷)$$

$$L_i(t+1) = \begin{cases} f(\overline{X_j}) if \ \ X_{j,i} \geq l_i(t) \text{ Or } f(\overline{X_j}) < L_i(t) \\ L_i(t) \qquad \text{Otherwise} \end{cases} \qquad (۸)$$

$$U_i(t+1) = \begin{cases} f(\overline{X_k}) \text{if } X_{k,i} {}^3 u_i(t) \text{ Or } f(\overline{X_k}) < U_i(t) \\ U_i(t) \qquad \text{Otherwise} \end{cases} \qquad (۹)$$

۲-۳- تابع پذیرش

این تابع افراد شایسته را در هر نسل برای شکل‌دهی فضای باور، انتخاب می‌کند. در مرجع [۱۰]، تعداد افراد انتخابی به‌صورت پویا طبق رابطه زیر ارائه شد:

$$n_B(t) = \left\lceil \frac{n_s \gamma}{t} \right\rceil \qquad (۱۰)$$

که در آن γ پارامتر تجربی است. در این مقاله، ۰/۳۵ فرض شده است. t نشان‌دهنده‌ی شمارنده نسل و نیز کل n_s فضای جمعیت است.

۲-٤- تابع تأثیر

برای تغییر دادن افراد و نزدیک کردن آن‌ها به بهینه سراسری در فضای باور ارائه‌شده است. این تغییرات با استفاده از تابع تأثیر، تحقق می‌یابد[۳]. فضای باور با استفاده از تابع تأثیر بر روی فضای جمعیت تأثیر می‌گذارد، این تأثیر از دو راه ممکن است:

- اندازه گام
- اندازه جهت

۳- الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان

الگوریتم میشیگان، ساده و بدون پیچیدگی، طول کروموزوم‌های آن کوچک و همچنین هر کروموزوم نشان‌دهنده‌ی یک‌قسمتی از جواب مسئله می‌باشد. مزیت این الگوریتم این است که عملیات ژنتیکی راحت و بدون پیچیدگی انجام‌شده و قابلیت جستجوی بالایی برای پیداکرده جواب‌ها دارد. عیب این الگوریتم این است، قسمتی از جواب‌ها در کروموزوم‌های مختلف می‌باشد ارزیابی آن‌ها سخت و مشکل می‌باشد. همچنین برای ترکیب کروموزوم‌های مختلف از کارایی بالایی برخوردار نمی‌باشد[۱].

الگوریتم پیتسبورگ پیچیده، طول کروموزوم‌های آن بزرگ و همچنین هر کروموزوم یک جوابی از مسئله می‌باشد؛ یعنی کروموزوم‌های انتخاب‌شده به‌راحتی به‌عنوان یک‌راه حل کامل ارزیابی می‌شوند. همچنین تا حدودی نیازمند آن است که عملیات ژنتیکی با زحمت بیشتری انجام شود [۸].

٤- تعاریف

قبل از شرح الگوریتم پیشنهادی، اصطلاحات جدید را معرفی خواهیم نمود:

٤-۱- سگمنت

به مجموعه زیر کروموزوم‌های هم شماره در همه کروموزوم‌های جمعیت یک سگمنت گفته می‌شود. اگر هر کروموزوم به NS[۸] زیر کروموزوم تقسیم شود، جمعیت شامل NS سگمنت خواهد بود.

٤-۲- زیرکروموزوم

هر کروموزوم به NS بخش مساوی تقسیم می‌شود که به هر بخش یک زیر کروموزوم گفته‌شده و با نماد SCR[۵] نمایش داده می‌شود. هر زیر کروموزوم از ۱ تا NS شماره‌گذاری می‌شوند.

٤-۳- گروه

هر زیرمجموعه n عضوی از زیر کروموزوم‌های یک سگمنت، تشکیل یک گروه از زیر کروموزوم می‌دهد.

