Choosing the Appropriate Genetic Processes for Applying Genetic Algorithm to Issues which has a Linear Association Between Chromosome Genes (The Issue of Enhancement the Performance Signalized Intersections)

Dr. Balsam Eid*
Badie Ghazal**

(Received 2 / 8 / 2022. Accepted 18 / 9 / 2022)

□ ABSTRACT □

Genetic algorithm is considered as one of artificial intelligence fields which use evolution and the theory of natural selection, it is an effective tool for solving optimization problems. The integration of (GA) parameters is vital to the success of the (GA). These parameters include mutation and crossover rates as well as populations that are important issues in GA, in addition to the correct choose of genetic processes.

This paper discusses the construction of a genetic algorithm that is restricted by conditions on generating chromosomes and applying genetic processes, to improve the delay time of vehicles that pass the "four-armed" signalized Intersections in the Syrian governorates, where the genetic algorithm is used to control and optimize the time distribution of the total traffic light cycle duration of the traffic intersection. In order to achieve the least possible time delay for vehicles crossing it. the chromosome is represented by five genes, the first of which is the total traffic light cycle duration of the traffic intersection, and the remaining four genes represent the percentage of the green time period of the cycle for each arm of the intersection, which Linearly related to each other, chromosomes are evaluated by a fitness function, which determines their fitness for transmission it to the next generation compared to other chromosomes. The fitness function was chosen to be a mathematical model that expresses the total delay time on the intersection [1], Since the chromosome associated with the shortest time in a generation is the optimal solution within this generation, the effect of the generation size and the effect of genetic processes (crossover, mutation) on applying of the genetic algorithm in solving this issue has been studied to reach the least possible delay time.

Keywords: genetic algorithms, mutation, signalized Intersections

* **Assistant Professor, Faculty of Mechanical and Electrical Engineering, Tishreen University, Lattakia, Syria.**
****Postgraduate Student (Master), Faculty of Mechanical and Electrical Engineering, Tishreen University, Lattakia, Syria.**

اختيار العمليات الجينية المناسبة لعمل الخوارزمية الجينية في أمثلة المسائل ذات الارتباط الخطي لجينات الكروموسوم
(مسألة تحسين أداء التقاطعات المرورية المنظمة بإشارات مرور ضوئية)

د. بلسم عيد*

بديع غزال**

(تاريخ الإيداع 2 / 8 / 2022. قُبِل للنشر في 18/ 9 / 2022)

□ ملخّص □

تعتبر الخوارزميات الجينية genetic algorithm إحدى مجالات الذكاء اصطناعي Artificial Intelligence التي تستخدم عملية التطور ونظرية الانتقاء الطبيعي، ويتم استخدامها كأداة فعالة لحل مشاكل التحسين optimization problems. يعد التكامل بين بارامترات (GA) أمرًا حيويًا لنجاح البحث، تتضمن هذه البارامترات معدلات الطفرات mutation والتقاطع crossover وعدد السكان population والتي تعتبر قضايا مهمة في (GA)، كذلك فإن الاختيار الصحيح للعمليات الجينية هو أمر أساسي في فعالية الخوارزمية الجينية.

يناقش هذا البحث بناء خوارزمية جينية تخضع لشروط مقيدة في توليد الحلول والعمليات الجينية اللاحقة، يتم من خلالها البحث في تحسين زمن التأخير للعربات التي تعبر التقاطعات المرورية "رباعية الأذرع" المنظمة بإشارات مرور ضمن المحافظات السورية، حيث تم استخدام الخوارزمية في التحكم وأمثلة توزيع الزمن الأخضر لدورة زمنية كاملة للتقاطع المروري على أذرع هذا التقاطع وذلك بهدف لتحقيق أقل تأخير زمني ممكن للعربات التي تعبره. تم تمثيل الكروموسوم chromosome بخمس جينات genes أولها زمن دورة الإشارة الضوئية الكلي على التقاطع المروري أما الجينات الأربعة المتبقية فتمثل نسبة الزمن الأخضر من زمن الدورة لكل ذراع من أذرع التقاطع. ترتبط جينات الكروموسوم ببعضها ارتباطاً خطياً، يتم تقييم الكروموسومات عن طريق تابع لياقة fitness function والذي يحدد مدى صلاحيتها بالانتقال إلى الجيل التالي بالمقارنة مع الكروموسومات الأخرى. تم اختيار تابع اللياقة ليكون نموذج رياضي يعبر عن زمن التأخير الكلي على التقاطع [1]، حيث أن الكروموسوم المرتبط بالزمن الأقصر ضمن جيل يشكل الحل الأمثل ضمن هذا الجيل، تم دراسة تأثير حجم الجيل population size وتأثير العمليات الجينية (التزاوج، الطفرة) على عمل الخوارزمية الجينية في حل هذه المسألة للوصول إلى أقل زمن تأخير ممكن.

الكلمات المفتاحية: الخوارزميات الجينية، الطفرة، التقاطعات المرورية المنظمة بإشارات مرور.

* **مدرس، كلية الهندسة الكهربائية و الميكانيكية، جامعة تشرين، اللاذقية، سورية.**

** **طالب ماجستير – كلية الهندسة الكهربائية و الميكانيكية، جامعة تشرين، اللاذقية، سورية.**

مقدمة:

تدخل الخوارزميات الجينية في العديد من المجالات المعلوماتية وعلوم الحاسوب والاقتصاد وغيرها، والتي تتطلب حلول مضبوطة تحقق حلول أمثلية للمسألة المطروحة، وتقوم هذه التقنية على استخدام ثلاثة عوامل أساسية: الاختيار والتقاطع والطفرة [2]. يبدأ البحث بمرحلة الترميز encoding process (تمثيل المشكلة) كخطوة أولى لترجمة المشكلة إلى لغة الحاسوب [3]، حيث يتم تمثيل كل حل بمجموعة من القيم التي تشكل حلاً مقترحاً يسمى كروموسوم chromosome.

عادة ما تملي طبيعة المشكلة المراد حلها تمثيل الكروموسوم [4] يلي ذلك اختيار تابع الياقة fitness function لتقييم الحلول المقترحة ومن ثم عملية الانتقاء Selection لاختيار الكروموسومات التي ستدخل في عملية التزاوج والتكاثر [5]، لإنتاج النسل الجديد new offspring ومن ثم تطبيق الطفرة لخلق حلول تكيفية ولزيادة تنوع الكروموسومات.[6]

من الصعب تحديد نسب محددة لكل مرحلة مسبقاً، ولا سيما عوامل الطفرات والتقاطع [4] تستعرض هذه الورقة مجموعة من الخيارات فيما يتعلق بالطفرات في GAs لحل مسألة تتعلق بنموذج رياضي يمثل التأخير الزمني للمركبات على التقاطعات المرورية المنظمة بإشارات مرور ضوئية، حيث تخضع المشكلة لشروط صارمة في توليد الكروموسومات والعمليات الجينية عليها تتمثل بالارتباط الخطي لجينات الكروموسوم، يتم مقارنة نتائج تطبيق هذه الخيارات وتحديد الأفضل منها ومدى تأثير الطفرة على هذه المسألة من حيث إيجاد الحل الأمثل من بين الحلول الموجودة وتقليل عمليات الحوسبة.

