الخـوارزمية الجينية (Genetic Algorithm)

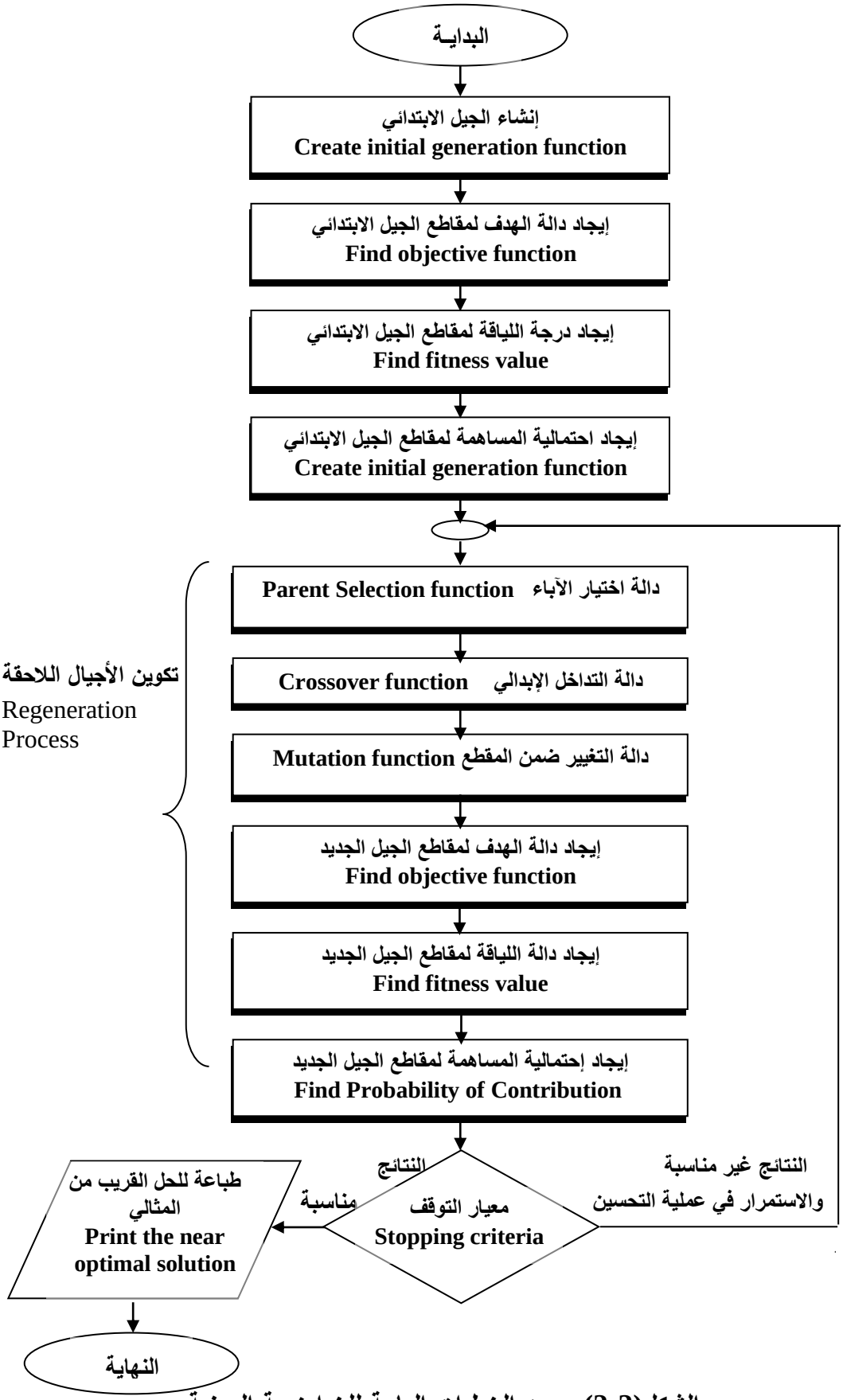
المدخل إلى الخوارزمية الجينية (Entry to the GA)

