



بانک مرکزی جمهوری اسلامی ایران

مجموعه پژوهشهای اقتصادی

اداره بررسیها و سیاستهای اقتصادی

شماره ۳۲

**کاربرد الگوریتم ژنتیک در
ترکیب پیش‌بینی‌های تورم**

سال ۱۳۸۷

مؤلف: محمد اخباری

مندرجات این مقاله لزوماً بازگوکننده نظرات بانک مرکزی جمهوری اسلامی ایران نیست.

نقل مطالب این مجموعه با ذکر ماخذ مجاز است.

نشانی پایگاه اطلاع‌رسانی: پژوهش‌ها/نشریات و پژوهش‌ها/<http://www.cbi.ir>

فهرست موضوعی

پیشگفتار.....	۱
چکیده.....	۲
۱- مقدمه.....	۳
۲- دلایل ترکیب پیش بینی‌ها.....	۴
۳- رویکرد آماری ترکیب پیش بینی‌ها.....	۷
۴- الگوریتم ژنتیک.....	۱۱
۵- کاربرد الگوریتم ژنتیک در ترکیب پیش بینی‌ها.....	۱۶
۵-۱- طرح ژن‌ها (نمایش کروموزم‌ها).....	۱۷
۵-۲- عملگرهای ژنی.....	۱۷
۵-۲-۱- عملگر تقاطعی.....	۱۷
۵-۲-۲- عملگر جهشی.....	۱۸
۵-۳- تابع برازندگی.....	۱۸
۵-۴- همگرایی.....	۱۹
۵-۵- اندازه جمعیت.....	۲۰
۶- نتایج مدل.....	۲۰
۷- جمع‌بندی و نتیجه‌گیری.....	۲۳
۸- منابع.....	۲۴
۹- پیوست‌ها.....	۲۶

باسمه تعالی

۱۳۸۷/۴/۱
ل ۷۷س ۸۷

اداره بررسیها و سیاستهای اقتصادی
بانک مرکزی جمهوری اسلامی ایران

پیشگفتار

چنانچه کنترل تورم ملاک و محور اساسی اقدامات سیاستگذار پولی باشد، به گونه‌ای که دستیابی به سطوح پایین و باثبات آن به عنوان هدف سیاستگذار تعریف شده و سیاستگذار از الزامات و ابزارهای دستیابی به آن نیز برخوردار باشد در اینصورت نهاد مزبور می‌بایستی نسبت به میزان تورم سطح عمومی قیمت‌ها پاسخگو باشد. اما با توجه به اینکه اثرات سیاستگذاری پولی با وقفه ظاهر می‌شود لذا پیش‌بینی تحولات اقتصادی به خصوص تورم و رشد اقتصادی و پایه‌گذاری سیاستهای پولی بر اساس آنها، رویکردی است که اکثر بانکهای مرکزی از آن پیروی می‌نمایند.

در این شرایط در مواجهه با چندین پیش‌بینی از یک متغیر، سئوالی که مطرح می‌شود این است که چگونه به بهترین شکل می‌توان از اطلاعات موجود در پیش‌بینی‌های مختلف بهره‌برداری نمود. به طور خاص، آیا بایستی یک مدل منفرد مسلط برای پیش‌بینی تشخیص داده شود یا اینکه بایستی ترکیبی از چندین پیش‌بینی برای تولید یک شاخص پیش‌بینی به دست آورد؟ از منظر نظری و تجربی، مطالعات اخیر حاکی از بهبود نتایج پیش‌بینی در نتیجه ترکیب است؛ زیرا ترکیب پیش‌بینی دارای مزیت‌های مختلفی می‌باشد که آن را نسبت به استفاده صرف از یک مدل منفرد جذاب می‌سازد. حتی اگر بتوان بهترین مدل را در هر نقطه زمانی تشخیص داد، ترکیب همچنان یک استراتژی جذاب در نتیجه منفعت‌های ناشی از تنوع می‌باشد، هر چند موفقیت آن به چگونگی استخراج وزن‌های ترکیب بستگی دارد.

در پژوهش حاضر به منظور دستیابی به ترکیب بهینه‌ای از پیش‌بینی‌ها، این مساله در قالب موضوع بهینه‌یابی تعریف شده و با توجه به اینکه الگوریتم ژنتیک روش جستجوی تصادفی جهانی (Global random search) را برای حل مسائل پیچیده بهینه‌سازی ارائه می‌نماید، از روش مذکور به منظور حل مساله و دستیابی به مقادیر بهینه وزن‌ها استفاده شده است.

این پژوهش توسط آقای محمد اخباری محقق اداره بررسیها و سیاستهای اقتصادی تهیه شده است.

کاربرد الگوریتم ژنتیک در ترکیب پیش بینی های تورم

چکیده:

پیش بینی تورم به یکی از الزامات سیاستگذاری پولی در کشورهایی تبدیل شده است که سیاست هدفگذاری تورم را تعقیب می کنند. به واسطه استقلال بانک مرکزی و واگذاری سیاستگذاری پولی به این نهاد از یک سو و از سوی دیگر به واسطه اینکه عمده‌تأ سیاستگذاری پولی با وقفه بر روی تورم تاثیر گذار می باشد، مقام پولی می بایستی تصویر مناسبی نسبت به تورم آینده داشته باشد، تا با سیاستگذاری از قبل بتواند در مسیر هدفگذاری صورت گرفته حرکت نماید.

در این بین به واسطه محدودیتهایی که مدل های منفرد پیش بینی تورم به همراه دارند، از ترکیبی از مدلها برای پیش بینی تورم استفاده می شود، که هر یک از جهاتی نسبت به یکدیگر دارای نقاط قوت و ضعفی می باشند. یکی از راه های استفاده از تمامی اطلاعات موجود در پیش بینی تورم، ترکیب مدل های مختلف پیش بینی است. در گزارش حاضر از رویکرد ابتکاری الگوریتم ژنتیک، به منظور ترکیب نتایج پیش بینی تورم شش مدل برای چهار فصل سال ۱۳۸۶ استفاده شده است.

کلمات کلیدی: ترکیب پیش بینی های تورم، جستجوی تصادفی، الگوریتم ژنتیک

پیش بینی تورم و نیز انتشار گزارشهای تورم (که معمولاً در آنها تورم پیش بینی شده ارائه می شود) بعنوان یکی از الزامات سیاستگذاری پولی در کشورهایی تبدیل شده است که مقامات پولی آنها سیاست هدفگذاری تورم را تعقیب می کنند. چرا که به واسطه استقلال بانک مرکزی از سویی و واگذاری سیاستگذاری پولی به این نهاد، و از سویی دیگر به واسطه اینکه عمدتاً سیاستگذاری پولی با وقفه بر روی تورم تاثیر گذار می باشد، لذا مقام پولی می بایستی تصویر مناسبی نسبت به تورم آینده داشته باشد، تا با سیاستگذاری از قبل بتواند در مسیر هدفگذاری صورت گرفته حرکت نماید.

در خصوص اقتصاد ایران هر چند سازوکارهای استقلال بانک مرکزی تعبیه نشده و به عبارتی نهادهای لازمه و ابزارهای سیاستگذاری پولی در راستای استقلال بخشی به بانک مرکزی و شاید به تعبیری دیگر تعقیب هدف تورمی معرفی نشده و در مواردی نیز مورد اجماع واقع نشده‌اند) برای مثال می‌توان به مباحث مربوط به نرخ سود، انتشار اوراق مشارکت، انتشار اوراق سپرده و ... اشاره کرد)، این نتیجه‌گیری که پیش بینی تورم توسط بانک مرکزی به لحاظ عدم برخورداری از ابزاری مناسب در هدایت نرخ جاری به سوی هدف، چندان کارکردی ندارد دور از واقعیت نباشد. اما با توجه به اینکه انتشار گزارش تورم و پیش‌بینی تورم می‌تواند مقامات سیاستگذار کلان اقتصادی و سیاسی کشور را نسبت به روند حرکتی این متغیر اثرگذار در آینده نزدیک آگاه نموده و حساسیت‌هایی را ایجاد نماید، پیش بینی تورم حداقل در شرایط کنونی می‌تواند در جایگاه آگاهی بخشی و به نوعی اطلاع‌رسانی، نقش مهمی در آشکارسازی اثرات تعقیب سیاستهای نادرست و نسنجیده داشته باشد و البته در صورت توافق بر سر استقلال بانک مرکزی و تعریف ابزارهای جدیدی که بانک مرکزی بتواند نقش اثرگذاری در بازار پول کشور داشته باشد، پیش‌بینی تورم جایگاه واقعی خود را در حوزه سیاستگذاری پولی خواهد یافت.

در این بین به واسطه محدودیتهایی که مدل‌های منفرد پیش بینی تورم به همراه دارند، از مدل‌های مختلفی در پیش بینی تورم استفاده می شود، که هر یک از جهاتی نسبت به دیگر مدل‌ها دارای نقاط قوت و ضعفی هستند. یکی از راه‌های استفاده از تمامی اطلاعات موجود یا به تعبیری دیگر تمامی قوت مدل‌های مختلف پیش بینی تورم، ترکیب مدل‌های مذکور است که در بررسی پیش‌رو از رویکرد الگوریتم ژنتیک برای این منظور استفاده می‌شود.

گزارش حاضر به این صورت ادامه می یابد که در بخش دوم دلایل ترکیب مدل‌های پیش‌بینی ارائه می‌شود. در بخش سوم به طور مختصر به مدل‌های آماری ترکیب پیش‌بینی‌ها اشاره می‌شود. در بخش چهارم

مبانی نظری الگوریتم ژنتیک بیان می‌شود. بخش پنجم به الگوریتم پیشنهادی در خصوص ترکیب پیش بینی‌ها تورم اختصاص دارد. در بخش ششم نتایج حاصل از ترکیب پیش بینی‌های تورم ارائه می‌شود. در خاتمه نتیجه‌گیری از مباحث مطروحه در بخش هفتم بیان می‌گردند.

۲- دلایل ترکیب پیش بینی‌ها

غالباً پیش‌بینی‌های مختلفی از یک متغیر برای تصمیم‌سازان وجود دارد. این می‌تواند منعکس‌کننده تفاوت در قضاوت‌های تشخیصی پیش‌بینی‌کنندگان در نتیجه ناهمگنی در مجموعه اطلاعات آنها یا در نتیجه تفاوت در رویکردهای مدلسازی آنها باشد. در مورد دوم، دو پیش‌بینی‌کننده ممکن است به دیدگاه‌های متفاوتی برسند که به فروض مربوط به مدل‌های آنها بستگی دارد، برای مثال ممکن است فردی از پارامترهای متغیر طی زمان استفاده کند دیگری از پارامترهای ثابت، یا فردی از مدل‌های خطی استفاده نماید دیگری از مدل‌های غیرخطی.

در مواجهه با چندین پیش‌بینی از یک متغیر، موضوعی که سریعاً مطرح می‌شود این است که چگونه به بهترین شکلی می‌توان از اطلاعات موجود در پیش‌بینی‌های مختلف بهره‌برداری نمود. به طور خاص، آیا بایستی یک مدل منفرد مسلط پیش‌بینی تشخیص داده شود یا اینکه بایستی ترکیبی از چندین پیش‌بینی برای تولید یک شاخص پیش‌بینی به دست آورد؟ از منظر نظری، تنها زمانی می‌توان از یک مدل پیش‌بینی خاص برای آینده بهره‌جست که آن مدل خطاهای پیش‌بینی کوچکتری نسبت به دیگر مدل‌ها داشته باشد. ترکیب پیش‌بینی دارای مزیت‌های مختلفی می‌باشد که آنرا نسبت به استفاده تنها از یک مدل جذاب می‌سازد. حتی اگر بتوان بهترین مدل را در هر نقطه زمانی تشخیص داد، ترکیب همچنان یک استراتژی جذاب در نتیجه منفعت‌های ناشی از تنوع می‌باشد، اگر چه موفقیت آن به اینکه چگونه به بهترین شکل وزن‌های ترکیب به دست می‌آیند، بستگی دارد.

ترکیبات پیش‌بینی به طور موفقیت‌آمیزی در کارهای تجربی نظیر پیش‌بینی تولید ناخالص داخلی، بی‌ثباتی بازار ارز، تورم، عرضه پول، قیمت سهام، جمعیت شهری، نتایج بازی فوتبال و نظایر آنها به کار برده شده‌اند (کلمن (۱۹۸۹)). کلمن (۱۹۸۹) شواهد شبیه‌سازی و تجربی مربوط به ادبیات ترکیبات پیش‌بینی را ارائه می‌دهد، وی اینگونه اشاره می‌کند: "نتایج هم‌نظر نمی‌باشند: ترکیب پیش‌بینی‌های مختلف منجر به افزایش دقت پیش‌بینی می‌شود... در بسیاری از موارد فرد می‌تواند بهبودهای عملکردی قابل توجهی را با میانگین‌گیری ساده از پیش‌بینی‌ها صورت دهد." اخیراً ماکریداکیس و هیبون (۲۰۰۰) اینگونه نتیجه‌گیری می‌کنند که

دقت پیش بینی هنگام ترکیب روش‌های مختلف به طور متوسط نسبت به روش‌های منفرد بیشتر می‌باشد. به طور مشابه استوک و واتسون (۲۰۰۱، ۲۰۰۴) یک مطالعه جامع را در مورد بسیاری از متغیرهای مالی و اقتصادی با استفاده از مدل‌های پیش بینی خطی و غیرخطی صورت داده‌اند و دریافته‌اند که به طور متوسط یک کاسه کردن پیش بینی‌ها، پیش‌بینی‌های ناشی از یک مدل را بهبود می‌بخشد، از اینرو نتیجه‌گیری کلان را تایید می‌کنند. تحلیل‌های آنها توسط مارسلانیو (۲۰۰۴) برای مجموعه داده‌های اروپا بسط داده شده است و وی به همان نتیجه‌گیری استوک و واتسون می‌رسد.