٤-٤- گروه کامل

انتخاب گروه‌های مرتب‌شده غیرتکراری با بالاترین شایستگی بطوریکه گروه‌های منتخب از شماره سگمنت‌های متفاوت باشند، تشکیل گروه کاملی را می‌دهند و با نماد CG[۶] نشان داده‌شده است.

۵- الگوریتم پیشنهادی

الگوریتم پیشنهادی به PMCA[۷] نام‌گذاری شده است. این الگوریتم از دو فاز تشکیل‌شده است. در فاز اول به‌وسیله الگوریتم پیتسبورگ، کروموزوم‌های فضای جمعیت به‌صورت عرضی گروه‌بندی‌شده و سپس به هر گروهایی یک عدد منحصربه‌فردی تخصیص داده می‌شود. سپس به‌وسیله الگوریتم میشگان، کروموزوم‌های گروه‌بندی‌شده، به‌صورت طولی سگمنت‌بندی می‌شوند. سپس هر سگمنت شاخص گذاری می‌شوند. فضای باور مقداردهی اولیه می‌شود. شایستگی گروه‌های سگمنت‌بندی شده محاسبه می‌شوند. فاز دوم، به‌وسیله الگوریتم فرهنگی گروه‌هایی که دارای شایستگی بالایی هستند و شماره گروه‌ها و سگمنت‌های آن‌ها متفاوت است، تشکیل گروه کامل را می‌دهند. سپس توسط پارامتر $n_B(t)$ ، تعداد گروه‌های کامل محاسبه می‌شود. گروه‌های کامل پذیرش‌شده، همزمان دانش‌های معیار و هنجاری فضای باور را بروز می‌کنند. دانش‌های معیار به‌وسیله‌ی الگوریتم پیتسبورگ و هنجاری به‌وسیله میشگان بروز می‌شوند. اگر گروه کامل جدید نسبت به فرهنگ استخراج‌شده برتری داشت، گروه کامل جدید پذیرفته‌شده و آخرین گروه کامل پذیرفته‌شده‌ی فضای باور حذف خواهد شد. این عمل به ازای پارامتر $n_B(t)$ انجام خواهد شد. سپس طبق رابطه‌ی (۱۱)، به ازای همه‌ی گروه‌ها در فضای جمعیت گروه‌بندی‌شده، تأثیر داده می‌شود. در پایان هر تکرار فاز اول الگوریتم پیشنهادی تکرار می‌گردد. الگوریتم پیشنهادی در شکل (۳) آمده است.

```
Begin
 For each group j
Begin
 t = ۰;
     Initialize Population POP(j,t);
     Initialize Belief space BLF(j,t);
     Evaluate Population POP(j,t);
 repeat
     Communicate (POP(j,t), BLF(j,t));
     Adjust Belief space BLF(j,t);
     Communicate (BLF(j,t), POP(j,t));
 Apply Acceptance Funaction to selected best complate Groups
 For Update beleif space(t);
 Select best Complate Groups from POP(j,t);
 Evaluate Select best Complate_Groups(i);
 Selaction Best Complate_Groups(i);
    Inflance_Function(Selaction Best Complate_Groups(i));
    Communicate (BLF(t), POP(t));
    Evolve POP(i,t);
    Evaluate Population POP(i,t);
 t = t + ۱;
 until (termination condition)
   End
 End
End
```

شکل(۳) : شبه کد الگوریتم پیشنهادی

۶- نتایج آزمایش‌ها

ابتدا الگوریتم پیشنهادی با بنچمارک‌های شناخته‌شده به نام‌های، اکلی، رستریجین،روزنبراک و اسفیر [٤] مورد مقایسه قرارگرفته است. سپس با روش‌های MPSO، GPSO_RIW، LPSO، HPSO و LNAFSA [۹] مورد ارزیابی قرارگرفته است. نتایج با توجه به پارامترهای جدول (۱) آورده شده است.