إن الخوارزمية الجينية (GA) واحدة من خوارزميات البحث العامة المعتمدة على آلية الانتقاء الطبيعي ونظام الجينات الطبيعية، طورت على يد العالم جون هولاند (John Holland) عام 1970 في جامعة ميشيكان، إذ نشر بحوث عديدة في هذا المجال كان الهدف الأساسي منها بناء وتحسين العديد من الخوارزميات والبرمجيات والأنظمة باستخدام هذه الخوارزمية.

وفكرة العمل للخوارزمية الجينية (GA) تعتمد بشكل دقيق على أفكار الهندسة الوراثية والتي تتميز بالإنتاج المقصود للمجموعات الموروثة بهدف تكوين أفراد ذات صفات جيدة، وعلى هذا الأساس تقوم الخوارزمية الجينية بانتخاب الحلول الأفضل من بين عدد كبير من الحلول وإجراء بعض التداخلات والتبديلات بين هذه الحلول بهدف تكوين حلول أفضل.

المخطط العام للخوارزمية الجينية (General Diagram of the GA)

تتضمن الخوارزمية الجينية عدداً من الخطوات الأساسية، هذه الخطوات تكون مترابطة بعضها مع البعض الآخر، ولا يمكن تطبيق هذه الخوارزمية على أية مسألة ما لم تطبق جميع هذه الخطوات وإلاّ تفقد الخوارزمية الجينية قيمتها وفائدتها في إيجاد أو تحسين الحل نلاحظ المخطط العام للخوارزمية الجينية.



الشكل(2-2): يبين الخطوات العامة للخوارزمية الجينية

بعض المفاهيم العامة الواردة في الخوارزمية الجينية

(Some general concepts in GA)

المجتمع (Population):

يتكون المجتمع من الأفراد (Individuals) ويحدد حجم المجتمع حسب المسألة المراد حلها. ويتم تمثيل كل فرد في المجتمع بسلسلة ثابتة الطول تسمى الكروموسوم (Chromosome) ويتكون كل كروموسوم من عدد من المواقع تسمى الجينات (Genes) وكما هو موضح في الشكل:

Gene 1	Gene 2	-	-	-	-	Gene I

Chromosome

الشكل يمثل الكروموسوم

إذ أن: I يمثل طول الكروموسوم.

بعد تحديد حجم المجتمع وطول الكروموسوم يتم توليد مجموعة من الأرقام العشوائية لتمثيل القيم الابتدائية لجينات الأفراد كافة في المجتمع.

التشفير (Encoding):

يقصد بالتشفير عملية إيجاد تمثيل مناسب للحل، إذ يعد التشفير عاملاً أساسياً لنجاح الخوارزمية الجينية، وهذا يعتمد على المسألة المراد حلها، لأن الكروموسوم يجب أن يحتوي على معلومات عن الحل لذا يجب أن يشفر بطريقة مناسبة. من هذه الطرق:

التشفير الثنائي (Binary Encoding):

يمتلك كل جين (موقع) في الكروموسوم في هذا النوع من التشفير قيمة ثنائية، إما أن تكون صفراً أو واحد. والشكل يوضح ذلك:

0	1	1	0	1

الشكل يمثل التشفير الثنائي

التشفير الحقيقي (Real Value Encoding):

تكون للجينات قيم حقيقية، لا تحتاج إلى تفسير:

8.1	2.3	6.9	7.4	5.2

الشكل يمثل التشفير الحقيقي

دالة الهدف (Objective Function):

تحسب دالة الهدف الخاصة بالمسألة لكل مقطع (كروموسوم) من مقاطع الجيل. اذ أن دالة الهدف وحسب نوع المسألة المراد تطبيقها هي إما دالة تقليل (Minimize) أو دالة تعظيم (Maximize) لأغلب مسائل بحوث العمليات.