استدلالات مختلفی می‌توان در خصوص ترکیب پیش‌بینی‌ها ارائه داد، برای مثال یک استدلال ساده عبارت است از ایجاد تنوع در پورتفوی^۱. متنوع سازی، ایده ترکیب پیش بینی‌ها را ترغیب می‌کند (بیتس و گرنجر (۱۹۶۹)). فرض مقدم بر آن این است که شاید در نتیجه اطلاعات شخصی، مجموعه اطلاعات مربوط به پیش‌بینی‌های منفرد برای استفاده کننده از پیش بینی، قابل مشاهده نباشد. در این وضعیت، یک کاسه کردن مجموعه اطلاعات و ساخت یک مدل برتر که مدل‌های پیش‌بینی را در خود جای دهد، عملی نمی‌باشد. برای مثال فرض کنید که می‌خواهیم متغیر y را پیش بینی کنیم و دو پیش بینی از آن \hat{y}_1 و \hat{y}_2 از میانگین شرطی آن موجود است. اولین پیش بینی مبتنی بر متغیرهای x_1 و x_2 است. یعنی $\hat{y}_1 = g_1(x_1, x_2)$ ، در حالی که پیش بینی دوم مبتنی بر متغیرهای x_3 و x_4 می‌باشد یعنی $\hat{y}_2 = g_2(x_3, x_4)$. بار دیگر فرض کنید که تمامی متغیرها با وزن‌های غیرصفر در پیش‌بینی‌ها وارد می‌شوند و آن متغیرهای x به طور ناقص همبسته هستند. اگر $\{x_1, x_2, x_3, x_4\}$ قابل مشاهده باشد، طبیعی است که می‌توان یک مدل پیش بینی مبتنی بر تمامی چهار متغیر ایجاد کرد یعنی $\hat{y}_3 = g_3(x_1, x_2, x_3, x_4)$. به عبارتی دیگر، اگر تنها پیش بینی‌های \hat{y}_1 و \hat{y}_2 برای استفاده کننده از پیش بینی قابل مشاهده باشند (در حالی که متغیرهای x قابل مشاهده نباشند) در نتیجه تنها گزینه عبارت خواهد بود از ترکیب این پیش‌بینی‌ها یعنی استخراج مدلی از نوع $\hat{y} = g_c(\hat{y}_1, \hat{y}_2)$. به طور عمومی‌تر، مجموعه اطلاعات استفاده کننده از پیش بینی، F ، ممکن است شامل n پیش بینی منفرد باشد یعنی $F = \{y_1, \dots, y_n\}$ به طوری که F غالباً اجتماعی از مجموعه اطلاعات مربوط به پیش‌بینی‌های منفرد، $\bigcup_{i=1}^n F_i$ نمی‌باشد اما زیرمجموعه کوچکتری از آن می‌باشد. البته، هر چه درجه هم پوشانی در مجموعه‌های اطلاعات استفاده شده در تولید پیش‌بینی‌های مورد بررسی بیشتر باشد، از احتمال اینکه ترکیب پیش‌بینی‌ها مفید باشند، کاسته می‌شود (برای مثال می‌توانید کلان (۱۹۸۷) را ببینید).

^۱Portfolio Diversification

البته استدلال ارائه شده در خصوص ترکیب پیش‌بینی‌ها استدلال کاملی نمی‌باشد. فرض کنید هدف حداقل کردن تابع زیانی که به خانواده‌ای از توابع زیان محدب تعلق دارند باشد (L) و پیش‌بینی \hat{y}_1 بطور تصادفی بر پیش‌بینی دیگر \hat{y}_2 غلبه کند. با این مفهوم که زیان‌های انتظاری برای تمامی توابع زیان در L در زیر \hat{y}_1 قرار دارند تا \hat{y}_2 . در حالی که این به آن معنا است که برای تصمیم‌ساز ترجیح \hat{y}_2 بر \hat{y}_1 در محیط ایزوله غیر منطقی است، آسان است تا مواردی از برخی ترکیب‌های \hat{y}_1 و \hat{y}_2 را به دست داد، که زیان انتظاری کوچکتری را نسبت به زیان انتظاری تولید شده توسط \hat{y}_1 تنها داشته باشد.

استدلال دوم برای ترکیب پیش‌بینی‌ها به مطالعات فیگلسوسکی و یوریچ (۱۹۸۳)، کانگ (۱۹۸۶)، دیبولد و پاولی (۱۹۸۷)، ماکریداکیس (۱۹۸۹)، سشنس و چاتررچی (۱۹۸۹)، وینکلر (۱۹۸۹)، هندری و کلمنتس (۲۰۰۲) و ایولفی و تیمرمن (۲۰۰۶) و همچنین بیتس و گرنجر (۱۹۶۹) ارجاع داده می‌شود. بر اساس استدلال آنها پیش‌بینی‌های منفرد ممکن است به صورت‌های بسیار متفاوتی تحت تاثیر شکست‌های ساختاری نظیر تحولات نهادی و تحولات تکنولوژیکی قرار گیرند. برخی از مدل‌ها ممکن است سریعاً اقتباس یابند و به صورت موقتی تحت تاثیر شکست‌های ساختاری قرار گیرند، در حالی که دیگر مدل‌ها پارامترهایی دارند که تنها به صورت بسیار آهسته نسبت به داده‌های جدید پس از شکست تعدیل می‌شوند. چنانچه داده‌های بیشتری پس از آخرین شکست ساختاری وجود داشته باشد، مدل‌های با اقتباس آهسته نسبت به مدل‌های با اقتباس سریع از عملکرد بهتری برخوردارند در صورتی که پارامترهای مدل اول با دقت زیادی تخمین زده شده باشند و در مقابل در صورتی که داده‌های موجود پس از آخرین شکست کوتاه باشند، انتظار می‌رود که مدل‌های که سریعاً تعدیل می‌شوند عملکرد پیش‌بینی بهتری داشته باشند. از آنجا که پیدا کردن سریع شکست‌های ساختاری دشوار می‌باشد، منطقی است تا از میانگین‌گیری استفاده شود یعنی در بین دوره‌های با درجه‌های ثبات متغیر، ترکیب پیش‌بینی‌ها از مدل‌های با درجات مختلف اقتباس‌پذیری منفرد، عملکرد بهتری خواهد داشت. این موضوع توسط پسران و تیمرمن (۲۰۰۷) تایید شده است.

دلیل سوم و مرتبط با ترکیب پیش‌بینی عبارت است از اینکه مدل‌های پیش‌بینی منفرد ممکن است دارای تورش تصریح اشتباه از نظر ناشناخته بودن شکل تبعی مدل باشند، موضوعی که به طور ویژه توسط کلمن (۱۹۸۹)، ماکریداکیس (۱۹۸۹)، دیبولد و لویز (۱۹۹۶) و استوک و واتسون (۲۰۰۱، ۲۰۰۴) تاکید شده است. حتی در یک جهان باثبات، فرایند تولید داده‌های درست احتمالاً پیچیده‌تر بوده و دارای ابعاد بیشتری نسبت به آنچه توسط اکثر مدل‌های عمومی و انعطاف‌پذیر به کار برده شده توسط یک پیش‌بینی‌کننده می‌باشد. با نگاه به مدل‌های پیش‌بینی بعنوان تخمین‌های محلی، نامقبول است که یک مدل مشخص بر تمامی

مدلهای دیگر در تمامی نقاط زمانی فائق آید. به عبارتی بهترین مدل ممکن است طی زمان به شیوه‌ای تغییر کند که ردیابی مبانی عملکرد پیش بینی گذشته آن دشوار باشد. ترکیب پیش بینی‌های مربوط به مدل‌های متفاوت می‌تواند بعنوان راهی برای ساخت یک پیش بینی قدرتمندتر در مقابل تصریحات اشتباه و خطاهای اندازه‌گیری در مجموعه داده‌های پیش‌بینی‌های منفرد دیده شود. بار دیگر در این بخش نیز به استدلال متنوع سازی پورترفوی کلاسیک برای کاهش ریسک اشاره می‌شود: در اینجا پورترفوی، ترکیبی از پیش‌بینی‌ها است و منابع ریسک منعکس کننده اطلاعات ناقص در خصوص متغیر هدف و تصریح اشتباه مدل در نتیجه نامانایی مربوط به فرایند تولید داده‌ها می‌باشد.

استدلال چهارم برای ترکیب پیش بینی‌ها عبارت است از اینکه پیش بینی‌های موجود ممکن است مبتنی بر توابع زیان متفاوتی باشند. این استدلال حتی در صورتی که پیش بینی کنندگان مجموعه اطلاعات یکسانی را مشاهده کنند برقرار است. فرض کنید، برای مثال پیش بینی کننده A قویاً نسبت به خطاهای پیش بینی منفی ناخشنود است در حالی که پیش بینی کننده B قویاً نسبت به خطاهای پیش بینی مثبت ناخشنود می‌باشد. در این مورد، پیش بینی کننده A محتملاً متغیر مورد نظر را کمتر پیش بینی می‌کند (بنابراین توزیع خطای پیش بینی دارای ارزشهای مثبت خواهد بود)، در حالی که پیش بینی کننده B آنرا رو به بالا پیش بینی می‌کند. اگر تورش طی زمان ثابت باشد، نیازی به میانگین‌گیری پیش بینی‌های متفاوت نمی‌باشد به طوری که اضافه نمودن یک جمله ثابت در معادله ترکیب، هر گونه تورش ناخواسته را در بر می‌گیرد. اما فرض کنید که مقدار بهینه تورش نسبتی از واریانس شرطی متغیر باشد، به طوری که کریستوفرسن و دیبولد (۱۹۹۷) و زلنر (۱۹۸۶) اشاره داشته‌اند. به شرط اینکه دو پیش بینی کننده یک مدل بی‌ثباتی مشابه را به کار گیرند، استفاده کننده از پیش بینی با یک تابع زیان متقارن تر در می‌یابد که ترکیب دو پیش بینی بهتر از پیش بینی منفرد می‌باشد.

۳- رویکرد آماری ترکیب پیش بینی‌ها

در بخش حاضر به اجمال روش آماری تعیین وزن‌های بهینه ترکیب پیش‌بینی‌ها مورد بررسی قرار گرفته و در ادامه منفعت تنوع حاصله از ترکیب پیش‌بینی‌ها اثبات می‌شود.

فرض کنید، مسئله‌ای با دو رویکرد پیش بینی (y) در دست باشد، در این حالت در خصوص خطای رویکرد اول خواهیم داشت $e_1 = y - \hat{y}_1$ و در خصوص رویکرد دوم $e_2 = y - \hat{y}_2$. فرض کنید که خطاهای پیش بینی بدون تورش باشند، در نتیجه خواهیم داشت $e_1 \sim (0, \sigma_1^2)$, $e_2 \sim (0, \sigma_2^2)$ به طوری که $\sigma_1^2 = \text{var}(e_1)$, $\sigma_2^2 = \text{var}(e_2)$. عبارت است از کواریانس بین e_1 و e_2 و ρ_{12} نیز نشان

دهنده ضریب همبستگی بین ایندو می باشد. از سوی دیگر قیدی برقرار است که بر اساس آن جمع وزنه‌های ترکیب برابر یک باشند در اینصورت وزن مربوط به پیش بینی رویکرد اول و دوم به ترتیب عبارتند از $(\omega, 1-\omega)$. خطای پیش بینی برای مدل ترکیبی نیز عبارت خواهد بود از $e^c = y - \omega \hat{y}_1 - (1-\omega) \hat{y}_2$ که شکل کلی آن به صورت زیر می‌باشد:

$$e^c = \omega e_1 - (1-\omega) e_2 \quad 1$$

در نتیجه واریانس خطای مدل ترکیبی عبارت خواهد بود از:

$$\sigma_c^2(\omega) = \omega^2 \sigma_1^2 + (1-\omega)^2 \sigma_2^2 + 2\omega(1-\omega) \sigma_{12} \quad 2$$

لازم به ذکر است با توجه به فرضیات، کمینه نمودن میزان واریانس، معادل با کمینه نمودن میانگین مربع خطا می باشد.

با مشتق گیری از رابطه (۲) نسبت به ω و برابر با صفر قرار دادن آن، خواهیم داشت:

$$\omega^* = \frac{\sigma_2^2 - \sigma_{12}}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2 - 2\sigma_{12}} \quad 3$$

$$1 - \omega^* = \frac{\sigma_1^2 - \sigma_{12}}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2 - 2\sigma_{12}} \quad 4$$

همانطور که دیده می‌شود وزن بیشتر به مدل‌هایی اختصاص می‌یابد که پیش‌بینی‌های دقیق‌تری به دست دهند (واریانس‌های خطای پیش‌بینی کمتری داشته باشند). وزن منفی مربوط به یک پیش‌بینی به طور روشن به این معنا نمی‌باشد که آن ارزشی برای پیش‌بینی کننده ندارد. در واقع در صورتی که $\rho_{12} > \sigma_2 / \sigma_1$ ، وزن‌های ترکیب محدب نبوده و یکی از وزن‌ها برابر یک خواهد شد، و دیگری منفی (بون، ۱۹۸۵).