جدول (۱): پارامترها

توضیح	مقدار	
بیشترین تکرار	۵۰۰	Maxgen
اندازه جمعیت	۲۰	N
ابعاد کروموزوم	۲۰,۳۲	C
تعداد سگمنت	٤,۸	NS
تعداد زیرکروموزم‌ها در هر گروه کامل	٤,۱۰	G
نرخ پذیرش	۰/٦	pAccept
پارامتر	۰/۲۵	Alpha
پارامتر	۰.۰٤۵	Beta

برای مقایسه و ارزیابی بهتر الگوریتم پیشنهادی، ابعاد کروموزوم‌ها ۲۰ و ۳۲ در نظر گرفته‌شده است. همچنین تعداد سگمنت‌ها با توجه به ابعاد کروموزوم‌های ٤و۸ مقداردهی می‌شود. پارامتر G با توجه به‌اندازه‌ی فضای جمعیت، ٤ و ۱۰ تنظیم‌شده است.

٦-۱- سناریو اول

هدف از این سناریو ارزیابی عملکرد الگوریتم پیشنهادی با بنچمارک‌های معروف که در بخش ٦ ذکرشده است، می‌باشد. جهت انجام این سناریو، الگوریتم پیشنهادی با نرم‌افزار متلب ورژن ۲۰۱۳، CPU Intel Core ۲ Duo P۸٤۰۰، RAM -٤G پیاده‌سازی شده است.

در این سناریو ابعاد کروموزوم‌ها ۲۰ در نظر گرفته‌شده است. همچنین تعداد سگمنت‌ها ۸ و ۱۰ تنظیم‌شده است. فرض شده است تعداد زیر کروموزوم‌ها در هر گروه ۱۰ می‌باشد. بقیه پارامترها بر اساس جدول (۱) مقداردهی شده است. نتایج سناریو اول در جدول (۲) ارائه‌شده است.

همان‌طور در جدول (۲)و(۳) مشاهده می‌شود. الگوریتم پیشنهادی برای ٤ بنچمارک شناخته‌شده ارزیابی‌شده است. نتیجه این است که هر چه پارامتر NS را با توجه به ابعاد کروموزوم‌ها افزایش دهیم، به جواب‌های قابل‌توجهی دست پیدا خواهیم کرد. همانطور که مشاهده می‌کنید در جدول (۳) جواب قابل‌توجهی به‌دست‌آمده است. با افزایش پارامتر NS به ۸ بهترین پاسخ در جدول ۳ بهبود یافته است. در این سناریو، پارامتر NS باید بر C بخش‌پذیر باشد تا طول سگمنت‌ها به‌درستی تقسیم شود.

جدول (۲) : C=۲۰,NS=٤,g=۱۰

	اکلی	رستریجین	روزنبراک	اسفیر
بهترین پاسخ	٤/٤٤۰۹ E-۱۵	۰/۲۰۷٦۱	۰/۱۸۳٦۳	۵/۲۱۰٤ E-٤۱
میانگین پاسخ	۰/۰۰٦۸ ۵۸۸	۲/۹۸٤۹	۱/٦۸۳۱	۰/۰۰۲۳ ٦۳۲

جدول (۳) : C=۲۰,NS=۸,g=۱۰

	اکلی	رستریجین	روزنبراک	اسفیر
بهترین پاسخ	۸,۸۸۱۸ E-۱۶	۷,۹۹۳۶ E-۱۵	۰,۰۰۰۷۴	۵,۵۹۴۶ E-۴۸
میانگین پاسخ	۰,۰۰٦۱۱	۰,۰۳۴۳۲۳	۰,۰۱۶۶۰۹	۰,۰۰۰۵

٦-٢- سناریو دوم

هدف از انجام این سناریو بررسی عملکرد الگوریتم پیشنهادی با افزایش ابعاد کروموزوم می‌باشد. در این سناریو ابعاد کروموزوم‌ها ۳۲ در نظر گرفته‌شده است که در جدول (٤) و (٥) ارائه‌شده است. جدول ٥ تقریباً جواب‌های بهینه‌تری را نسبت جدول (٤) ارائه نموده است. دلیل آن این است که پارامتر NS افزایش پیداکرده است.