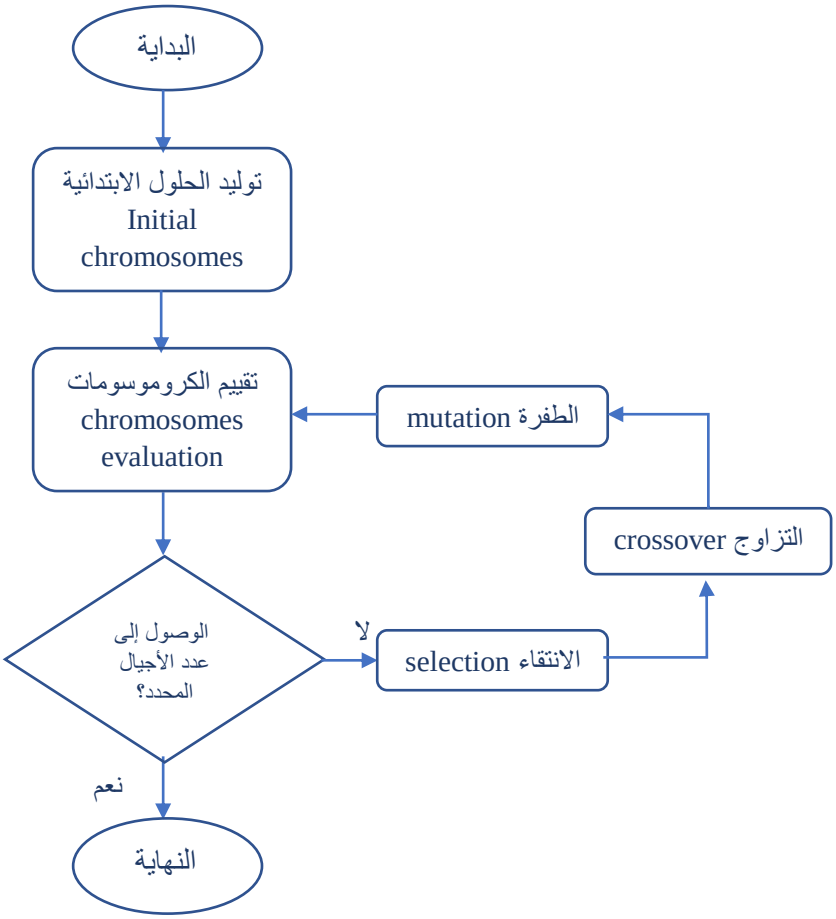
أهمية البحث وأهدافه:

تدخل الخوارزميات الجينية في حل العديد من المسائل المتعلقة بأمثلة الحلول، وذلك ضمن أزمنة مقبولة مقارنة بالطرق التقليدية الأخرى، إلا أن تقييد عملها بمجموعة من الشروط قد يؤثر على أمثلة الحل.

تم في هذا البحث بناء خوارزمية جينية متكيفة في مراحل عملها من توليد أفراد الجيل وتطبيق للعمليات الجينية مع الشروط المقيدة المفروضة وتم اختبار نتائجها باستخدام مجموعة من الطفرات المقترحة بهدف الوصول إلى الطفرة المناسبة وعدد الأفراد المناسب ضمن الجيل الواحد للحصول على نتائج مرضية للمشكلة المقترحة.

طرائق البحث ومواده:

تمت برمجة الخوارزمية الحينية بلغة البايثون ضمن بيئة عمل code VS وفقاً للمخطط الصندوقي الذي تم توضيحه بالشكل (1):



الشكل (1): المخطط الصندوقي لعمل الخوارزمية الجينية

1.الخوارزمية الجينية:

هي طريقة لحل مشاكل التحسين المقيدة وغير المقيدة بناءً على عملية الاختيار الطبيعي التي تحاكي التطور البيولوجي، تندرج تحت فروع الذكاء الصناعي وتعتمد في عملها على مفاهيم نظرية داروين للتطور. في عام 1950، اقترح Alan Turing "آلة تعلم" توازي مبادئ التطور والتي شكلت نواة الخوارزميات الجينية [7]، تتالت الأبحاث والتطويرات ليتم استخدام الخوارزمية الجينية وفق آلية عملها المعروفة حالياً لأول مرة في جامعة ميشيغان من قبل العالم Holland في العام 1975، وليساهم في نشرها من بعده العالم Goldberg الذي نشر أول كتبه التي وضحت آلية عملها عام 1989 ضمن كتابه مقدمة في الخوارزميات الجينية. [2]

تعد الخوارزمية الجينية خوارزمية بحث إرشادية، وهي إحدى الخوارزميات التطورية التي تم استلهامها من الطبيعة اعتماداً على مفهوم البقاء للأصلح، حيث تعتمد على خلق مجموعة من السكان التي تشكل الحلول واختيار والدين للتزاوج وخلق أجيال أصلح من خلال دمج أفضل السمات الموجودة في الوالدين وإحداث الطفرات في كل جيل بهدف توليد جيل أفضل وتحسين الحل، وقد أثبتت فاعليتها في إيجاد مجال الحلول المثلى للعديد من المشاكل المعقدة [8].

2. آلية عمل الخوارزمية الجينية:

يتم بناء الخوارزمية وفق مجموعة من الخطوات، أولها إنشاء مجموعة من الحلول بشكل عشوائي (Chromosomes) والتي تشكل بمجموعها الكلي السكان (Population)، يلي ذلك تقييم كل حل من الحلول تبعا لقيمة لياقته (fitness value) ومن ثم اختيار الوالدين وفق إحدى الطرق المتاحة في عملية الاختيار (selection operation) ليتم التزاوج

بينهما وإنشاء نسل جديد (New offspring)، حيث يتم التزاوج عن طريق تبادل المعلومات بين جين (gene) أو أكثر من الأبوين الذين تم اختيارهما ويتم ذلك وفق أحد عمليات التقاطع (crossover operation)، ومن ثم إحداث تغيير في جين أو أكثر من الكروموسومات الناتجة لإحداث طفرة (mutation operation) تؤمن الحفاظ على التنوع السكاني. يمثل ما سبق من عمليات جينية التكرار الأول للخوارزمية الجينية وينتج عنه إنشاء جيل جديد يتم استخدامه لتكرار خطوات الخوارزمية نفسها إلى أن يتحقق شرط التوقف الذي ينتج عنه إيقاف الخوارزمية الجينية ووضع أفضل حل موجود في التجمع السكاني الحالي.