با جایگزین نمودن ω^* در تابع هدف (۲)، تابع مربع زیان انتظاری مرتبط با وزن‌های بهینه عبارت خواهد شد از:

$$\sigma_c^2(\omega^*) = \frac{\sigma_1^2 \sigma_2^2 (1 - \rho_{12}^2)}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2 - 2\rho_{12} \sigma_1 \sigma_2} \quad 5$$

به آسانی قابل تشخیص است که $\sigma_c^2(\omega^*) \leq \min(\sigma_1^2, \sigma_2^2)$ در واقع، منفعت ناشی از تنوع تنها در صورتی که σ_1 یا σ_2 برابر با صفر باشد یا اینکه $\sigma_1 = \sigma_2$ و $\rho_{12} = 1$ یا $\rho_{12} > \sigma_2 / \sigma_1$ صفر خواهد شد.

جالب است تا واریانس خطای پیش بینی مدل بهینه ترکیبی (۳ و ۴) را با واریانس صورت ترکیبی که در آن وزن‌ها تنها بر اساس معکوس مقادیر میانگین مربعات خطا (MSE) نسبی در نظر گرفته شده‌اند و از همبستگی بین خطاهای پیش بینی چشم‌پوشی شده است، مقایسه نمود:

$$\omega_{inv} = \frac{\sigma_2^2}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2} \quad 1 - \omega_{inv} = \frac{\sigma_1^2}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2} \quad 6$$

این وزن‌ها به واریانس خطای پیش بینی زیر منتج می‌شوند:

$$\sigma_{inv}^2 = \frac{\sigma_1^2 \sigma_2^2 (\sigma_1^2 + \sigma_2^2 + 2\rho_{12} \sigma_1 \sigma_2)}{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)^2} \quad 7$$

پس از انجام عملیات جبری می‌توان نسبت واریانس خطای پیش بینی این وضعیت به ارزش آن بر اساس وزن‌های بهینه $\sigma_c^2(\omega^*)$ در رابطه ۵ را به صورت زیر به دست آورد:

$$\frac{\sigma_{inv}^2}{\sigma_c^2(\omega^*)} = \left(\frac{1}{1 - \rho_{12}^2} \right) \left(1 - \left(\frac{2\rho_{12}}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2} \right)^2 \right) \quad 8$$

در صورتی که $\sigma_1 \neq \sigma_2$ ، این نسبت از مقدار واحد تجاوز می‌کند مگر اینکه $\rho_{12} = 0$. هنگامی که $\sigma_1 = \sigma_2$ ، این نسبت همواره برابر واحد خواهد شد بدون توجه به اینکه ρ_{12} چه ارزشی در بر دارد و در این شرایط $\omega_{inv} = \omega^* = 1/2$. وزن‌های یکسان هنگامی که ترکیب دو پیش بینی به این نتیجه می‌رسد که واریانس‌های خطای دو پیش بینی یکسان هستند، بهینه است.

مثال جالب دیگر در خصوص ترکیب با وزن‌های یکسان عبارت است از $\hat{y}^{new} = (1/2)(\hat{y}_1 + \hat{y}_2)$. بر این اساس وزن‌های واریانس خطای پیش بینی عبارت خواهد بود از:

$$\sigma_{ew}^2 = \frac{1}{4}\sigma_1^2 + \frac{1}{4}\sigma_2^2 + \frac{1}{2}\sigma_1\sigma_2\rho_{12} \quad 9$$

همچنین نسبت $\frac{\sigma_{ew}^2}{\sigma_c^2(\omega^*)}$ عبارت است از:

$$\frac{\sigma_{ew}^2}{\sigma_c^2(\omega^*)} = \frac{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)^2 - 4\sigma_1^2\sigma_2^2}{4\sigma_1^2\sigma_2^2(1 - \rho_{12}^2)} \quad 10$$

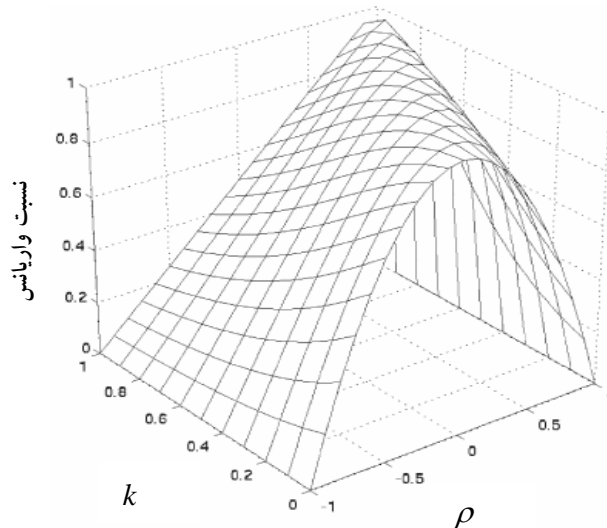
میزان نسبت فوق همواره بزرگتر از واحد خواهد بود مگر اینکه $\sigma_1 = \sigma_2$.

در نهایت، بعنوان شاخصی از منفعت تنوع حاصله از ترکیب دو پیش بینی طبیعی است که $\sigma_c^2(\omega^*)$ با $\min(\sigma_1^2, \sigma_2^2)$ مقایسه شود. فرض کنید $\sigma_1 > \sigma_2$ و $k = \sigma_2 / \sigma_1$ به صورتی تعریف شود که $k < 1$. بنابراین خواهیم داشت:

$$\frac{\sigma_c^y(\omega^*)}{\sigma_y^y} = \frac{1 - \rho_{12}^y}{1 + k^y - 2\rho_{12}^y k}$$

شکل (۱) بیان گرافیکی این نسبت به صورت تابعی از ρ_{12} و k می‌باشد. منفعت تنوع تابعی پیچیده از همبستگی بین دو خطای پیش بینی ρ_{12} و نسبت واریانس خطاها k است.

شکل ۱- منفعت تنوع ناشی از ترکیب دو پیش بینی



در واقع، علامت مشتق منفعت کارایی نسبت به k یا ρ_{12} ، متغیر است.

$$\frac{\partial(\sigma_c^y(\omega^*)/\sigma_y^y)}{\partial\rho_{12}} \propto k\rho_{12}^y - (1+k^y)\rho_{12} + k$$

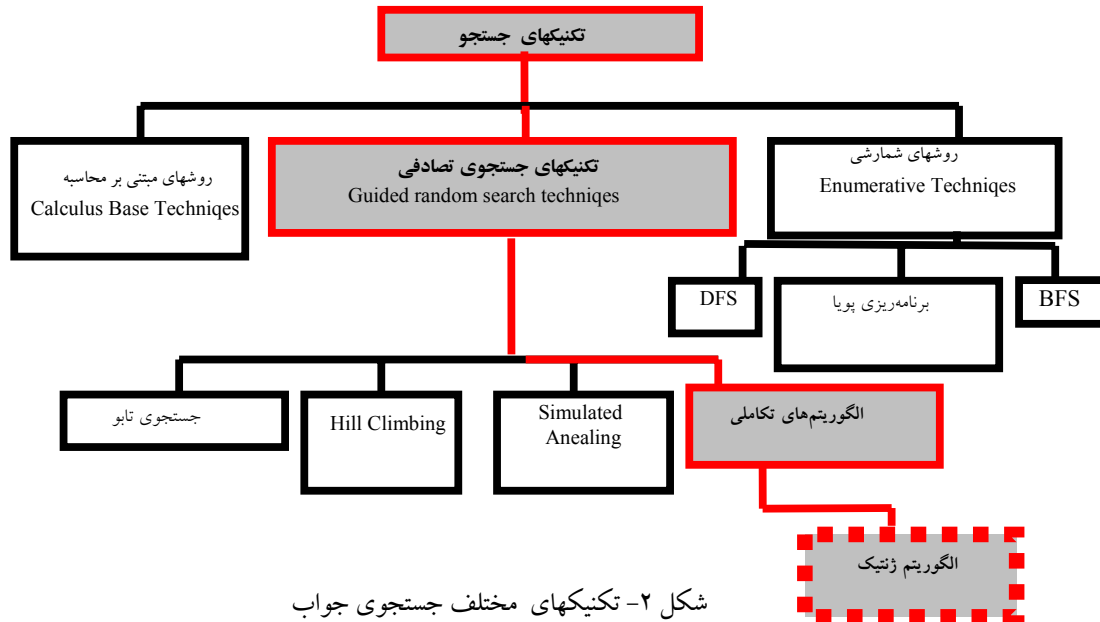
با دیفرانسیل گیری از رابطه ۱۱ نسبت به ρ_{12} ریشه‌های زیر به دست می‌آید:

$$\frac{1+k \pm (1-k^y)}{2k} = (k; 1/k)$$

تنها هنگامی که $k=1$ به طوری که $\sigma_c^y = \sigma_y^y$ ، منفعت کارایی، تابعی صعودی از ρ_{12} خواهد شد در غیر اینصورت علامتش تغییر می‌کند به طوری که در بازه $[-1; k]$ مثبت و در بازه $[k; 1]$ منفی می‌باشد که از شکل (۱) نیز قابل مشاهده است. در شکل مذکور دیده می‌شود که تنوع ناشی از ترکیب هنگامی که $k=1$ باشد، کارا تر می‌باشد.

در سطور پیشین صرفاً به موضوع ترکیب دو پیش بینی اشاره شد، اما در صورتی که تعداد رویکردهای پیش بینی بیش از دو باشد، حل مسئله یافتن وزن‌های بهینه به حل یک دستگاه معادلات تبدیل می‌گردد که از پیچیدگی‌های بسیاری برخوردار می‌باشد. با توجه به مشکلاتی که در استخراج وزن‌ها با استفاده از

رویکردهایی نظیر رویکرد فوق وجود دارد، در گزارش حاضر از الگوریتم ژنتیک که جزء تکنیکهای جستجوی تصادفی است جهت محاسبه وزنهای ترکیبی استفاده می‌گردد(شکل ۲).



شکل ۲- تکنیکهای مختلف جستجوی جواب

۴- الگوریتم ژنتیک

ایده محاسبه تکاملی^۱ در دهه ۱۹۶۰ توسط رچنبرگ(Rechenberg) در کتابی با عنوان "استراتژی‌های تکامل^۲" معرفی شد. ایده وی سپس توسط سایر محققان بسط یافت. الگوریتم ژنتیک که مبتنی بر محاسبات تکاملی است اولین بار توسط جان هالند(۱۹۷۵) مطرح گردید. و سپس توسط جان کوزا(۱۹۹۲) عمومیت یافت. الگوریتم ژنتیک، یک مدل محاسباتی احتمالی است که از تئوریهای تکامل بیولوژیکی، از قبیل وراثت ژنتیک و اصل تناظر بقای داروین بهره می‌برد. الگوریتم ژنتیک روشهای جستجوی کاملاً موازی را برای مسائل پیچیده بهینه‌سازی ارائه می‌نماید.

الگوریتم‌های ژنتیک تفاوت‌های اساسی با روش‌های جستجو و بهینه‌سازی متداول دارند که گلدبرگ(۱۹۸۹) این تفاوت‌ها را به صورت ذیل خلاصه کرده است(به نقل از فقیه(۱۳۸۳):

- الف - الگوریتم‌های ژنتیک با کدینگی از مجموعه جوابها کار می‌کنند، نه با خود آنها.
- ب- الگوریتم‌های ژنتیک در جمعیتی از جواب ها جستجو می‌کند، نه در یک جواب منفرد.

^۱ - Evolutionary Computing

^۲ - Evolution Strategies

ج - الگوریتم‌های ژنتیک از اطلاعات تابع هدف استفاده می‌کنند، نه از مشتق یا اطلاعات کمکی دیگر.

د - الگوریتم‌های ژنتیک قواعد انتقال احتمالی را استفاده می‌کنند، نه قواعد قطعی و متداول ریاضی را.

باتوجه به تفاوت‌های گفته شده و آنچه تاکنون در مورد الگوریتم‌های ژنتیک گفته شد میتوان برتری‌های عمده الگوریتم‌های ژنتیک در حل مسائل بهینه‌سازی را به شرح ذیل ارائه نمود (فقیه (۱۳۸۳) به نقل از عبدالعلی‌زاده (۱۳۸۱):

۱- الگوریتم ژنتیک نیازمندی‌های ریاضی خاصی نداشته و بدون توجه به عملکرد درونی مسئله به حل مسائل بهینه‌سازی می‌پردازد. این الگوریتم قادر به حل هرگونه محدودیتی (برای مثال خطی یا غیرخطی) می‌باشد که روی فضای جستجو پیوسته، ناپیوسته و یا مختلط تعریف شده باشند.

۲- ساختار عملگرهای الگوریتم ژنتیک، این الگوریتم را قادر می‌سازد تا در یافتن جواب‌های بهینه کلی موفق عمل کند. در حالیکه در روش‌های سنتی، جستجو از طریق مقایسه با نقاط همسایه انجام یافته و حرکت به سوی نقاط بهینه نسبی صورت گیرد. جواب بهینه کلی تنها وقتی می‌تواند بدست آید که خواص همگرایی مسئله موجب شود هر جواب بهینه نسبی، جواب بهینه کلی نیز باشد.

۳- الگوریتم ژنتیک انعطاف پذیری بالایی را جهت تلفیق با تکنیک‌های ابتکاری فراهم می‌سازد و از این طریق حل کارا و موثر یک مسئله را میسر می‌سازد.