جدول (٤) : C=۳۲,NS=٤,g=۱۰

	اکلی	رستریجین	روزنبراک	اسفیر
بهترین پاسخ	۰/۰٦۷۲ ۹	۰/٤٦٤٥۲	۰/٤٦۳۰٥	۰/۰۱۸۷ ۷
میانگین پاسخ	۱/٤۱۳۳	۳/۸۲٦۳	٦/۰۱٦۳	۰/۳۲۲٥ ۹

جدول (٥) : C=۳۲,NS=۸,g=۱۰

	اکلی	رستریجین	روزنبراک	اسفیر
بهترین پاسخ	۸/۳٥۲۲ E-۹	۱/۳۸٤۷ E-۱۱	۰/۱۰۸۱۱	٤/۱۷٥۸ E-۱٥
میانگین پاسخ	۰/۰۰٦٦ ٤	۰/۰۷٤٥۰۳	۰/۷٤۹۱۳	۰.۰۰۱٥

استفاده از الگوریتم‌های پیتسبورگ و میشگان سبب افزایش بهبود نتایج حاصل از الگوریتم‌های فرهنگی استانداردشده است. همچنین به بهتر شدن جواب‌ها و افزایش سرعت همگرایی کمک فراوانی می‌کند. در شکل‌های (۷) الی (۱۰) به بررسی سرعت همگرایی در الگوریتم PMCA پرداخته‌ایم.

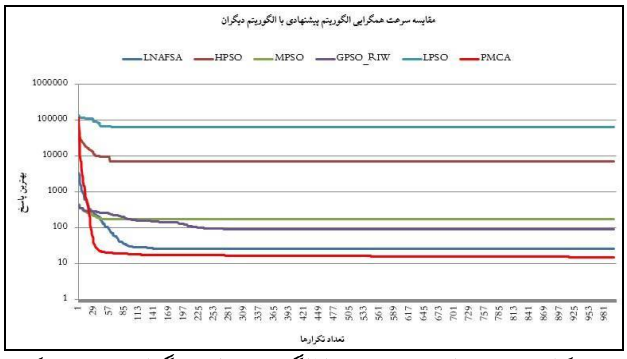
٦-۳- مقایسه نتایج با دیگران

الگوریتم پیشنهادی با سایر روش‌های ارزیابی و مقایسه شده و در جدول (٦) ارائه‌شده است. همان‌طور مشاهده می‌شود، برتری الگوریتم پیشنهادی بارنگ زرد مشخص‌شده است. الگوریتم پیشنهادی با ٥ الگوریتم مختلف برروی ٤ محک مقایسه و ارائه شده است. برروی محک اکلی الگوریتم LNAFSA جواب بهینه نزدیکی نسبت به الگوریتم PMCA بدست آورده است. جوای بهینه بقیه الگوریتم ها نسبت به الگوریتم PMCA اختلاف قابل توجهی دارد.لازم به ذکر است، روش‌های دیگران ابعاد کروموزوم‌ها ۳۰ در نظر گرفته‌شده است، ولی در الگوریتم پیشنهادی ابعاد کروموزوم‌ها ۳۲ است.