3. العمليات المستخدمة في الخوارزميات الجينية:

تبين الخطوات التالية العمليات التي تعمل وفقها الخوارزمية الجينية والتي سيتم الاعتماد عليها في بناء الخوارزمية الجينية:

1.3 مخططات التهيئة والترميز:

في البداية، يتم إنشاء المجموعات السكانية (الكروموسومات)، التي يمثل كل منها حلاً مميزاً يتم إنشاؤه بشكل عشوائي، حيث يعتمد حجم الكروموسومات المتولدة على طبيعة مشكلة العمل، ويلعب مخطط الترميز (أي التحويل إلى شكل معين) دورا مهما في معظم المشكلات الحسابية نظراً لأنه من المفترض أن تكون المعلومات مشفرة، حيث يتم اختيار نظام التشفير (ثنائي، ثماني، ستة عشري، تشفير التبديل، الترميز القائم على القيمة، أو ترميز الشجرة) وفقا لطبيعة المشكلة المدروسة.

في نظام الترميز الثنائي Binary encoding، يتم تمثيل الجينات أو الكروموسومات كسلسلة من الأصفار والآحاد، وهو من أكثر أنواع الترميز شيوعاً على الرغم من أنه لا يمثل أفضل الحلول لبعض المشاكل المتعلقة بالتصميم الهندسي بسبب طبيعة تمثيل المشكلة [5]. بينما يتم تمثيل الجينات في الترميز الثماني بالأرقام (0-7)، وفي الترميز الست عشري يتم تمثيلها كأرقام ست عشرية (0-9) و(A-F)، مع العلم أن مخططات الترميز الثمانية والستة عشرية قليلة الاستخدام [9].

الشكل (2) يعتبر مثال بسيط يوضح الترميز الثنائي للكروموسومات:

Chromosome A	10001110101011011100011011
Chromosome B	10110010101110100000010111

الشكل (2) الترميز الثنائي للكروموسومات

أما عند استخدام مخطط تشفير التبديل permutation encoding، عادة يتم تمثيل الجينات بسلسلة من الأرقام التي تمثل الموقع في السلسلة، ويتم استخدام هذا النوع من الترميز لترتيب المشكلات [10]، على سبيل المثال، بالنظر إلى مجموعة من الجينات [9 8 7 6 5 4 3 2 1]، فإن بعض الكروموسومات المحتملة موضحة في الشكل (3):

Chromosome A	1 5 3 2 6 4 7 8 9
Chromosome B	2 4 6 5 1 3 8 7 9

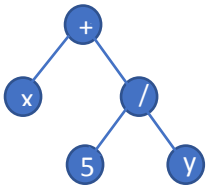
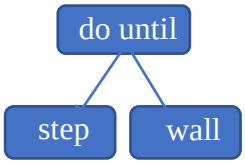
الشكل (3) تشفير التبديل

حيث تكون مساحة بحث المشكلة هي عدد التبديلات الممكنة، ويتوجب عدم تكرار القيم في الكروموسوم الواحد.

عند استخدام مخطط تشفير القيمة value encoding، يتم تمثيل الكروموسومات باستخدام سلسلة من بعض القيم التي يمكن أن تكون أحرفا أو أرقاماً حقيقية أو أعدادا صحيحة [11] وتُستخدم بشكل شائع للعثور على الأوزان المثلى في الشبكات العصبية neural network أو لحل المشكلات باستخدام القيم المعقدة.

في هذا الترميز، كل كروموسوم عبارة عن سلسلة بسيطة من الأرقام الحقيقية أو السلاسل أو أي نوع من الأشياء المعقدة. يعد هذا الشكل شائعاً لترميز الحلول، وهو مفيد بشكل خاص عندما يصعب التقاط قيم المشكلة في ترميز ثنائي [11]. وهي الطريقة المستخدمة في تمثيل الحل للمشكلة الحالية والتي سيتم عرضها بشكل عملي في نهاية الفقرة.

في مخطط ترميز الشجرة tree encoding، يتم تمثيل الجينات من خلال مجموعة من الأوامر أو الوظائف التي تشكل الشجرة الثنائية وعادة ما يستخدم هذا الترميز في تطوير التعبيرات أو البرامج الخاصة بالبرمجة الجينية، وغالباً يتم استخدام لغة البرمجة LISP لتمثيل التعليمات كأشجار مما يوفر سهولة في التمثيل والتحليل [10]. حيث يمثل كل كروموسوم شجرة من العناصر، مثل تعليمة أو أمر برمجي.

Chromosome A	Chromosome B
	
(+ x (/ 5 y))	(do_until step wall)

الشكل (4) تشفير الشجرة

بالدراسة التحليلية للمسألة المطروحة، تم اختيار صيغة الكروموسوم على شكل شعاع من القيم وفقاً الترتيب التالي:

[C, x1, x2, x3, x4]

- تمثل C زمن دورة الإشارة الضوئية وتقدر بالثانية (sec).
- تمثل كل من x1,x2,x3,x4 نسب الزمن الأخضر من زمن دورة الإشارة الضوئية C

تخضع عملية توليد الحلول لشرط مقيد وهو: x1 + x2 + x3 + x4 = 1- (4/C) حيث تمثل (4/C) زمن التحكم الضائع في الانتقال ما بين الأذرع ضمن دورة زمنية واحدة للتقاطع المروري رباعي الأذرع [1].

كذلك فإن قيمة C تخضع للمجال [61,144] وفقاً للنموذج الرياضي المقترح [1]، بينما تم إعطاء المجال [0, 1-(4/C)] لتوليد قيم x بحيث لا يتجاوز مجموعها الشرط المقيد للتوليد، وذلك في سبيل دراسة فعالية الخوارزمية في إيجاد الحلول المرضية ضمن الشروط السابقة.

1.3 تابع اللياقة (التقييم):

عندما يكون لدينا عدد من الحلول، نحن بحاجة آلية فعالة ومدروسة لتوجينا نحو الحل الأفضل من بين مجموعة الحلول المطروحة [2]، يقوم تابع اللياقة بحساب مقدار اقترب الحلول من الهدف المرغوب وصولاً للحل الأمثل، حيث يمكننا القول بأنه يعطينا مجال فرص إنجاب أفضل الحلول من خلال اختيار الوالدين ذوي اللياقة المرغوبة للتزاوج [12]، وذلك وفقاً لطريقة الاختيار المقترحة التي سيتم شرحها لاحقاً.