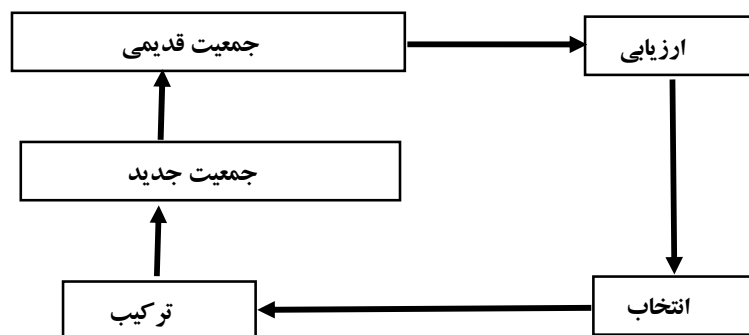
مدلهای مبتنی بر الگوریتم ژنتیک برای تحقق به چهار عنصر اصلی زیر نیازمندند:

- جمعیت اولیه: یک مجموعه اولیه از اعضا (کروموزم‌ها) که معمولاً بصورت رشته‌هایی از ژن‌ها (بیت‌ها) کد می‌شوند و جوابهایی از مسئله را ارائه می‌نمایند.
- تابع ارزیابی^۱: روشی برای اندازه‌گیری میزان برازندگی هر عضو (جواب) می‌باشد.
- انتخاب: فرایندی است برای گزینش اعضای مناسب برای تولید و ترکیب مجدد.
- عملگرهای ژنتیک: که برای تولید اعضای جدید و تکامل تدریجی بکار می‌روند.

الگوریتم مذکور دارای چرخه‌ای مشابه شکل (۳) است. اولین مرحله ایجاد جمعیت اولیه از کروموزم‌ها بصورت تصادفی می‌باشد. سپس میزان برازندگی هر یک از اعضا (کروموزم‌ها) در جمعیت، ارزیابی و تعیین می‌گردد و مرحله انتخاب بر اساس میزان برازندگی اعضا انجام می‌پذیرد. یعنی تعدادی از برازنده‌ترین کروموزم‌ها برای تولید مجدد انتخاب می‌گردند. در انتها عملگرهای ژنتیک (تقاطع و جهشی) اعضای انتخاب شده را مورد

^۱. Fitness Function

عمل قرار می‌دهند. بدین صورت که کدهای ژنتیک آنها را اصلاح و ترکیب می‌کنند. این چرخه وقتی یکبار انجام می‌گیرد یک نسل نامیده می‌شود و تا رسیدن به شرط توقف حلقه مراحل فوق مرتباً تکرار می‌گردند. می‌توان مراحل این الگوریتم را به صورت جزئی تر به صورت شکل (۴) بیان نمود.



شکل ۳- چرخه الگوریتم

جمعیت اولیه: جمعیت اولیه از جوابها معمولاً در یک فرایند جستجوی تصادفی بدست می‌آید. تعیین یک دامنه مشخص و یا اطلاعات محدود کننده دیگر می‌تواند فرایند انتخاب را بهبود بخشد. در الگوریتم پیشنهادی از یک فرایند جستجوی همسایگی برای یافتن جواب استفاده می‌شود و از بین جوابهای بدست آمده، جوابهایی که از حد بالایی از هزینه (در اینجا MSE) گذر نکنند، انتخاب می‌گردند.

ارزیابی: پس از آنکه جمعیت اولیه و یا جمعیتی از جوابهای جدید (نوزادها) تولید شد، ارزش تابع برازندگی برای هر یک از پاسخهای کاندید سنجیده می‌شود.

انتخاب: انتخاب کروموزومهای والد از میان جمعیت اولیه بطور تصادفی انجام می‌گیرد با این توضیح که جوابهایی که دارای ارزش برازندگی بالاتری می‌باشند امکان انتخاب بیشتری دارند. به عبارت دیگر انتخاب

جوابهای بهتر به جوابهای بدتر ترجیح دارد که بسیاری از روش‌های انتخاب از جمله *roulette-wheel*، *ranking stochastic universal* بر اساس این ایده عمل می‌کنند.^۱

عملگر تقاطعی: این عملگر با احتمال از پیش تعیین شده ای اجرا می‌گردد (اغلب $P_{cr} > 0.9$). عملگر تقاطعی، ترکیب عناصری از دو یا چند جواب والد است که یک جواب جدید (نوزاد) را نتیجه می‌دهد. راه‌های زیادی برای این ترکیب وجود دارد، از اینرو انتخاب یک عملگر مناسب بر کارایی الگوریتم تاثیر دارد. در بخش بعدی روش‌های مورد مطالعه در الگوریتم پیشنهادی تشریح می‌گردد.^۲

عملگر جهشی: پس از اجرای عملگر تقاطعی روی کروموزم‌های والد، عملگر جهشی بطور تصادفی (اغلب $P_{mu} < 0.2$)، روی آن‌ها اعمال می‌گردد. البته لازم به ذکر است که هر گاه میزان همگرایی در جمعیت از مقدار معلومی بیشتر گردد، احتمال جهش در آن نسل افزایش می‌یابد. جهش انواع مختلفی دارد ولی اغلب آنها به صورتی عمل می‌کنند که یک جواب نزدیک والد به وجود می‌آید. به عبارت دیگر جهش نوعی قدم زدن تصادفی در حول و حوش جواب والد می‌باشد.^۳

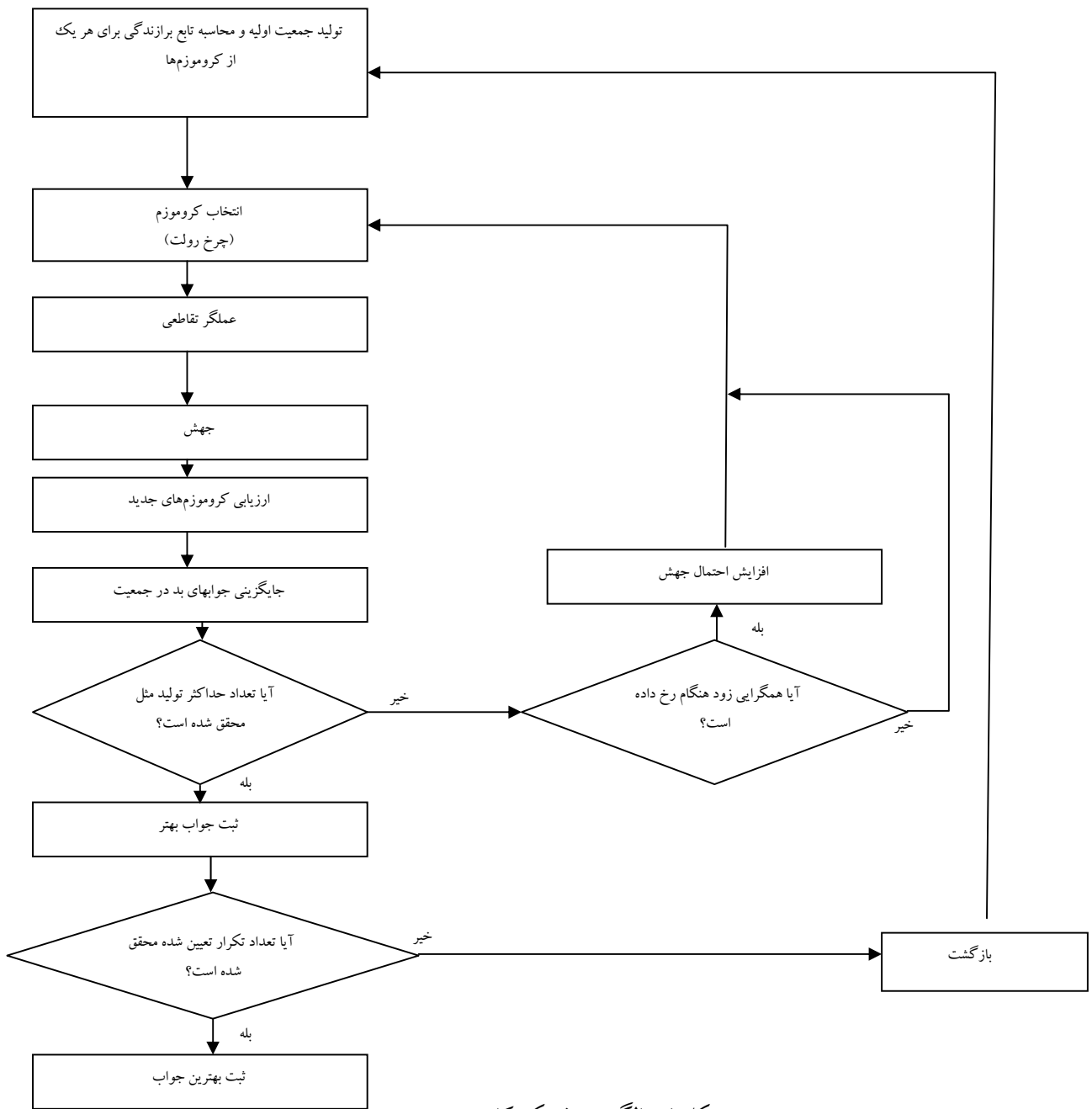
جایگذاری جمعیت: پس از آنکه جمعیت جدیدی از جوابها در فرایند انتخاب، ترکیب و جهش بوجود آمد.

این جمعیت با جمعیت قبلی عوض می‌شود. روش‌های مختلفی برای این جابجایی مانند *Delet all* این جمعیت با جمعیت قبلی عوض می‌شود. روش‌های مختلفی برای این جابجایی مانند *Delet all* تمامی جمعیت قبلی از بین رفته و جمعیت جدید جایگذاری می‌شود. در روش *steady-state* تعدادی از جمعیت اولیه که دارای برازندگی کمتری هستند از بین رفته و جمعیت جدید با ارزش برازندگی بالاتر جایگزین آنها می‌شوند.

^۱ - به پیوست ۱ مراجعه شود.

^۲ - همان

^۳ - همان



شکل ۴- الگوریتم ژنتیک کاربردی

همگرایی: در هر تکرار الگوریتم باید جمعیت بدست آمده از نظر همگرایی ارزیابی گردد. بدین جهت شاخصی را می‌توان بصورت نسبت حداقل جواب در جمعیت به متوسط جواب در جمعیت تعریف نموده و با مقداری از پیش تعیین شده مقایسه نمود و در صورت همگرایی جمعیت احتمال جهش را افزایش داد.

۵- کاربرد الگوریتم ژنتیک در ترکیب پیش‌بینی‌ها

در الگوریتم ژنتیک ترکیب‌های مختلفی از ژن‌ها توسط عملگرهای ژنی شکل می‌گیرند تا در نتیجه این تغییرات کروموزم‌ها به جواب بهینه نزدیک شوند. سه نوع عملگر ژنی: تقاطعی^۱، جهشی^۲، و بازآفرینی^۳ وجود دارد. عملگر تقاطعی دو کروموزوم را در بر می‌گیرد که با یکدیگر ترکیب شده و دو کروموزوم دیگر را بوجود می‌آورند. عملگر جهشی روی یک کروموزوم عمل نموده و تغییر تصادفی روی آن ایجاد می‌نماید و ترکیبی جدید از ژن‌ها را بوجود می‌آورد. در صورتی که خواسته باشیم از محدوده‌ای از جوابها جهش نمائیم و به جوابهایی جدیدتر برسیم از آن استفاده می‌نماییم. عملگر دیگر بازآفرینی است که این عملگر به طور تصادفی یک کروموزوم از جمعیت قبل انتخاب نموده و به نسل بعدی انتقال می‌دهد.

الگوریتم ژنتیک مورد بحث ابتدا تعدادی جواب اولیه را به صورت تصادفی تولید می‌نماید. از آنجاییکه انتخاب وزنها مناسب اولیه تاثیر بسزایی در پاسخ نهایی الگوریتم دارد، از بین جواب‌های بدست آمده تنها جوابهایی را به عنوان جمعیت اولیه انتخاب می‌نماید که دارای هزینه (برازندگی) قابل قبولی باشند جوابهای اولیه انتخابی به صورت کروموزوم در می‌آیند. کروموزوم‌ها به صورت تصادفی (بر اساس احتمالهایی مبتنی بر برازندگی) از بین آنها برای تولید نسل بعدی انتخاب می‌گردند. در تولید نسل بعدی هر یک از عملگرها به صورت تصادفی روی کروموزوم‌های انتخابی اعمال شده و در حین تولید هر نسل بهترین کروموزوم انتخاب می‌گردد.

در روش الگوریتم ژنتیک پیشنهادی میانگین مربعات خطا (MSE) به عنوان تابع زیان در نظر گرفته می‌شود و با استفاده از یک فرایند تکراری، وزن هر یک از رویکردهای پیش‌بینی که کروموزوم‌های الگوریتم پیشنهادی را تشکیل می‌دهند، به هنگام (Update) می‌گردد و این فرایند با به کارگیری عملگرهای ژنی تا آنجا ادامه می‌یابد که میزان خطا یا تابع زیان به میزان مطلوبی کاهش یابد، و در نهایت بهترین کروموزوم‌ها یا همان وزن‌های پیش‌بینی‌ها به دست می‌آیند.

^۱. Crossover

^۲. Mutation

^۳. Reproduction

۵-۱- طرح ژن‌ها (نمایش کروموزوم‌ها)

ژنهای تشکیل دهنده کروموزوم در این مسئله معادل وزنهایی است که به هر یک از روشها داده می شود. به عنوان مثال کروموزوم w از n ژن $(w(j), j=1, 2, \dots, n)$ تشکیل می شود که $w(j)$ وزن مربوط به رویکرد j ام است.