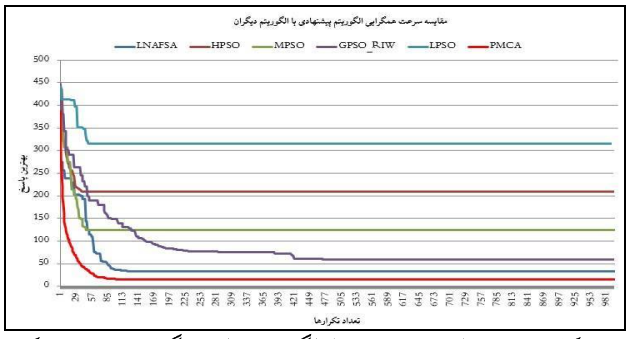
جدول (٦): C=۳۲,NS=۱۰,g=۱۰

	PMCA	LNAFSA	MPSO	GPSO_RIW	LPSO	HPSO
اکلی	۸/۳٥۲۲ E-۹	۷/۹۱٤٥ ٥E-۰۰۸	۲/٤٥٥۱ ۲E+۰۳	٤/٥۲۷۰ ۷٥E+۰۲	۸/۰۰۳ ۳	۱/۹۱۹٦٤ ۳E+۰۲
رستریجین	۱/۳۸٤۷ E-۱۱	٤/۰۳۲۷ ٥E-۰۰۷	٥/٤۳۹۰ ۲۷E+۰۳	۱/۰۱٤۸ ٥۸E+۰۲	۳۸٦/۹ ۸۷۹	۲/۲۸۸۱٥ ٦E+۰۲
روزنبراک	۰/۱۰۸۱۱	۲۸/۹۰٦ ۲۱٥٥۸	۱/٥۳۲٤ ۲٦E+۰٤	٥/٤۹۸٤ ۷۱۸۹٦	۸/۳۱٤ ۹	۲/٤۱۰٥۲ E+۰۲
اسفیر	٤/۱۷٥۸ E-۱٥	٦/٦۱٥٤ E-۰۰۷	۲۱/٦۰۱ ۳٤۱٥٦	۹۷/٥۰٦ ٤۸۸۰	۸٥/٤۲ ۰۲	٦٦/۹۳۷٤ ۹۲٤۰

همچنین با الگوریتم‌های پیشنهادی دیگران همانند HPSO،LNAFSA ، GPSO_RIW،MPSO وLPSO پیاده‌سازی و مقایسه گردیده است. مقایسه بر روی دو تابع رستریجین و روزنبراک با ابعاد ۳۲ و با ۱۰۰۰ تکرار انجام‌شده است. در شکل ۷ و ۸ نشان داده‌شده است.

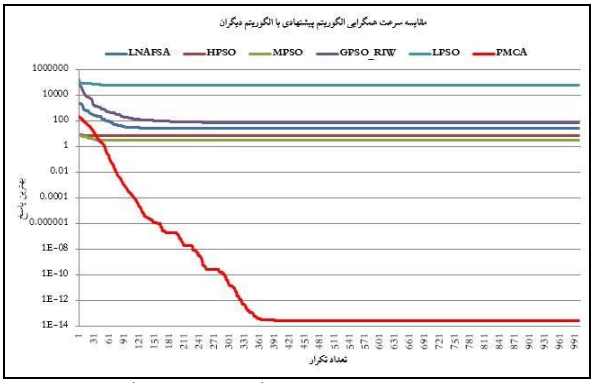


شکل (۷) : مقایسه PMCA با الگوریتم‌های دیگران برروی محک رستریجین

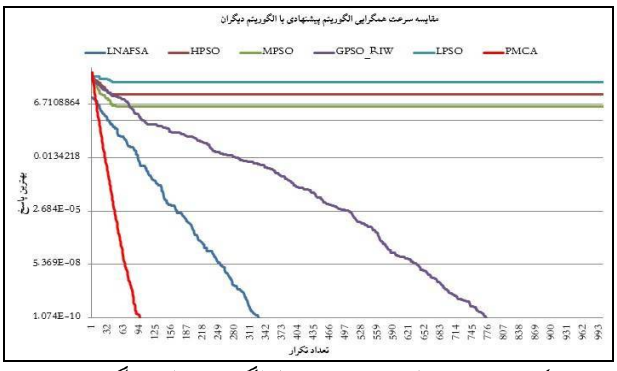


شکل (۸) : مقایسه PMCA با الگوریتم‌های دیگران برروی محک روزنبراک

در ادامه بهترین جوابی که الگوریتم PMCA با روش‌های دیگران برروی محک های اکلی و اسفیر ارائه کرده در شکل ۹ و ۱۰ نشان داده‌شده است.