في الورقة البحثية الحالية، تم اعتماد نموذج رياضي مقترح لتقييم أداء التقاطعات المرورية المنظمة بإشارات ضوئية في ظروف المدن السورية حيث يقوم النموذج على تحديد التأخير الزمني للمركبات على كل ذراع من أذرع التقاطع [1]، ويتم تمثيل النموذج وفقاً للمعادلة (1):

$$= 153.65*(g/C)^2 - 158.37*(g/C) + 54.05*(v/c)^2 - 20.31*(v/c) + 0.042*C + 49.14 \quad (1)$$

حيث تعبر g/C عن نسبة الزمن الأخضر من زمن الدورة ككل وسيتم ترميزها بـ x

- C زمن دورة الإشارة الضوئية
- v حجم المرور على التقاطع المروري (عدد المركبات بالساعة) vec/h
- c سعة الذراع (لمجموعة الحارات) وتعطى بالقانون c= N.S (g/C)

حيث S معدل غزارة الإشباع لكل حارة (عربة/سا/حارة)، N عدد الحارات المرورية للذراع، ويتكون كل ذراع من مجموعة من الحارات ولأن معدل غزارة الإشباع في الطرق السورية يختلف من حارة لأخرى تم تعويض N*S بمجموع S_{tot} للحارات المرورية على الذراع:

$$c = S_{tot}*(g/C) = g/C = S_{tot}/x$$

وبالتالي تصبح المعادلة (1):

$$d = 153.65*x^2 - 158.37*x + 54.05*(v/S*x)^2 - 20.31*(v/S*x) + 0.042*C + 49.14$$

ومن ثم استخدام نواتج هذا النموذج في حساب التأخير الكلي على التقاطع وفق نموذج تحليلي معتمد [13]، موضح بالمعادلة (2)

$$d_{total} = \frac{\sum_1^n d *}{\sum_1^n d} \quad (2)$$

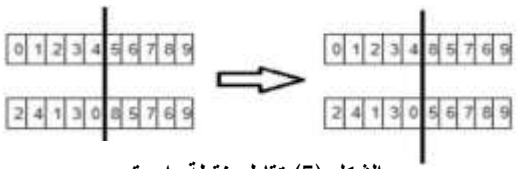
حيث n هو عدد أذرع التقاطع المروري

1.3العمليات الجينية:

- التزاوج (التقاطع) Crossover operators:

يستخدم التقاطع لإنتاج جيل جديد من خلال الجمع بين المعلومات الجينية لوالدين أو أكثر. حيث يوجد العديد من طرق التقاطع، ونذكر منها:

- تقاطع نقطة واحدة (single point crossover)، يتم تحديد نقطة تقاطع بشكل عشوائي ويتم تبادل المعلومات الجينية للوالدين بعد هذه النقطة [10,17]. يوضح الشكل (5) عملية مبادلة المعلومات الجينية بين الوالدين والحصول على جيل جديد



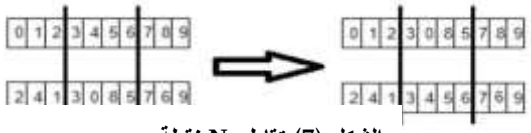
الشكل (5) تقاطع نقطة واحدة

- التقاطع المتوسط (Average Crossover): يتم تشكيل الجين الجديد بحيث تشكل قيمه الجين للولد من خلال أخذ المتوسط الحسابي لكل جين من الوالدين المختارين [9]، كما يوضح الشكل (6):

Parent 1: 5 3 3 2 3 9 7 6 5
Parent 2: 5 4 7 6 5 2 6 1 3
Offspring 1: 5 3 5 4 4 5 6 3 4

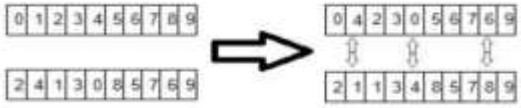
الشكل (6) التقاطع المتوسط

- تقاطع N نقطة (N Point Crossover): يتم تحديد نقطتين أو أكثر من نقاط التقاطع بشكل عشوائي ويتم تبديل المعلومات الجينية للوالدين وفقاً للمقاطع التي تم إنشاؤها [9]. نلاحظ من الشكل التالي كيفية توليد النسل الجديد من خلال تبديل المعلومات الجينية للجزء الأوسط من الوالدين.



الشكل (7) تقاطع N نقطة

- التقاطع الموحد (uniform crossover)، يقوم بعملية التوحيد من خلال دمج البتات لكلا الوالدين، حيث يتم اختيار والدين لخلق ولدين بحيث نقرر بشكل عشوائي إذا كنا نريد تبديل الجين بنفس موقع كروموسوم آخر [14]. الشكل (8) يوضح عملية التبديل عند استخدام التقاطع الموحد.



الشكل (8) التقاطع الموحد

- التقاطع المنفصل (Discrete Crossover): بعكس التقاطع الموحد يتم تبديل ولد واحد، حيث يقوم رقم حقيقي عشوائي بأخذ قرار لاختيار جين أحد الوالدين لتشكيل جين الولد [15]، كما يوضح الشكل (9):

Parent 1:	1 1 1 0 1 0 0 1 0
Parent 2:	1 0 0 0 1 0 1 1 0
Offspring 1:	1 1 0 0 1 0 1 1 0

الشكل (9) التقاطع المنفصل

- تقاطع الخلط أو العشوائية (Shuffle crossover) يتم خلط قيم الحل الفردي قبل عملية العبور ويقوم بفكها بعد إجراء عملية العبور بحيث لا تقدم نقطة العبور أي تحيز في العبور، وبالرغم من أن استخدام هذا التقاطع يقلل التحيز الذي أدخلته تقنيات التقاطع الأخرى ولكن استخدامه أصبح محدوداً في السنوات الأخيرة [15].

في هذه الورقة البحثية، تم اختيار طريقة تقاطع نقطة واحدة للقيام بعملية التقاطع، حيث أن شرط التوليد قيد عملية اختيار نقطة التقاطع بحيث يتم المحافظة على نسب الزمن الأخضر للتقاطعات كاملة ضمن الابن المتولد عنها وتتم المبادلة وفق المثال الموضح في الشكل (10):

Chromosome A	C	x1	x2	x3	x4
Chromosome B	C'	x1'	x2'	x3'	x4'

offspring A	C	x1'	x2'	x3'	x4'
offspring B	C'	x1	x2	x3	x4

الشكل (10) مثال تقاطع نقطة واحدة

-الطفرة Mutation operators:

الطفرة هي أحد الخطوات المهمة في الخوارزميات الجينية حيث يتم تطبيق تتغير على جين واحد أو أكثر مما يقلل من مشكلة الأمثلية المحلية التي قد تحدث نتيجة استخدام عملية التقاطع لوحدها والتي سيتم توضيحها لاحقاً، وبذلك تعمل الطفرة على المحافظة على التنوع الجيني من جيل إلى جيل آخر التي سيتم توضيحها عملياً، وفيما يلي بعض أنواعها:

- طفرة التدافع (scramble mutation): يتم اختيار مجموعة فرعية من الجينات عشوائيا ثم يعاد ترتيب هذه الجينات بشكل عشوائي، علما أنه قد لا تكون هذه الجينات متجاورة [10].
- طفرة الزحف (Creep Mutation): يتم اختيار جين من الكروموسوم بشكل عشوائي ويتم تغيير قيمته بقيمة عشوائية يتم تحديد مجالها بين قيمة أدنى وأعلى [16].
- طفرة الإدراج (Insert Mutation): يتم اختيار قيمتي جينين عشوائياً ثم يتم تحريك الجين الثاني ليتبع الجين الأول، مع تحريك باقي القيم في الكروموسوم، تحافظ هذه الطفرة على معظم المعلومات المتجاورة [16].
- طفرة الانعكاس (Inversion mutation): تقوم بعكس السلسلة الفرعية بين أي موقعين محددين في حل فردي بشكل عشوائي محافظة بذلك على معظم المعلومات المتجاورة [10].
- طفرة المبادلة (Swap Mutation): يتم اختيار جينين من الكروموسوم بشكل عشوائي ويتم تبادل قيمهم ويحافظ على معظم المعلومات المتجاورة [16].
- طفرة العكس (Reversing Mutation): يتم استخدمها في التشفير الثنائي عادة حيث يتم اختيار موضع معين من الكروموسوم عشوائياً ويتم عكس البتات المجاورة له [16].
- الطفرة التبادلية (Interchanging Mutation): يتم اختيار موقعين من السلسلة بشكل عشوائي ثم يتم تبادل المعلومات بين هذين الموقعين [16].
- طفرة القلب (Flip Mutation): يتم استخدامه عادة في الترميز الثنائي، حيث يتم اختيار بت أو أكثر عشوائياً ويتم قلب قيمته، أي يتم تغيير قيمة الـ إلى 1 وقيمة 1 إلى 0 [16].

تم استخدام المبادلة لتقييم مدى فعاليتها بحيث تكون المبادلة ضمن الكروموسوم بشكل عشوائي ويستثنى من المبادلة الجين الأول (زمن دورة التقاطع) حيث تحافظ هذه الطفرة على شرط التوليد.

ومن الدراسة التحليلية لآلية عمل التقاطع فإن تنسيب نسب الزمن الأخضر بحيث تقابل أعلى نسبة للزمن الأخضر الذراع ذي قيمة v/S الأكبر، وأصغر نسبة للزمن الأخضر الذراع ذي قيمة v/S الأصغر

كذلك تم استخدام مبدأ الطفرة التبادلية مع إجراء تعديل على آلية تطبيقها حيث يتم اختيار موقعين من السلسلة بشكل عشوائي (ويستثنى الجين الأول)، ويتم إضافة قيمة لأحد الموقعين على أن يتم طرح نفس القيمة من الموقع الآخر بحيث يتم المحافظة على شرط التوليد. تم اختيار قيمتين هما (0.02,0.09)، وفقاً للمثال التالي

Chromosome A	99	0.222	0.224	0.311	0.203

Chromosome A	99	0.202	0.224	0.331	0.203

الشكل (11) مثال الطفرة التبادلية بقيمة 0.02

1.4 تقنيات الاختيار:

إحدى الخطوات المهمة في تطبيق الخوارزميات الجينية التي تحدد السلاسل أو الوالدين الذين سيقومان بعملية التزاوج، وعادة ما يتم اختيار الآباء تبعا لدالة الأمثلية الأفضل (fitness value). يوجد العديد من التقنيات المستخدمة للقيام بعملية الاختيار منها:

- تقنية اختيار عجلة الروليت (roulette wheel) يتم تعيين جميع الحلول الممكنة على العجلة مع تخصيص جزء من العجلة لهم تبعا لقيمة لياقتهم (fitness value) ويتم تدوير العجلة عشوائيا لاختيار الحلول المشاركة في تشكيل الجيل القادم [17]. مع العلم أن هذه التقنية تعاني من عدة مشاكل أبرزها الأخطاء التي تسببها طبيعتها العشوائية [18].
- تقنية اختيار الأفضل من بين مجموعة (Tournament selection technique): في هذه التقنية يتم اختيار مجموعة من الأفراد بشكل عشوائي، ثم تتم المنافسة بين الأفراد المختارين تبعاً للفرد الذي يملك قيمة لياقة أعلى لإضافتهم إلى الجيل التالي، وتعد هذه التقنية من التقنيات الأكثر شيوعاً بسبب كفاءتها [4].
- تقنية اختيار المرتبة (rank): هي شكل معدل من تقنية عجلة الروليت حيث يتم استخدام الرتب بدلا من قيم اللياقة علماً أن كل فرد له رتبة تبعاً لقيمته المتوقعة، وتتميز هذه التقنية بأنها تقلل فرص تقارب الحل قبل الأوان إلى حد أدنى محلي [18].
- تقنية اختيار بولتزمان (Boltzmann): تعتمد هذه التقنية على طرق الانتروبيا وأخذ العينات حيث يستخدم في المساعدة لحل مشكلة التقارب المبكر. ولكن بالرغم من ارتفاع احتمال اختيار أفضل سلسلة في وقت قليل هناك احتمال فقدان للمعلومات [19].
- تقنية اختيار النسبة الأفضل من بين مجموعة أفراد (selection Truncation): تعتمد هذه التقنية على ترتيب الأفراد تنازليا تبعاً لقيمة لياقتهم حيث يتم اختيار أفضل الأفراد كآباء وتضاف نسبة مئوية بين مجالين لجميع الأفراد ثم يتم تجاهل الأفراد الضعفاء الذين يملكون أدنى قيمة لياقة ليتم بعدها اختيار الوالدين الأفضل للتزاوج [10].
- تقنية أخذ العينات العالمية العشوائية (stochastic universal sampling): هذه التقنية مشابهة لتقنية اختيار عجلة الروليت، ولكنه يتم اختيار عدة نقاط ثابتة بدلاً من اختيار نقطة واحدة ثابتة في قائمة الأفراد من جيل وهذا يعطي فرصة للأفراد الذين يملكون تابع لياقة عالي على أن يتم اختيارهم ولو مرة واحدة للمشاركة في عملية العبور للجيل القادم [10].
- تقنية اختيار النخبة (Elitism selection): يتم من خلال هذه التقنية ضمان وجود الفرد النخبوي في الجيل التالي، حيث أنه يتم إجراء الاختبار العادي فإذا لم يتم اختيار الفرد الذي يتمتع بقيمة لياقة أعلى عندها يتم تضمينه تلقائياً في الجيل التالي، وتستخدم عادة لتحسين أداء عجلة الروليت [17].

تم في هذه الورقة تصنيف الكروموسومات ضمن مجموعتين مستخدمتين في التزاوج بحيث أن أفضل 30% منها تم وضعها ضمن مجموعة a والـ 30% التي تليها تم وضعها في مجموعة b بحيث يتم اختيار كل أب من مجموعة.

1.5 معايير توقف الخوارزمية:

تتوقف الخوارزمية تبعا لشروط يتم تحديدها للإعلان عن أفضل الحلول التي استطعنا الوصول إليها ومن ضمن الشروط المستخدمة الأكثر شيوعاً[2] :

- لم يعد هناك تحسن في قيمة اللياقة للأجيال الجديدة.