۵-۲- عملگرهای ژنی

۵-۲-۱- عملگر تقاطعی

در عملگر تقاطعی دو کروموزوم w_1 و w_2 از جمعیت موجود (با M عضو) به صورت تصادفی انتخاب می شوند. که هر کروموزوم w_i ($i=1, 2, \dots, M$) دارای n ژن برابر با تعداد وزنهای $(w_i = \{w_i(j) | j=1, 2, \dots, n\})$ می باشد. با استفاده از این دو کروموزوم والد، دو فرزند تولید می گردد.

روش اول:

$$w'_1 = \alpha w_1 + (1 - \alpha) w_2,$$
$$w'_2 = \alpha w_2 + (1 - \alpha) w_1$$

روش دوم:

$$w'_1(j) = w_1(j) + \alpha(\max(w_1(j), w_2(j)) - \min(w_1(j), w_2(j))), \quad j = 1, 2, \dots, n,$$
$$w'_2(j) = w_2(j) + (1 - \alpha)(\max(w_1(j), w_2(j)) - \min(w_1(j), w_2(j))), \quad j = 1, 2, \dots, n.$$

که α عددی ثابت یا تصادفی بین صفر و یک. و w'_1 و w'_2 نیز دو فرزند جدید بدست آمده از عملگر تقاطعی است.

در گزارش حاضر هر دو روش فوق مورد بررسی قرار گرفت و با توجه به اینکه روش دوم نتایج مطلوبتری به دست می داد، لذا این روش بر روش اول ترجیح داده شد. به عبارتی α بعنوان یک پارامتر تصادفی لحاظ گردیده و احتمال اجرای عملگر تقاطعی برابر ۰٫۹۵ در نظر گرفته شد.

۵-۲-۲- عملگر جهشی

در عملگر جهشی یک کروموزوم w به صورت تصادفی انتخاب می گردد و یک کروموزوم جدید بصورت زیر تولید می شود:

$$w'(j) = w_1(j) + \alpha * rnd, \quad j = 1, 2, \dots, n$$

در رابطه فوق α عددی ثابت و rnd عددی تصادفی بین صفر و یک است. در الگوریتم ژنتیک پیشنهادی α برابر با ۰,۲ و احتمال جهش برابر نیز برابر با ۰,۲ در نظر گرفته شد. با این توضیح که هر گاه میزان شاخص همگرایی در جمعیت از ۰,۸ بیشتر شد، احتمال جهش در نسل بعدی به ۰,۸ افزایش می‌یابد.

۵-۳- تابع برازندگی

برای ارزیابی جواب‌های خوب و یک انتخاب طبیعی، نیاز به یک شاخص برای تشخیص جواب‌های خوب از بد است. این شاخص یک تابع هدف می‌باشد که می‌تواند بر پایه یک مدل ریاضی و یا یک شبیه‌سازی کامپیوتری و یا بر اساس معیارهایی کیفی باشد که افراد بتوانند جواب بهتر را بر اساس آنها تشخیص دهند. در اصل شاخص برازندگی به هر یک جواب‌های موجود در جمعیت مقداری را اختصاص می‌دهد که از این طریق بتوان جواب‌های خوب را تشخیص داد و احتمال انتخاب آنها را برای تولید جمعیت بعدی مقادیر بالاتری قرار داد. بر این اساس در مسئله مورد بررسی مقدار تابع برازندگی می‌تواند برابر با میزان میانگین مربعات خطا (MSE) شود با این توضیح که هر چه میزان MSE برای یک کروموزوم یا جواب کمتر باشد، جواب مورد نظر برازنده تر است. احتمال انتخاب در هر بار تولید نسل بر اساس میزان تابع برازندگی که در الگوریتم پیشنهادی مورد استفاده قرار گرفته بدین شرح است:

$$P(k) = \frac{\max_i (MSE_i) - MSE_k + 1}{\sum_{i=1}^M (\max_i (MSE_i) - MSE_i + 1)}$$

$$MSE = \left(\sum_{l=1}^z \left(\sum_{j=1}^n w_l g_{l,j} - f_j \right)^2 \right) / n$$

که در آن:

$P(k)$: احتمال انتخاب کروموزوم k ام

M : اندازه جمعیت

MSE_i : میانگین مربعات خطای متناظر با کروموزوم i ام

$\max_i (MSE_i)$: ماکزیمم MSE در جمعیت

z : تعداد فصول حل مدل (in sample)

n : تعداد رویکردهای پیش بینی

۵-۴- همگرایی

در الگوریتم ژنتیک به منظور فرار از قرار گرفتن در یک بهینه محلی و پوشش نواحی گسترده ای از فضای جواب، شاخصی تحت عنوان شاخص همگرایی مطرح می گردد. این شاخص برابر با نسبت تابع برازندگی بهترین جواب در هر جمعیت نسبت به میانگین توابع برازندگی در کل آن جمعیت می باشد. هر گاه میزان این شاخص از مقدار از پیش تعیین شده ای افزایش یابد، نشاندهنده خطر قرار گرفتن در یک بهینه محلی است. از اینرو میزان احتمال جهش افزایش می یابد، تا با تغییر تصادفی در کروموزم های والد فضای گسترده تری از جواب جستجو گردد. در بخش نتایج مقایسه ای بین دو فرایند جستجوی یکسان با در نظر گرفتن همگرایی و عدم آن صورت گرفته است.

۵-۵- اندازه جمعیت

اندازه جمعیت، غالباً از پارامترهای اثرگذار در کارایی الگوریتم می باشد. برای مثال اگر اندازه جمعیت کوچک در نظر گرفته شود، ممکن است منجر به همگرایی زود هنگام شود. از سوی دیگر اگر اندازه جمعیت بزرگ در نظر گرفته شود ممکن است زمان اجرای الگوریتم بیش از حد زیاد شود. در الگوریتم مورد استفاده اندازه جمعیت ۱۶ در نظر گرفته شده است.

۶- نتایج مدل

در بررسی حاضر از پیش بینی های تورم که با استفاده از شش رویکرد مختلف صورت گرفته استفاده شده است. این رویکردها عبارتند از رویکرد قیمت داراییها، تقاضای پول، اثر میان گذر نرخ ارز، قیمت های نسبی، تقاضای شرطی پول و بیکاری همراه با تورم غیرشتابان (NAIRU). پس از حل مدل، از هر یک از مدل های فوق برای ۱۶ فصل از فصل اول ۱۳۸۲ تا فصل چهارم ۱۳۸۵ پیش بینی درون نمونه ای (in sample) گرفته شده که نتایج مربوطه در جدول (۱) آمده است.

جدول ۱ - پیش بینی درون نمونه‌ای تورم شاخص قیمت مصرف کننده با استفاده از رویکردهای مختلف

رویکردهای پیش بینی							
فصول	محقق شده	قیمت دارایی‌ها	تقاضای پول	اثر میانگذر نرخ ارز	قیمتهای نسبی	تقاضای پول شرطی	NAIRU
۱۳۸۲-۱	۱۶/۸	۱۶/۱	۱۵/۳	۱۴/۰	۱۷/۷۴	۱۵/۹	۱۶/۰
۱۳۸۲-۲	۱۶/۰	۱۷/۷	۱۵/۰	۱۳/۱	۱۷/۰۳	۱۴/۶	۱۷/۵
۱۳۸۲-۳	۱۵/۷	۱۹/۳	۱۶/۲	۱۴/۷	۱۵/۲۳	۱۵/۲	۱۷/۱
۱۳۸۲-۴	۱۴/۲	۱۷/۳	۱۶/۸	۱۴/۴	۱۴/۶۷	۱۳/۷	۱۴/۶
۱۳۸۳-۱	۱۴/۱	۱۷/۵	۲۰/۰	۱۵/۸	۱۳/۰۳	۱۳/۴	۱۴/۰
۱۳۸۳-۲	۱۴/۹	۱۷/۶	۱۹/۶	۱۶/۹	۱۱/۹۸	۱۱/۳	۱۴/۶
۱۳۸۳-۳	۱۵/۸	۱۷/۸	۱۹/۳	۱۷/۴	۱۰/۸۲	۱۰/۱	۱۵/۱
۱۳۸۳-۴	۱۶/۰	۱۸/۱	۱۹/۰	۱۷/۰	۱۱/۴۷	۹/۸	۱۵/۸
۱۳۸۴-۱	۱۵/۹	۱۷/۹	۱۵/۹	۱۷/۳	۱۱/۴۶	۸/۶	۱۶/۱
۱۳۸۴-۲	۱۱/۱	۱۷/۸	۱۶/۵	۱۸/۰	۱۲/۰۰	۹/۷	۱۵/۹
۱۳۸۴-۳	۱۱/۰	۱۷/۷	۱۶/۷	۱۷/۸	۱۲/۲۳	۱۱/۳	۱۱/۰
۱۳۸۴-۴	۱۰/۵	۱۷/۸	۱۷/۵	۱۷/۷	۱۳/۶۰	۱۲/۸	۱۱/۲
۱۳۸۵-۱	۸/۸	۱۷/۷	۲۰/۹	۱۸/۲	۱۳/۹۶	۱۵/۲	۱۰/۲
۱۳۸۵-۲	۱۳/۲	۱۷/۶	۲۱/۰	۱۸/۷	۱۴/۴۰	۱۷/۲	۸/۸
۱۳۸۵-۳	۱۵/۲	۱۷/۸	۲۲/۱	۱۸/۷	۱۴/۱۸	۱۹/۷	۱۳/۳
۱۳۸۵-۴	۱۷/۲	۱۷/۶	۲۲/۲	۱۸/۵	۱۴/۶۹	۲۲/۴	۱۵/۳

مآخذ: گزارش تورم سه ماهه اول ۱۳۸۶ (دایره طراحی الگوها و مدل‌سازی)

این پیش بینی‌های درون نمونه‌ای بعنوان ورودی الگوریتم ژنتیک لحاظ شده و پس از اعمال تابع برازش و عملگرهای مربوطه در ۱۲۵۰ نسل، نهایتاً خروجی الگوریتم که عبارتند از وزن‌های مربوط به هر یک از رویکردها، به شرح جدول (۲) استخراج شدند.

همانطور که در جدول (۲) دیده می‌شود الگوریتم ژنتیک با استفاده از دو رویکرد یعنی با در نظر گرفتن همگرایی و نیز بدون در نظر گرفتن همگرایی برنامه‌ریزی شده است. به طوری که در صورت بروز همگرایی شدید بین حداقل و میانگین در هر نسل احتمال جهش ژنی افزایش داده می‌شود.

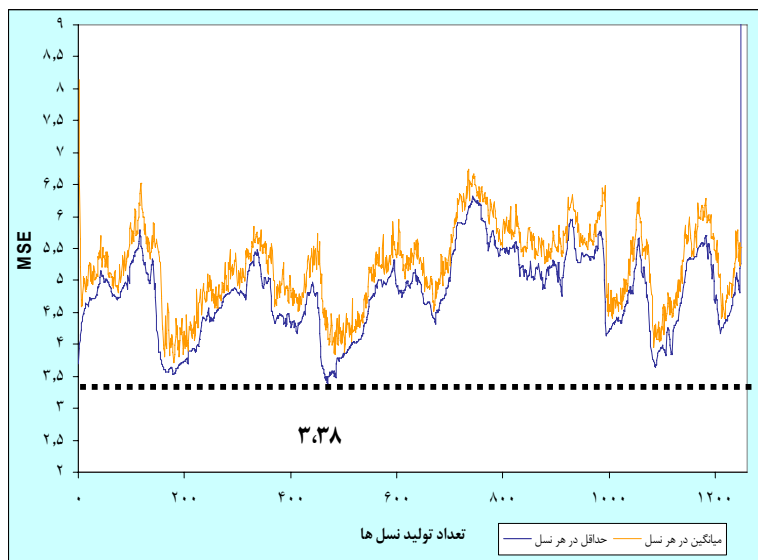
جدول ۲- وزن مربوط به هر یک از رویکردهای پیش بینی تورم در ترکیب پیش‌بینی‌ها

MSE	رویکردهای مختلف پیش بینی تورم						رویکردها
	قیمت دارایی‌ها	تقاضای پول	اثر میانگذر نرخ ارز	قیمتهای نسبی	تقاضای پول شرطی	NAIRU	
۳/۳۸	۰/۰۶	۰/۰۸	۰/۰۹	۰/۲۲	۰/۱۰	۰/۴۶	وزن (بدون در نظر گرفتن همگرایی)
۳/۲۸	۰/۰۷	۰/۰۴	۰/۰۵	۰/۳۵	۰/۰۵	۰/۴۵	وزن (با در نظر گرفتن همگرایی)

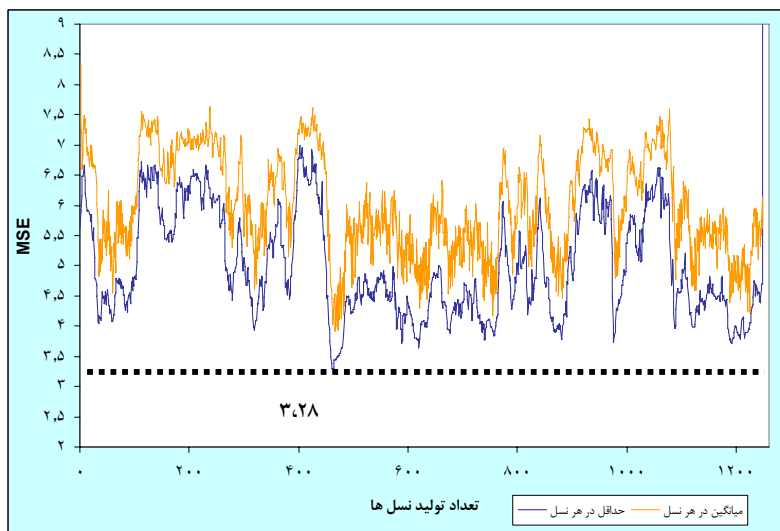
مآخذ: محاسبات نویسنده

استدلال مربوط به استفاده از دو نوع احتمال جهش ژنی این است که همانطور که در شکل ۵ دیده می‌شود، یک نوع همگرایی بین میانگین MSE در هر نسل و حداقل MSE در هر نسل وجود دارد برای اینکه به

جوابهای بهتری در جستجوی ۱۲۵۰ نسلی دست یابیم، مناسبتر است هنگامی که همگرایی بین میانگین و حداقل به میزان بالایی رسید (بزرگتر از ۰,۸)، احتمال جهش ژنی افزایش یابد که در اینصورت می‌توان به جوابهای بهتری دست یافت (شکل ۶). همانطور که دیده می‌شود با برقراری شرط مذکور MSE از ۳,۳۸ به ۳,۲۸ کاهش پیدا کرده است.