قيمة الجودة (Fitness Value):

تحسب قيمة الجودة لكل مقطع من مقاطع الجيل اعتماداً على قيمة دالة الهدف لذلك المقطع.

احتمالية المساهمة (Probability):

بعد حساب قيم الجودة لجميع مقاطع الجيل، نجد احتمالية مساهمة كل مقطع في تكوين الجيل اللاحق والتي تحسب بقسمة قيمة الجودة لكل مقطع على مجموع قيم الجودة.

الانتقاء (Selection):

وهو عملية اختيار الآباء في المجتمع لأجل التزاوج وإنتاج جيل جديد وتؤدي هذه العملية دوراً مهماً في تطور الخوارزمية الجينية وذلك من خلال اختيار أفضل أفراد المجتمع. ،يوجد العديد من طرق الانتقاء نذكر منها :

انتقاء عجلة الروليت (Roulette Wheel Selection):

تعتمد هذه الطريقة على اختيار أفضل ما في المجتمع من أفراد، وذلك بعد حساب مجموع الجودة للمجتمع وحساب نسبة جودة كل فرد إلى المجموع الكلي، وتستخدم القيم الناتجة كاحتمالية لاختيار الأفراد في الأجيال اللاحقة.

انتقاء الرتب (Rank Selection):

في هذه الطريقة يتم ترتيب الكروموسومات حسب قيمة الجودة لكل واحد ترتيباً تصاعدياً فكل كروموسوم (x) له رتبة Rank(x) أي الموقع بعد الترتيب وبعدها يتم حساب نسبة الهدف (TSR) لكل كروموسوم وحسب المعادلة الآتية:

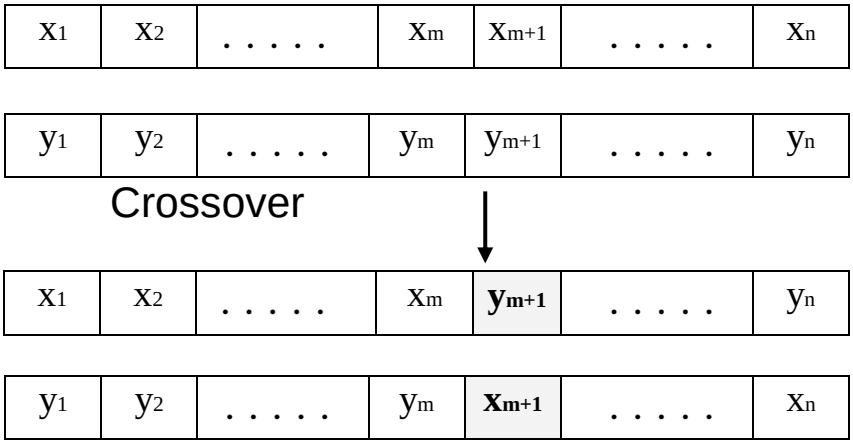
$$TSR(x) = Min + (Max - Min).\left(\frac{Rank(x)-1}{N-1}\right)$$

إذ أن N تمثل عدد الكروموسومات في الجيل. فالأسوأ يأخذ قيمة الجودة رقم (1) والثاني يأخذ القيمة رقم (2) ، والأفضل سوف يأخذ قيمة الجودة (N).

التداخل الابدالي (Crossover):

تتمثل هذه العملية بإجراء تبديل بين قيم متقابلة من مقطعي الأبوين المنتخبين لغرض تكوين المقطع الجديد. وفيما يلي بعض الصيغ الشائعة:

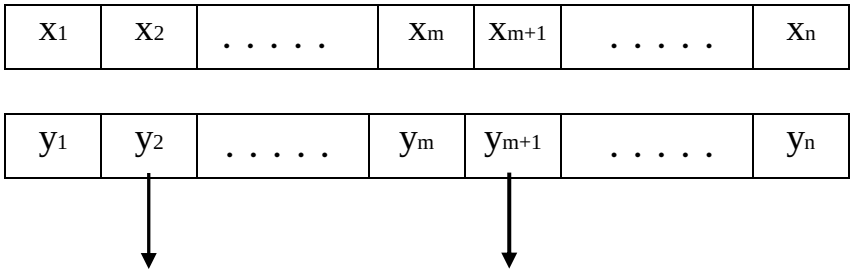
التداخل الابدالي ذو نقطة القطع الواحدة (Single Point Crossover):



شكل يمثل التداخل الابدالي ذو نقطة القطع الواحدة على الكروموسومات

التداخل الابدالي ذو نقطتي القطع (Crossover with Two Point):

يتم التداخل بهذه الطريقة باختيار نقطتين عشوائياً ثم تتم عملية مبادلة الجينات الواقعة بين نقطتي القطع .



Crossover

x_1	y_2	. . . . .	x_m	y_{m+1}	. . . . .	y_n

y_1	x_2	. . . . .	y_m	x_{m+1}	. . . . .	x_n

الشكل يمثل التداخل ذو النقطتي قطع

التداخل الحسابي (Arithmetic Crossover):

تستخدم في هذا النوع من التداخل المعادلة التالية لربط اثنين من الكروموسومات خطياً لإنتاج نوعين جديدين من الأبناء:

Child 1= a * Parent 1 + (1-a) * Parent 2

Child 2= (1-a) * Parent 1 + a * Parent 2

إذ أن a هو عدد عشوائي .

الطفرة (Mutation):

في هذه العملية يجري تغيير أو تبديل بين جينات محددة ضمن الكروموسوم الواحد لتكوين كروموسومات تعطي حلولاً جديدة إلى الجيل اللاحق، وهنالك عدة أنواع لعملية الطفرة منها:

تغيير الرتب (Order Changing): نقوم باختيار موقعين ضمن المقطع (الكروموسوم) ويتم مبادلة مواقعهما .

(1 **2** 3 4 5 6 7 **8** 9 7) ⟹ (1 **8** 3 4 5 6 **2** 9 7)

الإضافة أو الطرح (Adding or Subtracting): نقوم بإضافة أو طرح عدد صغير من قيم مختارة ضمن المقطع.

(1.29 5.68 ***2.86*** ***4.11*** 5.55) ⟹ (1.29 5.68 ***2.73*** ***4.22*** 5.55)

إذ تم طرح (0.13) من العدد 2.86 وإضافة (0.11) إلى العدد 4.11.

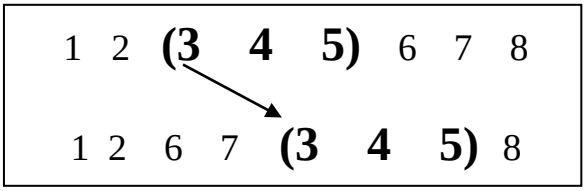
عكس قيمة الجين (Bit Inversion):

تستخدم هذه الطريقة في حالة التشفير الثنائي للكروموسوم إذ يتم اختيار موقع معين في الكروموسوم وعكس قيمته (أي إذا كان 0 يصبح 1 وبالعكس) .

$$11001001 \longrightarrow 10\ 001001$$

الإزاحة (Placement):

قدم الباحث (Michalewicz) عام 1992 إزاحة الطفرة وتتم باختيار سلسلة فرعية عند موقع عشوائي من المقطع (الكروموسوم) ثم تحشر في موقع عشوائي آخر في المقطع نفسه. وكما هو موضح في الشكل:



الشكل يمثل إزاحة الطفرة

مقياس التوقف (Stop Criterion):

يستمر تكوين الأجيال المتعاقبة بهدف تحسين الحل (أي بجعله أكثر اقتراباً إلى الحل الأمثل) إلى أن يتحقق شرط التوقف الذي يعتمد على مقياس توقف الخوارزمية الجينية .