- تم الوصول إلى عدد محدد مسبقاً من الأجيال.
- تم الوصول إلى قيمة لياقة للأجيال الجديدة أقل من قيمة محددة مسبقاً.

1.6 بارامترات الخوارزمية الجينية:

1. معدل التقاطع (الاحتمالية) Crossover rate: يمثل عدد المرات التي يحدث فيها التقاطع للكروموسومات في جيل واحد، أي فرصة أن يتبادل كروموسومان بعضًا من أجزائهما، ويعني معدل التقاطع بنسبة 100% أن كل الجيل سيتم توليده عن طريق التقاطع. إذا كانت 0%، فسيتم نسخ الجيل الجديد كاملاً من أفراد السكان ضمن الجيل السابق، باستثناء تلك الناتجة عن عملية الطفرة. إن قيمة معدل التقاطع تقع في المجال [0,1]. [20]

2. معدل الطفرات (الاحتمالية) Mutation rate: يحدد هذا المعدل عدد الكروموسومات التي يجب أن تخضع لطفرة ضمن جيل واحد. تقع قيم معدل الطفرة في المجال [0,1]. الغرض من الطفرة هو منع GA من التقارب مع Optima المحلي، ولكن تطبيق الطفرة بمعد عالي، سيؤدي إلى نقل عمل GA ليصبح بحثاً عشوائياً [21].

3. حجم السكان: يشير حجم السكان إلى العدد الإجمالي للسكان. اختيار حجم السكان مسألة حساسة؛ إذا كان حجم السكان (مساحة البحث) صغيرًا، فهذا يعني أن مساحة البحث المتاحة قليلة، وبالتالي من الممكن الوصول إلى المستوى الأمثل المحلي. على الرغم من أنه إذا كان حجم المجتمع كبيرًا جدًا، تزداد مساحة البحث ويصبح الحمل الحسابي مرتفعًا [22]، لذلك يجب أن يكون حجم السكان معقولًا، وهو ما تم توضيحه ضمن النتائج

4. عدد الأجيال: يشير إلى عدد التكرارات قبل الإنهاء. ويعتمد على نوع المشكلة ومدى تعقيدها. اعتمادًا على تصميم GA، في بعض الأحيان لا يتم استخدام هذه المعلمة، خاصة إذا كان إنهاء GA يعتمد على معايير محددة.

النتائج والمناقشة:

يعتبر كل من حجم المرور للأذرع على التقاطعات المرورية v إضافة إلى معدل غزارة الإشباع S مدخلات خارجية إلى الخوارزمية وهي لازمة لعملها. تم تطبيق عمل الخوارزمية على بيانات تقاطع المجتهد في محافظة دمشق وفق بيانات أذرعه الأربع التالية:

v1 = 1262	v2 = 1386	v3 = 728	v4 = 576
S1 = 2984	S2 = 3371	S3 = 4755	S4 = 4912

يقوم عمل الخوارزمية على توليد جيل جديد وتحديد أفضل حل موجودة ضمنه، وعليه فإن الخوارزمية تعمل على تقليل زمن التأخير الحاصل على المركبات أثناء مرورها على التقاطع المروري وفي حال فشل إنتاج حل أفضل من حل الجيل السابق، فإنها تحافظ على الحل الناتج من الجيل السابق ويتم تطبيق عملها وفقاً للمعطيات السابقة على كل مجموعة من المجموعات العشر السابقة وفق عدد تكرارات (50 تكرار) ونسبة تزاوج 50 % علماً أن الحالات المدروسة تمت وفقاً للتالي:

تم إنشاء عشر مجموعات عشوائية (خمس مجموعات بتعداد سكاني = 50، وخمس مجموعات بتعداد سكاني = 100) ضمن كل مجموعة تم دراسة تأثير عمل الخوارزمية والتي تم توضيح نتائج تطبيقها في الشكل (11) على كل مجموعة من المجموعات التي تم توليدها وفق الحالات التالية:

1- بدون طفرة وتم تمثيلها ضمن المخططات باللون الأصفر.

2- طفرة المبادلة swap (يستثنى الجين الأول من كل كروموسوم كما ذكرنا سابقاً في فقرة الطفرة) وتم تمثيلها باللون الأزرق.

3- طفرة مشتركة (تنسيب مع الطفرة التبادلية قيمتها 0.02 وفق ما تم ذكره سابقا)، وتم تمثيلها باللون الأخضر.

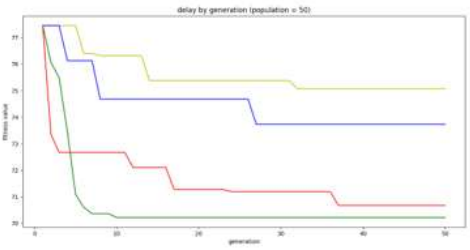
4- طفرة مشتركة (تنسيب مع الطفرة التبادلية قيمتها 0.09 وفق ما تم ذكره سابقا)، وتم تمثيلها باللون الأحمر.

وذلك بهدف مناقشة ومقارنة تأثير الطفرات التي تم اختيارها وتأثير عدد السكان على نتائج الخوارزمية.

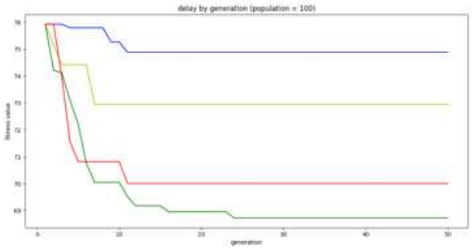
تم تطبيق الطفرة المشتركة بشكل عشوائي ضمن التكرار الواحد أي أن الكروموسوم ضمن التكرار الواحد يخضع للتنسيب أو للطفرة التبادلية مع إعطاء أفضلية للأخيرة كون تأثيرها يعطي تنوعاً أفضل في الأفراد.

فيما يلي، يتم عرض نتائج عمل الخوارزمية الجينة باستخدام الطفرات المقترحة وذلك بتطبيقها على كل مجموعة من المجموعات العشوائية المستخدمة.