شکل ۵- میانگین و حداقل MSE تولید شده در هر نسل بدون در نظر گرفتن همگرایی



شکل ۶- میانگین و حداقل MSE تولید شده در هر نسل با در نظر گرفتن همگرایی

نهایتاً با اعمال وزن‌های استخراجی از الگوریتم ژنتیک، تورم پیش بینی شده در جدول (۳) نشان داده شده است.

جدول ۳ - پیش بینی تورم مربوط به فصول سال ۱۳۸۶ با استفاده از مدل ترکیبی

رویکرد	روش مدلسازی	q۱	q۲	q۳	q۴
اثرات میان گذر قیمت نفت	SVAR	۱۶/۳	۱۸/۰	۱۹/۲	۱۸/۱
روش تقاضای پول	CVAR	۱۶/۱	۱۷/۲	۱۶/۸	۱۷/۱
روش تورم پایه (قیمتهای نسبی)	STSM	۱۴/۵	۱۷/۲	۱۷/۹	۱۸/۳
رابطه قیمت دارائیهها	SVAR	۱۸/۶	۲۰/۲	۱۹/۰	۱۶/۷
رویکرد تقاضای پول شرطی	ECM	۱۹/۵	۱۸/۲	۱۶/۲	۱۴/۶
NAIRU	STATE-SPACE	۱۸/۷	۱۹/۶	۱۸/۸	۱۷/۶
مدل ترکیبی	Genetic Algorithm	۱۷/۰	۱۸/۶	۱۸/۳	۱۷/۶

مآخذ: محاسبات نویسنده

۷- جمع بندی و نتیجه گیری

کلمن (۱۹۸۹، ص ۵۶۷) در مروری بر مطالعات کلاسیک ترکیب پیش بینی ها، به این نتیجه گیری می رسد که "ترکیب پیش بینی ها نشان داده اند که عملی، اقتصادی و مفید می باشند". در این خصوص مطالعات بسیاری صورت گرفته که دیگر جایی برای تفسیر بیشتر باقی نمی گذارد (تیمرمن (۲۰۰۶)، ص ۱۹۳).

در گزارش پیش رو نیز با اذعان به این موضوع، هدف ترکیب نتایج پیش بینی تورم شاخص قیمت مصرف کننده حاصله از مدل های مختلف برای چهار فصل سال ۱۳۸۶ بود. بر این اساس از رویکرد الگوریتم ژنتیک جهت استخراج وزن مدل های مختلف پیش بینی تورم، با هدف قرار دادن حداقل میانگین خطای پیش بینی (MSE) ترکیب مدل ها استفاده شد. به عبارتی میانگین مربعات خطا (MSE) به عنوان تابع زیان در نظر گرفته شد و با استفاده از یک فرایند تکراری، وزن هر یک از رویکردهای پیش بینی بروز (Update) گردید و این فرایند تا آنجا ادامه یافت که میزان خطا یا تابع زیان به میزان مطلوبی کاهش یابد.

با توجه به اینکه هم اکنون رویکرد جایگزینی در استخراج وزن های پیش بینی و ترکیب نتایج پیش بینی در دست نمی باشد، لذا نمی توان نسبت به دقت روش فوق نسبت به سایر روش ها قضاوت نمود. پیشنهاد می شود تا رویکردهای ترکیبی دیگری نظیر شبکه های عصبی، عصبی- فازی، ترکیب توابع چگالی و نیز رویکرد آماری که در ابتدای گزارش بدان اشاره شد توسعه یابند تا بتوان نتایج حاصله از رویکرد الگوریتم ژنتیک را با دیگر روشها مقایسه نمود و به نتایج دقیقتری دست یافت.

منابع

- ۱- فقیه، نظام‌الدین و همکاران (۱۳۸۳)، "الگوریتم ژنتیک در برنامه ریزی بازرسی‌های پیشگیرانه"، نشر نسیم حیات.
- ۲- عبدالعلی زاده شهیر، سیمین (۱۳۸۱)، ارائه روشی کارا برای حل مساله انتخاب مجموعه دارایی بهینه، پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه صنعتی شریف.
- ۳-Aiolfi, M., Timmermann, A. (۲۰۰۶). "Persistence of forecasting performance and combination strategies". *Journal of Econometrics*. In press.
- ۴-Bates, J.M., Granger, C.W.J. (۱۹۶۹). "The combination of forecasts". *Operations Research Quarterly* ۲۰, ۴۵۱-۴۶۸.
- ۵-Bunn, D.W. (۱۹۸۵). "Statistical efficiency in the linear combination of forecasts". *International Journal of Forecasting* ۱, ۱۵۱-۱۶۳.
- ۶-Clemen, R.T. (۱۹۸۷). "Combining overlapping information". *Management Science* ۳۳, ۳۷۳-۳۸۰.
- ۷-Clemen, R.T. (۱۹۸۹). "Combining forecasts: A review and annotated bibliography". *International Journal of Forecasting* ۵, ۵۵۹-۵۸۱.
- ۸-Diebold, F.X., Lopez, J.A. (۱۹۹۶). "Forecast evaluation and combination". In: Maddala, G.S., Rao, C.R. (Eds.), *Statistical Methods in Finance, Handbook of Statistics*, vol. ۱۴. Elsevier, Amsterdam, pp. ۲۴۱-۲۶۸.
- ۹-Diebold, F.X., Pauly, P. (۱۹۸۷). "Structural change and the combination of forecasts". *Journal of Forecasting* ۶, ۲۱-۴۰.
- ۱۰-Figlewski, S., Urich, T. (۱۹۸۳). "Optimal aggregation of money supply forecasts: Accuracy, profitability and market efficiency". *Journal of Finance* ۲۸, ۶۹۵-۷۱۰.
- ۱۱-Hendry, D.F., Clements, M.P. (۲۰۰۲). "Pooling of forecasts". *Econometrics Journal* ۵, ۱-۲۶.
- ۱۲-Holland, J. H., (۱۹۹۲). *Adaptation in natural and artificial systems*. Cambridge, MA: MIT Press. (First edition, ۱۹۷۵, University of Michigan Press.)
- ۱۳-Goldberg, D. E., "Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley, ۱۹۸۹.
- ۱۴-Kang, H. (۱۹۸۶). "Unstable weights in the combination of forecasts". *Management Science* ۳۲, ۶۸۳-۶۹۵.
- ۱۵-Makridakis, S. (۱۹۸۹). "Why combining works?". *International Journal of Forecasting* ۵, ۶۰۱-۶۰۳.
- ۱۶-Makridakis, S., Hibon, M. (۲۰۰۰). "The M۳-competition: Results, conclusions and implications". *International Journal of Forecasting* ۱۶, ۴۵۱-۴۷۶.

- 17-Marcellino, M. (2004). "Forecast pooling for short time series of macroeconomic variables". *Oxford Bulletin of Economic and Statistics* 66, 91-112.
- 18-Sessions, D.N., Chatterjee, S. (1989). "The combining of forecasts using recursive techniques with nonstationary weights". *Journal of Forecasting* 8, 239-251.
- 19-Stock, J.H., Watson, M. (2001). "A comparison of linear and nonlinear univariate models for forecasting macroeconomic time series". In: Engle, R.F., White, H. (Eds.), *Festschrift in Honour of Clive Granger*. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 1-44.
- 20-Stock, J.H., Watson, M. (2004). "Combination forecasts of output growth in a seven-country data set". *Journal of Forecasting* 23, 405-430.
- 21-Timmermann, A. (2006), *Forecast Combinations*, Chapter 4, *Handbook of forecasting*.
- 22-Winkler, R.L. (1989). "Combining forecasts: A philosophical basis and some current issues". *International Journal of Forecasting* 5, 605-609.
- 23-Zellner, A. (1986). "Bayesian estimation and prediction using asymmetric loss functions". *Journal of the American Statistical Association* 81, 446-451.

پیوست ۱

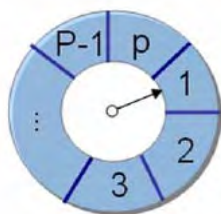
(۱) انتخاب

در مرحله انتخاب، یک جفت از کروموزم‌ها برگزیده می‌شوند تا با هم ترکیب شوند. عملگر انتخاب رابط بین دو نسل است و بعضی از اعضای نسل کنونی را به نسل آینده منتقل می‌کند. بعد از انتخاب، عملگرهای ژنتیک روی دو عضو برگزیده اعمال می‌شوند. معیار در انتخاب اعضا ارزش تطابق آنها می‌باشد اما روند انتخاب حالتی تصادفی دارد. شاید انتخاب مستقیم و ترتیبی به این صورت که بهترین اعضا دو به دو انتخاب شوند در نگاه اول روش مناسبی باشد اما بایستی توجه داشت که در الگوریتم ژنتیک با ژنها روبه‌رو هستیم. یک عضو با تطابق پایین اگر در نسل خودش عضو مناسبی نمی‌باشد اما ممکن است شامل ژنهایی خوب باشد و اگر شانس انتخاب شدنش \bullet باشد، این ژنهای خوب نمی‌توانند به نسلهای بعد منتقل شوند. پس روش انتخاب باید به گونه‌ای باشد که به این عضو نیز شانس انتخاب شدن بدهد.

راه حل مناسب، طراحی روش انتخاب به گونه‌ای است که احتمال انتخاب شدن اعضای با تطابق بالاتر بیشتر باشد. انتخاب باید به گونه‌ای صورت گیرد که تا جایی که ممکن است هر نسل جدید نسبت به نسل قبلی اش تطابق میانگین بهتری داشته باشد. به طور کلی روش‌های مختلفی برای الگوریتم‌های ژنتیک وجود دارند که می‌توان برای انتخاب ژنوم‌ها از آنها استفاده کرد. اما روش‌های ذیل از معمولترین روش‌ها هستند.

انتخاب چرخ رولت^۱

انتخاب چرخ رولت روشی است که به نسبت مقدار تطابق، اعضا را انتخاب می‌کند. این روش یک چرخ رولت (شکل زیر) را شبیه‌سازی می‌کند تا تعیین کند کدام اعضا شانس بازتولید را دارند. هر عضو به نسبت تطابقش، تعدادی از بخشهای چرخ رولت را به خود اختصاص می‌دهد. سپس در هر مرحله انتخاب یک عضو برگزیده می‌شود و روند آنقدر تکرار می‌شود تا به اندازه کافی، جفت برای تشکیل نسل بعد انتخاب گردد.



^۱ - Roulette wheel selection

این روش انتخاب را می‌توان به صورت زیر بیان کرد:

برداری مانند \vec{v} را در نظر می‌گیریم:

$$\vec{v} = [1, \dots, M]$$

M تعداد عناصر بردار است و اگر تعداد اعضای مجموعه N باشد، هر عضو $i \in 1, \dots, N$ دارای تطابقی مانند f_i می‌باشد. هر عضو i به نسبت f_i ، P_i بار در \vec{v} تکرار می‌شود. هر چه f_i بیشتر باشد، عضو مکانهای بیشتری را به خود اختصاص می‌دهد.

بعد از تشکیل بردار \vec{v} ، یک مقدار تصادفی $1 \leq r \leq M$ ، انتخاب می‌شود. این مقدار به مکانی در بردار اشاره می‌کند که آن مکان خود معرف عضوی از اعضای جمعیت است. بعنوان مثال اگر جمعیتی با $N=4$ وجود داشته باشد و تطابق اعضا عبارت باشد از:

$$f_1=10, f_2=10, f_3=15, f_4=25$$

مقدار مجموع تطابق‌ها عبارت است از:

$$\sum_{i=1}^N f_i = 60$$

بردار \vec{v} را برداری با 60 عنصر در نظر می‌گیریم. این بردار به صورت زیر پر می‌شود:

به عضو 1، 10 مکان، به عضو 2، 10 مکان، به عضو 3، 15 مکان و به عضو 4، 25 مکان اختصاص می‌یابد.

$$\vec{v} = [1, \dots, 1, 2, \dots, 2, \dots, 2, 3, \dots, 3, 4, \dots, 4]$$

حال r بین 1 تا 60 به تصادف انتخاب می‌شود. فرض کنید $r=32$ در نتیجه $\vec{v}[32] = 3$ پس عضو 3 انتخاب می‌شود.