شکل (۹) : مقایسه PMCA با الگوریتم‌های دیگران برروی محک اکلی



شکل (۱۰) : مقایسه PMCA با الگوریتم‌های دیگران برروی محک اسفیر

۷- نتیجه‌گیری

در این مقاله، یک الگوریتم ترکیبی مبتنی بر الگوریتم‌های فرهنگی، پیتسبورگ و میشیگان برای حل مسائل بهینه‌سازی ارائه شد. این الگوریتم از دو فاز تشکیل‌شده است، در فاز اول به‌وسیله الگوریتم پیتسبورگ، کروموزوم‌های فضای جمعیت به‌صورت عرضی گروه‌بندی می‌شوند، سپس به‌وسیله الگوریتم میشگان، کروموزوم‌های گروه‌بندی می‌شوند. سپس به‌صورت طولی سگمنت‌بندی می‌شوند. فاز دوم، به‌وسیله الگوریتم فرهنگی گروه‌هایی که دارای شایستگی بالایی هستند و شماره گروه‌ها و سگمنت‌های آن‌ها متفاوت است، تشکیل گروه کامل را می‌دهند و تا رسیدن به جواب بهینه تکرار می‌شود. نتایج به‌دست‌آمده، کارایی بودن الگوریتم پیشنهادی، برای حل مسائل بهینه-سازی را به‌خوبی نشان می‌دهد.

مراجع

[۱] Mallinson .Hugh and Bentley.Peter, *"Evolving Fuzzy Rules for Pattern Classification"*,Computer Science, pp:۱-٦, ۲۰۰۸.

[۲] Alipour .H, Asl. Khosrowshahi and.Esmaeili, *" ACO-FCR: Applying ACO-Based Algorithms to Induct FCR"*, Proceedings of the World Congress on Engineering,Vol I, London, U.K, pp.۱-۶, ۲۰۰۸.

[۳] Reynolds, R. G., *"An Introduction to Cultural Algorithms"*, Proceedings of the Third Annual Conference on Evolutionary Programming, San Diego, California, , pp.۱۳۱-۱۳۹, ۱۹۹٤.

[۴] Http://www-optima.amp.i.kyoto- u.ac.jp/member/student/hedar/Hedar_files/TestGO_files/ Page۱۱۳.htm.

[۵] P. Engelbrecht, *Computational Intelligence An Introduction*, Wiley, Second Edition, ۲۰۰۷.

[۶] R. Reynolds, S. Saleem, *"The Impact of Environmental Dynamic on Cultural Emergence"*, Festschrift, in Honor of john Holland Oxford University Press, pp. ۱-۱۰, ۲۰۰۳.

[۷] Y. Wu, X-L. Huang, X-Z. Gao, *"A Cultural Particle Swarm Optimization Algorithm"*, Sixth International Conference on Natural Computation, pp. ۲۵۰۵-۲۵۰۹, ۲۰۱۰.

[۸] Ishibuchi ,Yamamoto, and *Nakashima, ˝Hybridization of Fuzzy GBML Approaches for Pattern Classification Problems˝*, IEEE Transactions ,Volume ۳۵,Issue ۲,pp.۳۵۹-۳۶۵, ۲۰۰۵.

[۹] Yazdani, M., Meybodi, M. R., *"Afsa-La: A New Model For Optimization"*, Proceedings of the ۱۵th Annual CSI Computer Conference (CSICC'۱۰), Tehran, Iran, ۲۰۱۰.

[۱۰] Saleh M. Saleem, *"Knowledge-Based Solution to Dynamic Optimization Problems using Cultural Algorithms"*, PhD thesis,Wayne State University, Detroit, Michigan, ۲۰۱۱.

[۱۱] Moradian Zadeh.P, Ziad Kobti," *A Multi-Population Cultural Algorithm for Community Detection in Social Networks* ", The ۶th International Conference on Ambient Systems, Networks and Technologies, ScienceDirect pp.۳۴۲ – ۳۴۹ ,۲۰۱۵.

زیرنویس‌ها

۱ Population Space

۲ Belief Space

۳ Situational Knowledge

٤ Normative Knowledge

٥ Sub Chromosome

٦ Complete Group

۷ Pittsburg Michigan Cultural Algorithms