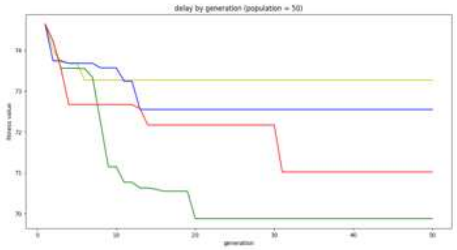
مجموعة ١



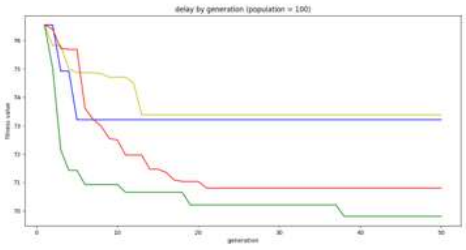
مجموعة ١



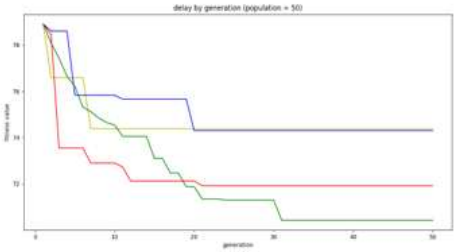
مجموعة ٢



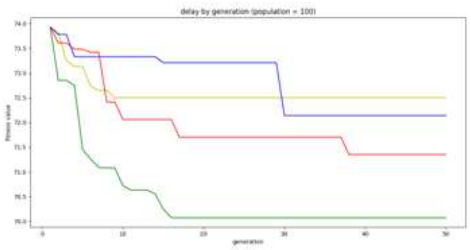
مجموعة ٢



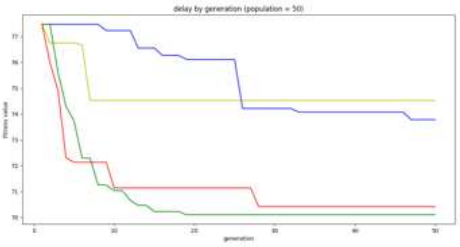
مجموعة ٣



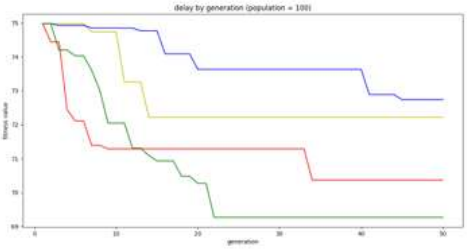
مجموعة ٣



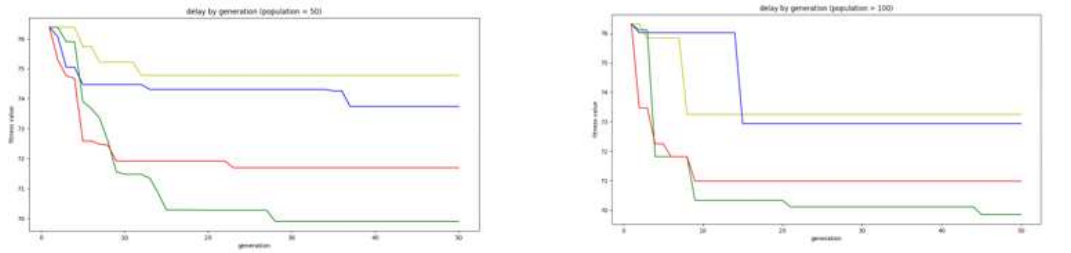
مجموعة ٤



مجموعة ٤



مجموعة ٥ مجموعة ٥



(a) التعداد السكاني = 100 **(b) التعداد السكاني = 50**

الشكل (12) تأثير الطفرة على عمل الخوارزمية الجينية للمجموعات العشر المولدة عشوائياً

يعبر الجدول (1) والجدول (2) عن أفضل تأخير زمني تم الوصول إليه (بدون طفرة ومع طفرة) لكل مجموعة من المجموعات التي تم توليدها عشوائياً.

الجدول (1) أفضل زمن تأخير (عدد سكان = 100)

سكان =١٠٠	بدون طفرة	مبادلة Swap	تبادلية ٠,٠٢ وتنسيب	تبادلية ٠,٠٩ وتنسيب
م١	72.95	74.89	68.73	70.01
م٢	73.38	73.21	69.81	70.81
م٣	72.50	72.14	70.07	71.35
م٤	72.22	72.74	69.27	70.37
م٥	73.25	72.94	69.86	70.99

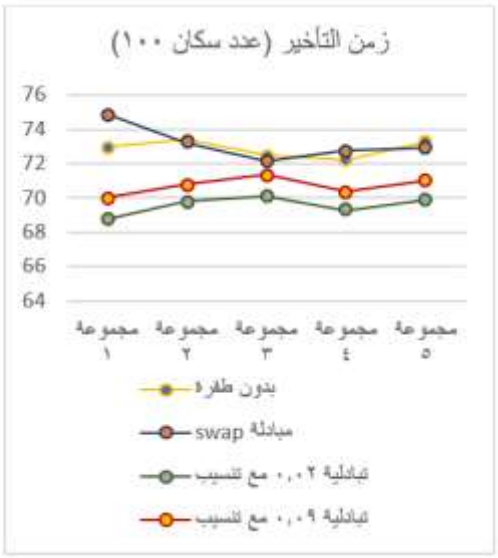
الجدول (2) أفضل زمن تأخير (عدد سكان = 50)

سكان =٥٠	بدون طفرة	مبادلة Swap	تبادلية ٠,٠٢ وتنسيب	تبادلية ٠,٠٩ وتنسيب
م١	75.07	73.73	70.22	70.67
م٢	73.27	72.55	69.88	71.02
م٣	74.39	74.30	70.43	71.92
م٤	74.53	73.79	70.11	70.42
م٥	74.78	73.74	69.91	71.70

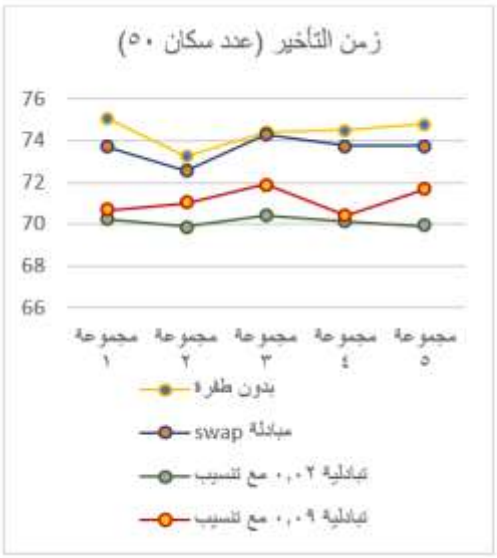
1.7 تأثير الطفرة:

تم اختيار الطفرات بناءً على الدراسة التحليلية للمشكلة لاختيار الطفرة الأكثر استقراراً والأفضل قيمةً وذلك عن طريق تطبيق الطفرات، كل منها على حدى على نفس المجموعة كما هو موضح في الشكل (12).

يوضح الشكل (13) والشكل (14) مقارنة لأفضل زمن تأخير تم الوصول إليه مع كل مجموعة من المجموعات الخمس وفق تعداد سكاني = 50 والمجموعات الخمس وفق تعداد سكاني = 100 بعد معالجتها باستخدام الخوارزمية الجينية بدون طفرة ومع طفرة المبادلة والطفرة المشتركة (بنوعيها) كل منها على حدى.