انتخاب ترتیبی¹

در این انتخاب، اعضای جمعیت بر اساس تطابقشان مرتب می‌شوند. ارزش منتظره هر عضو به جای تطابقش، در این روش، به رتبه‌اش بستگی دارد. روش ترتیبی خطی که در سال 1985 توسط بیکر ارائه شده است، به صورت زیر می‌باشد.

اعضا در جمعیت طبق تطابقشان به صورت صعودی از 1 تا M مرتب می‌شوند. M تعداد اعضای جمعیت است. کاربرد، ارزش منتظره $Max \geq 0$ را برای عضوی که رتبه M را داراست، در نظر می‌گیرد. ارزش منتظره هر عضو در جمعیت در زمان اُعبارت است از:

¹ - Rank selection

$$ExpVal(i,t) = Min + (Max - Min) \frac{rank(i,t) - 1}{M - 1}$$

که Min ارزش منتظره عضو با رتبه ۱ است. با اعمال قیدهای $Max \geq 0$ و $\sum_i ExpVal(i,t) = M$ ، لازم است تا $1 \leq Max \leq 2$ و $Min = 2 - Max$ باشد.

در هر نسل، اعضا مرتب می‌شوند و طبق رابطه بالا، ارزش منتظره آنها تعیین می‌شود. مقدار پیشنهادی بیکر برای Max ، ۱،۱ است. این مقدار یعنی، به طور میانگین، انتظار می‌رود بهترین عضو ۱،۱ بار بعنوان والد انتخاب شود.

انتخاب بولتزمن^۱

در چرخ رولت امکان انتخاب یک عضو به طور مستقیم به مقدار بستگی داشت که برای آن عضو از تابع تطابقش به دست می‌آمد. مشکلی که انتخاب مستقیم مقدار تطابق به عنوان تنها ملاک انتخاب به وجود می‌آورد این است که اگر در جمعیتی اختلاف بین مقدارهای تطابق در اعضا زیاد باشد، شانس انتخاب شدن اعضای بد بیشتر و بیشتر به صفر نزدیک می‌شود. به همین دلیل در روش قبل، روش ترتیبی و همچنین روش بولتزمن و برخی روشهای دیگر، از پارامترهای دیگری علاوه بر مقدار تطابق، در انتخاب استفاده می‌شود.

در روش بولتزمن، به جای مقدار تطابق یک عضو از مقداری به نام Φ_i برای هر عضو i استفاده می‌شود که این مقدار از رابطه بولتزمن به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$\Phi_i = \frac{e^{-\beta Y_i}}{Z}$$

$$Z = \sum_{i=1}^N e^{-\beta Y_i}$$

که در رابطه بالا، N تعداد اعضای جمعیت و Y_i مقدار تطابق عضو i می‌باشد.

انتخاب حالت پایدار^۲

در اکثر الگوریتمهای GA که در مقالات ارائه شده‌اند، جمعیت جدید به طور کامل توسط فرزندان به وجود می‌آید و این فرزندان جایگزین والدین خود می‌شوند. در برخی روشها، به برخی از اعضای والد یا اعضای جمعیت قدیمی، اجازه حضور در جمعیت جدید داده می‌شود. انتخاب حالت پایدار، یکی از این روشها است. در این روش فقط تعداد اندکی از اعضای جمعیت کنونی، با اعضای جدید جایگزین می‌شوند. به عبارت دیگر،

^۱ -Boltzmann selection

^۲ -Steady-State selection

بدترین اعضا با فرزندان که از بهترین اعضا به وجود آمده‌اند، تعویض می‌شوند اما بافت کلی جمعیت، چندان تغییر نمی‌کند.

انتخاب نخبه سالاری^۱

ایده نخبه سالاری، ویژگی تازه‌ای به فرایند انتخاب اضافه می‌کند. در نخبه‌سالاری، بهترین عضو هر جمعیت زنده می‌ماند و در جمعیت بعد حضور دارد. بعبارت دیگر، عضوی که بالاترین تطابق را دارد به طور خودکار به جمعیت جدید منتقل می‌شود. این روش ابتدا در سال ۱۹۷۵ توسط کند دی جونز معرفی شد. اعمال نخبه‌سالاری در الگوریتم ژنتیک، معمولاً باعث بهبود کارایی آن می‌شود.

انتخاب رقابتی^۲

در این روش تعدادی از اعضای جمعیت به تصادف انتخاب می‌شوند و سپس اگر شرطی خاص برقرار باشد، بهترین یا تعدادی از بهترین‌ها را بعنوان والد برگزیده می‌شوند. اگر شرط برقرار نشود، بدترین عضو یا تعدادی از بدترین‌ها، در تشکیل جمعیت آینده به عنوان والد در نظر گرفته می‌شوند. شکل استاندارد این روش، رقابت دوتایی یا باینری است و به شکل زیر می‌باشد:

۱- ۲ عضو به تصادف انتخاب می‌شوند.

۲- مقدار r بین ۰ و ۱ به تصادف تعیین می‌شود.

۳- پارامتر $0 \leq k \leq 1$ توسط کاربر تعیین می‌شود.

۴- اگر $r < k$ باشد عضو برتر و اگر $r \geq k$ ، عضو بدتر بین این دو عضو، بعنوان والد انتخاب می‌شود.

۵- دو عضو انتخاب شده برای رقابت، به جمعیت بر می‌گردند و می‌توانند دوباره در رقابت شرکت کنند.

روش انتخاب رقابتی می‌تواند به صورت رقابت n تایی نیز انجام شود.

انتخاب مقیاس بندی^۳

به موازات افزایش متوسط عدد برازش جامعه، سنگینی انتخاب هم بیشتر می‌شود و جزئی‌تر. این روش وقتی کاربرد دارد که مجموعه دارای عناصری باشد که عدد برازش بزرگی دارند و فقط تفاوت‌های کوچکی آنها را از هم تفکیک می‌کند.

^۱ - Elitist selection

^۲ - Tournament selection

^۳ - Scaling selection

(۲) ترکیب

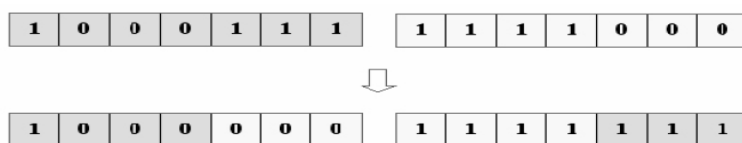
مهمترین عملگر در الگوریتم ژنتیک، عملگر ترکیب است. ترکیب، فرایندی است که در آن نسل قدیمی کروموزمها با یکدیگر مخلوط و ترکیب می‌شوند تا نسل تازه‌ای از کروموزمها به وجود آیند. جفت‌هایی که در قسمت انتخاب، به عنوان والد در نظر گرفته شدند، در این قسمت ژن‌هایشان را با هم مبادله می‌کنند و اعضای جدید به وجود می‌آورند.

بر اساس مباحث نظری، ترکیب اعضا با تطابق بالا باعث به وجود آمدن اعضای می‌شود که از تطابق میانگین، تطابق بیشتری دارند. ترکیب در الگوریتم ژنتیک باعث از بین رفتن پراکندگی یا تنوع ژنتیکی جمعیت می‌شود. زیرا اجازه می‌دهد ژنهای خوب یکدیگر را بیابند. اشکال مختلفی از عملگر ترکیب وجود دارد که بهترین آنها عبارتند از:

ترکیب تک نقطه‌ای

ترکیب تک نقطه‌ای، دو کروموزم را با انتخاب تصادفی موقعیتی مانند p ، ترکیب می‌کند. P مقداری کمتر یا مساوی طول کروموزم است. اگر تعداد (طول) ژنهای در کروموزمها N ، باشد، از دو کروموزم والد، دو فرزند به صورت زیر به وجود می‌آید.

یک فرزند با کپی کردن ژنهای $(p-1), \dots, 1$ از کروموزم والد اول و ژنهای N, \dots, p از والد اول، به وجود می‌آید. در این نوع ترکیب از دو والد، دو فرزند به وجود می‌آید. به عنوان مثال، این نوع ترکیب در شکل زیر نشان داده شده است. در این مثال $p=4$ می‌باشد.



لازم به ذکر است اگر p برابر ۱ شود یا برابر طول کروموزمها، آنگاه دو والد بدون تغییر وارد جمعیت بعدی می‌شوند.

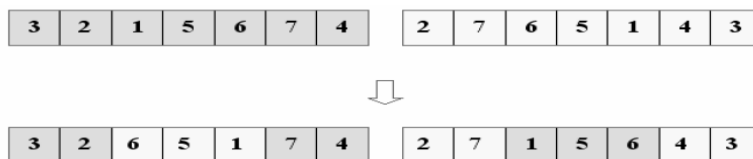
ترکیب دو نقطه‌ای

در ترکیب دو نقطه‌ای، دو موقعیت p_1 و p_2 به عنوان موقعیت‌های ترکیب، به طور تصادفی بین ۱ و طول کروموزمها (N) انتخاب می‌شود. روش ایجاد فرزندان مانند ترکیب تک نقطه‌ای است.

فرزند اول، ژنهای $(p_1-1) \dots 1$ را از والد اول، ژنهای $(p_2-1) \dots p_1$ را از والد دوم و ژنهای $p_2 \dots N$ را مجدداً از والد اول، به ارث می‌برد.

فرزند دوم، ژنهای $(p_1-1) \dots 1$ را از والد دوم، ژنهای $(p_2-1) \dots p_1$ را از والد اول و ژنهای $p_2 \dots N$ را مجدداً از والد دوم، به دست می‌آورد.

در این روش ترکیب نیز، از یک جفت، دو فرزند به وجود می‌آید. در این روش احتمال اینکه والدها بدون تغییر به جمعیت بعد منتقل شوند، کمتر است. در شکل زیر نمونه‌ای از این ترکیب با موفقیت‌های ترکیب $p_1=2$ و $p_2=5$ نشان داده شده است.



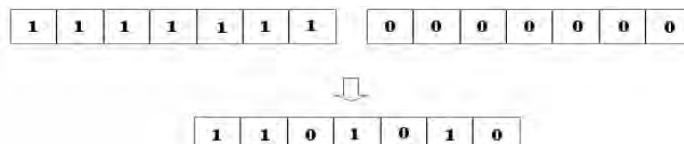
ترکیب n نقطه‌ای

با انتخاب n موقعیت ترکیب، و چیدن ژنهای مشابه آنچه در ترکیب تک نقطه‌ای و دو نقطه‌ای گفت شد، ترکیب n نقطه‌ای خواهیم داشت.

ترکیب یکنواخت

در ترکیب یکنواخت، هر ژن کروموزم جدید به صورت جداگانه انتخاب می‌شود. هر ژن وابسته به موقعیتش به صورت تصادفی از یکی از دو والد انتخاب می‌شود. مثلاً ژن اول از والد دوم، ژن دوم از والد دوم، ژن سوم از والد اول و تا ژن آخر. بر خلاف ترکیب‌هایی که قبلاً ذکر شد، این نوع ترکیب، یک فرزند به وجود می‌آورد. جمعیت جدیدی که با ترکیب یکنواخت به وجود می‌آید، دارای تنوع ژنتیکی بیشتری نسبت به ترکیب‌های تک نقطه‌ای و دو نقطه‌ای می‌باشد. به همین دلیل این نوع ترکیب در جمعیت‌هایی که اعضای کمی دارند اثر بهتری دارد تا جمعیت‌هایی که تعداد اعضای زیادی دارند.

در جمعیت‌های کوچک، ممکن است به تنوع ژنتیکی نیاز باشد تا روش سریعتر همگرا شود. اما در جمعیت‌های بزرگ، معمولاً تنوع ژنتیکی لازم، فراهم است. در شکل نمونه‌ای از ترکیب یکنواخت مشاهده می‌شود.



ترکیب حسابی

ترکیب حسابی به این صورت است که اگر A و B دو عضو از جمعیت فعلی باشند که بعنوان والد انتخاب شده‌اند، از آنها دو فرزند a و b به صورت زیر به وجود می‌آید:

$$a = \delta A + (1 - \delta) B$$

$$b = \delta B + (1 - \delta) A$$

پارامتر δ مقداری در بازه $[0, 1]$ می باشد که در هر ترکیب می تواند مقادیر مختلفی داشته باشد.

احتمال ترکیب

ترکیب لازم نیست در هر نسل اتفاق بیافتد. در واقع ممکن است نسلهایی بدون عملگر ترکیب به نسلهای جدید تبدیل شوند. برای تعیین رخ دادن یا ندادن ترکیب از پارامتری به نام احتمال ترکیب، P_c استفاده می‌شود که این پارامتر مقدار بین ۰ و ۱ است. از آنجا که ترکیب نقشی اساسی در رشد مقدار میانگین تطابق جمعیت دارد، مقدار P_c بین ۰/۵ تا ۰/۸ و بیشتر بین ۰/۷ تا ۰/۸ در نظر گرفته می‌شود.

(۳) عملگر جهش

پس از اینکه یک عضو در جمعیت جدید به وجود آمد. هر ژن آن با احتمال جهش، جهش می‌یابد. در جهش ممکن است ژنی از مجموعه ژنهای جمعیت حذف شود یا ژنی که تا حال در جمعیت وجود نداشته است به آن اضافه شود. جهش یک ژن به معنای تغییر آن ژن است و وابسته به نوع کدگذاری، روشهای متفاوت جهش استفاده می‌شود.

همانطور که گفته شد، هر عضو وابسته به احتمال جهش، جهش می‌یابد. احتمال جهش P_m ، مقداری است که توسط کاربر تعیین می‌شود. در الگوریتم استاندارد ژنتیک، بنا به دلایلی این احتمال بسیار کوچک در نظر گرفته می‌شود. اما از آنجا که کمتر از شکل استاندارد این الگوریتم استفاده می‌شود، به عنوان یک پیشنهاد می‌توان P_m را به صورت زیر تخمین زد:

$$P_m = \frac{1}{N}$$

که N تعداد ژنهای کروموزم است.

در هر حال P_m مقداری بین ۰ و ۱ است و معمولاً عددی کوچک انتخاب می‌شود. در فرزنددی که به وجود آمده است (توسط ترکیب) به ترتیب مقداری تصادفی بین ۰ و ۱ به هر ژن اختصاص می‌یابد. اگر این مقدار اختصاص داده شده از P_m کمتر باشد، ژن جهش می‌یابد و اگر بیشتر باشد، ژن تغییر نمی‌کند.

نرخ بالای جهش، باعث تنوع و پراکندگی ژنتیکی در جمعیت می‌شود که این پراکندگی ممکن است همگرایی را به تأخیر بیندازد. به همین دلیل، پیشنهاد می‌شود برای جمعیت‌های بزرگ یا در نسل‌های آخر، از Pm های کوچکتر و برای جمعیت‌های کوچک یا در نسل‌های ابتدایی از Pm های بزرگتر استفاده می‌شود. در ادامه به چند روش جهش اشاره می‌شود:

وارونه سازی بیت

از این نوع جهش هنگامی استفاده می‌شود که کدگذاری باینری (صفر و یکی) باشد. در اینجا بیتی که شرایط جهش را دارد اگر ۰ باشد به ۱ و اگر ۱ باشد به ۰ تغییر مقدار می‌دهد. بعنوان نمونه اگر ژن چهارم شرایط جهش را داشته باشد به صورت شکل نشان داده شده جهش می‌یابد:

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline \end{array} \Rightarrow \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ \hline \end{array}$$

تغییر ترتیب قرارگیری

از این نوع جهش مخصوصاً در الگوریتم‌هایی استفاده می‌شود که کدگذاری بر اساس مقدار باشد. البته در دیگر کدگذاری‌ها مثل کدگذاری باینری هم می‌توان این جهش را به کار برد. در این جهش، محل قرار گیری دو ژنی که می‌خواهند جهش یابند در کروموزم تعویض می‌شود. در شکل زیر نمونه‌ای از این نوع جهش نشان داده شده است:

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 \\ \hline \end{array} \Rightarrow \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 6 & 3 & 4 & 5 & 2 \\ \hline \end{array}$$

تغییر مقدار

این نوع جهش را نمی‌توان برای کدگذاری باینری یا کدگذاری‌های مشابه که امکان تغییر ژنها وجود ندارد به کار برد. در این جهش به ژنی که شرایط جهش را دارد مقداری اضافه یا کم می‌شود. اضافه یا کم شدن می‌تواند به تصادف انتخاب شود یا الگوریتم مقید به استفاده از یکی از این دو عمل باشد. مقداری که به ژن افزوده یا از آن کاسته می‌شود، وابسته به محدوده مقدار ژن است و باز می‌تواند به تصادف انتخاب شود یا برای الگوریتم تعریف شود. بدیهی است مقدارهای بزرگ، پراکندگی ژنتیکی را افزایش می‌دهند. در شکل زیر نمونه‌ای از این جهش نشان داده شده است. این جهش مخصوصاً برای کدگذاری‌هایی که در آنها، ژنها به صورت اعداد حقیقی هستند، مناسب است.

$$(1.29, 5.68, 2.86, 4.11, 5.55) \Rightarrow (1.29, 5.68, 2.73, 4.22, 5.55)$$

همانطور که در شکل زیر دیده می‌شود، ژنهای دوم و سوم کروموزم جهش یافته‌اند. در شکل دیده می‌شود که مقدار انتخابی برای افزودن یا کاستن می‌تواند از ژنی به ژن دیگر متفاوت باشد.

پیوست ۲

برنامه نرم‌افزاری Visual Basic ترکیب پیش‌بینی

```
Function min(x, y)
    min = x
    If min > y Then min = y
End Function
Function max(x, y)
    max = x
    If max < y Then max = y
End Function
Private Sub CommandButton۱_Click()
End Sub
Private Sub CommandButton۲_Click()
    Dim kk(۲۹, ۲۰۰۰۰۰)
    Dim U(۲۹, ۲۰۰۰۰۰)
    Dim SSE(۲۰۰۰۰۰)
    Dim w(۱۰, ۲۰۰۰۰۰)
    Dim MSE(۲۰۰۰۰)
    For I = ۱ To ۲۰۰۰۰۰
        For j = ۱ To ۱۰
            w(j, I) = .
        Next j
    Next I
    a = TextBox۱.Text
    b = TextBox۲.Text
    x = ۲۰
    For j = ۱ To ۱۶
        su = .
        For I = ۱ To a
            Cells(۸, I) = "w" & I
            w(I, j) = Rnd
            su = su + w(I, j)
        Next I
        For I = ۱ To a
            w(I, j) = w(I, j) / su
            Cells(j + ۸, I) = w(I, j)
```

```

Next I
Next j
Dim hh
For I = 9 To 24
    For h = 3 To b + 2
        For j = 1 To a
            kk(h - 2, I - 1) = kk(h - 2, I - 1) + w(j, I - 1) * Sheet3.Cells(h, j + 1)
        Next j
        U(h - 2, I - 1) = (kk(h - 2, I - 1) - Sheet3.Cells(h, 1)) ^ 2
        SSE(I - 1) = SSE(I - 1) + U(h - 2, I - 1)
    Next h
    MSE(I - 1) = SSE(I - 1) / 16
    Cells(I, 12) = MSE(I - 1)
2020 Next I
E = 17
19 pop = E - 1
GNRT = GNRT + 1
Dim avrg(1500)
Dim minmse(1500)
maxSSE = .
minSSE = 20000
sumSSE = .
For I = pop - 15 To pop
    If SSE(I) > maxSSE Then maxSSE = SSE(I)
    If SSE(I) < minSSE Then minSSE = SSE(I)
    sumSSE = sumSSE + SSE(I)
Next I
avrg(GNRT) = sumSSE / (16 * 16)
minmse(GNRT) = minSSE / 16
Sheet3.Cells(GNRT, 1) = avrg(GNRT)
Sheet3.Cells(GNRT, 2) = minmse(GNRT)
Dim pr(20000)
Dim f(20000)
Dim g(10000)
pr(pop - 16) = .
20 For I = pop - 15 To pop
pr(I) = pr(I - 1) + (maxSSE - SSE(I) + 1) / (16 * maxSSE + 16 - sumSSE)
Next I

```

```

mu = γ ·
dmu = minSSE * λ / sumSSE
If dmu > λ Then mu = λ ·
r = Rnd
q = Rnd
For l = pop - λ To pop
  If pr(l - 1) < r Then
    If r < pr(l) Then
      For k = 1 To a
        g(k) = w(k, l)
      Next k
    End If
  End If
  If pr(l - 1) < q Then
    If q < pr(l) Then
      For k = 1 To a
        f(k) = w(k, l)
      Next k
    End If
  End If
Next l
V = Int(λ · · * Rnd + 1)
If V <= λ Then
  Rat = ·.γ
  sumλ = ·
  sumγ = ·
  For k = 1 To a
    w(k, E) = f(k) + Rat * (max(f(k), g(k)) - min(f(k), g(k)))
    sumλ = sumλ + w(k, E)
    w(k, E + 1) = g(k) + (1 - Rat) * (max(f(k), g(k)) - min(f(k), g(k)))
    sumγ = sumγ + w(k, E + 1)
  Next k
  For k = 1 To a
    w(k, E) = w(k, E) / sumλ
    w(k, E + 1) = w(k, E + 1) / sumγ
  Next k
Else
  For k = 1 To a
    w(k, E) = f(k)
    w(k, E + 1) = g(k)

```

```

Next k
End If
Sum = .
pm = Int(1 * Rnd + 1)
If pm < mu Then
For k = 1 To a
w(k, E) = w(k, E) + (Rnd + 1) * .r
Sum = Sum + w(k, E)
Next k
For k = 1 To a
w(k, E) = w(k, E) / Sum
Next k
End If
Dim minw(1)
For I = E To E + 1
For h = r To b + r
For j = 1 To a
kk(h - r, I) = kk(h - r, I) + w(j, I) * Sheetr.Cells(h, j + 1)
Next j
U(h - r, I) = (kk(h - r, I) - Sheetr.Cells(h, 1)) ^ r
SSE(I) = SSE(I) + U(h - r, I)
Next h
If (SSE(I) / 16) < Cells(r, 12) Then
For l = 1 To a
Cells(r, l) = w(l, I)
Cells(r, 12) = SSE(I) / 16
Next l
End If
Next I
If E < r * 1 Then
E = E + r
If (E - 1) Mod 16 = . Then
GoTo 19
Else:
GoTo r
End If
Else: GoTo 1999
End If
1999
End Sub

```

```
Private Sub TextBox\Change()  
End Sub  
Private Sub TextBox۲_Change()  
End Sub
```

۴/

In the name of God

**Application of Genetic Algorithm
in the Combination of Inflation Forecasts**

**Economic Research and Policy Department
Central Bank of the Islamic Republic of Iran**

July 2008

Abstract

Inflation forecasting is considered as a requirement in the implementation of monetary policy in countries where inflation targeting is being used by monetary authorities. In view of the central bank independence on one hand and the lagged effect of monetary policy on inflation on the other, monetary authorities should have a clear picture of inflation outlook upon which could be able to pursue the inflation targeting.

Recent studies indicate that empirically and theoretically, in forecasting inflation, a combination of various models instead of a single model forecast could lead to better results. However, each has advantages and disadvantages over the other. In the present paper, the genetic algorithm approach is being used to find the optimal combination weights for inflation forecasts in Iran.

Keywords: Combination of Inflation Forecasts, Random Search, Genetic Algorithm

پژوهشهایی که تاکنون انتشار یافته است

- شماره ۱- پیش‌بینی حجم نقدینگی و شاخص قیمت‌ها با روش باکس و جنکینز
- شماره ۲- بهای انرژی در ایران و جهان
- شماره ۳- بررسی پس انداز ملی در ایران طی دوره ۷۴-۱۳۵۳
- شماره ۴- واگذاری سهام شرکت‌های دولتی
- شماره ۵- پیش‌بینی درآمدهای ارزی حاصل از صادرات نفت خام طی دوره ۹۹-۱۳۷۵
- شماره ۶- تحولات اخیر در بازار نفت و اثرات آن بر اقتصاد ایران
- شماره ۷- مالیات بر ارزش افزوده
- شماره ۸- شکاف تولید و متغیرهای موثر بر آن در اقتصاد ایران
- شماره ۹- محاسبه نسبت کفایت سرمایه بانکهای تجاری و تخصصی در نظام بانکی ایران
- شماره ۱۰- نکاتی در مورد حساب ذخیره تعهدات ارزی
- شماره ۱۱- آزادسازی تجارت خارجی در کشورهای در حال توسعه و تجربه ایران
- شماره ۱۲- سازوکار عرضه پول در اقتصاد ایران
- شماره ۱۳- سرمایه‌گذاری مستقیم خارجی
- شماره ۱۴- بررسی تاثیر اعتبارات بانکی بر سرمایه‌گذاری و تولید در اقتصاد ایران با تاکید بر بخشهای صنعت و معدن و کشاورزی
- شماره ۱۵- بررسی وضعیت معافیتهای مالیاتی در ایران
- شماره ۱۶- خصوصی‌سازی
- شماره ۱۷- تسهیلات تکلیفی و اثرات آن بر سیستم بانکی کشور
- شماره ۱۸- بررسی تاثیر حذف یارانه برخی کالاهای اساسی بر دهکهای درآمدی به تفکیک خانوارهای شهری و روستایی
- شماره ۱۹- بررسی وضعیت چکهای بانکی در شبکه بانکی کشور
- شماره ۲۰- بررسی وجود حباب قیمتی در بورس اوراق بهادار تهران طی سالهای اخیر
- شماره ۲۱- بررسی رابطه تورم و پول در اقتصاد ایران براساس مدل پیش‌بینی تورم P^*
- شماره ۲۲- تجاری کردن کشاورزی در ایران
- شماره ۲۳- مکانیسم وصول درآمد حاصل از صادرات نفت، فرآورده‌های نفتی و گاز در ایران
- شماره ۲۴- بررسی بهره‌وری در اقتصاد ایران
- شماره ۲۵- تغییر در ارزش داراییهای خارجی بانک مرکزی رویه‌های حسابداری و ملاحظات سیاستی
- شماره ۲۶- نقش بانک مسکن در تامین مالی مسکن
- شماره ۲۷- ابعاد گوناگون فقر در ایران
- شماره ۲۸- بازار رهن و نارسایی تامین مالی مسکن در ایران
- شماره ۲۹- اندازه دولت در اقتصاد ایران
- شماره ۳۰- بررسی مقایسه‌ای شاخص‌های فضای کسب و کار در ایران و جهان
- شماره ۳۱- تورم، نااطمینانی تورم و پراکندگی قیمت‌های نسبی در ایران
- شماره ۳۲- کاربرد الگوریتم ژنتیک در ترکیب پیش‌بینی‌های تورم