الشكل (13) مقارنة أداء الخوارزمية باستخدام الطفرات المقترحة وفق تعداد سكاني = 50



الشكل (14) مقارنة أداء الخوارزمية باستخدام الطفرات المقترحة وفق تعداد سكاني = 100

–ارتبطت النتائج بشكل أساسي (في حالة عدم استخدام طفرة) بالحلول التي تم توليدها عشوائياً في الجيل الأول، وبملاحظة القيم التي تعبر عن النتائج بدون طفرة ضمن الجدول (1) والجدول (2) نجد أن النتائج لم تبدي استقراراً باختلاف مجموعة الجيل الأول وفشلت في الوصول إلى قيم مرضية مقارنة بالطفرة المشتركة (التبادلية مع تنسيب)، وكما ذكرنا سبقاً، أدى عدم وجود طفرة للدخول فيما يسمى بالنهايات المحلية Local Minima .[23]

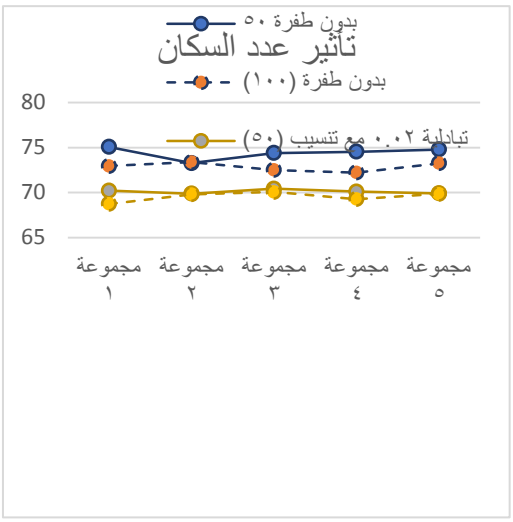
– كذلك لم تبدي الخوارزمية استقراراً في نتائجها باستخدام طفرة المبادلة وأعطت نتائج متفاوتة لا يمكن الاعتماد عليها في إيجاد حلول مرضية حيث أنها لم تعطي تحسناً ملحوظاً في زمن التأخير التي وصلت إليه بالمقارنة مع عدم وجود طفرة، ويعود السبب لعدم مرونتها في القدرة على تعديل قيم الجينات وإنما فقط تعديل مواقعها وبالتالي تأثرت نتائجها بالقيم المتولدة ضمن الجيل الأول لكل مجموعة وكان الاستقرار متبايناً باختلاف مجموعة الجيل الأول.

– بملاحظة الشكل (13) والشكل (14)، سجلت الطفرة المشتركة (تنسيب مع طفرة تبادلية بقيمة 0.02) نتائج مرضية هي الأفضل بين الطفرات المطروحة، وبملاحظة خط عملها ضمن الشكل (12) لكل مجموعة على حدى، نلاحظ أنها استطاعت الوصول إلى نتائج مرضية ضمن مجال التكرارات المطروح وصولاً إلى أفضل حل ممكن. وبزيادة قيمة الطفرة التبادلية إلى 0.09 ابتعدت الخوارزمية في نتائجها عن القيم المثلى التي تم الوصول إليها باستخدام مثيلتها (0.02).

1.8 تأثير تعداد السكان الـ population ضمن الجيل:

– يوضح الشكل (15) مقارنة بين أداء الخوارزمية الجينية باستخدام تعداد سكاني = 50 وتعداد سكاني = 100 وذلك بدون استخدام طفرة ومع استخدام طفرة مناسبة (تنسيب مع طفرة تبادلية بقيمة 0.02).

من الشكل (15) نلاحظ:



الشكل (15) مقارنة أداء الخوارزمية الجينية باستخدام تعداد سكاني = 50 وتعداد سكاني = 100

الجدول (3) عدد التكرارات اللازمة للوصول إلى أفضل زمن تأخير (عدد سكان = 100)

سكان =١٠٠	بدون طفرة	Swap	تبديل و٠,٠٢	تبديل و٠,٠٩
م١	7	11	24	11
م٢	13	5	38	21
م٣	9	30	16	41
م٤	14	45	22	34
م٥	6	15	21	9

الجدول (4) عدد التكرارات اللازمة للوصول إلى أفضل زمن تأخير (عدد سكان = 50)

سكان =٥٠	بدون طفرة	Swap	تبديل و٠,٠٢	تبديل و٠,٠٩
م١	32	27	10	37
م٢	6	13	20	31
م٣	7	20	31	21
م٤	7	33	19	28
م٥	12	37	28	23

- تحسن النتائج مع زيادة عدد أفراد الجيل في حالة عدم استخدام طفرة إلا أنها لم تصل إلى حلول مرضية مقارنة باستخدام طفرة مناسبة.
- مع وجود طفرة مناسبة (تنسيب مع طفرة تناسبية بقيمة 0.02) وبالعودة إلى الجدول (1) والجدول (2) أعطت الخوارزمية نتائج مرضية ومتقاربة مع اختلاف تعداد الأفراد ضمن الجيل الواحد.
- بالعودة للشكل (12) وملاحظة الجدول (3) والجدول (4)، فإن زيادة تعداد الأفراد ضمن الجيل الواحد لم يحسن من عدد الأجيال اللازمة للوصول إلى حل مرضي، وتفاوت عدد الأجيال المطلوب للوصول إلى الحل، بدون تسجيل فرق واضح في عددها مع اختلاف تعداد السكان (50 أو 100)
- مما يعني أن اختيار طفرة مناسبة خفف من العمليات الحاسوبية (حجم وزمن معالجة) باستخدام تعداد سكاني أقل (50 فرد) دون الحاجة إلى زيادة عدد السكان.

الاستنتاجات والتوصيات:

- اختيار نوع الطفرة والقيمة المناسبة لها يساهم في الحفاظ على التنوع السكاني وصولاً لحلول مرضية ويقلل من الحاجة إلى أحجام كبيرة من التعداد السكاني.
- لعب ترميز المشكلة دوراً أساسياً في اختيار نوع التقاطع والطفرات وأثر على تطبيقها على كامل تكرارات الخوارزمية وصولاً إلى حلول مرضية.
- يمكن استخدام الخوارزمية الجينية في الحالات التي تتطلب تقييدات صارمة (ارتباط خطي لجينات الكروموسوم) في إنتاج الحل وذلك عن طريق الدراسة التحليلية للمشكلة وربطها بعمليات الخوارزمية الجينية من عمليات التقاطع والطفرة.

References:

1. EBRAHIM, M., DAOUD, SH., RUSTOM, A. *Development a Method for Performance Evaluation of Signalized Intersections in Conditions of Syrian Cities*. PHD. Department of Transport Engineering and Building Materials, Damascus University, 2019, 160. (in Arabic).

2. Bosheah, Z., Chiha, B. Intelligent Control of Automated Driving Systems in Vehicles Using Neural Networks and Genetic Algorithm. Tishreen University Journal-Engineering Sciences Series, 2022, 44(1)، 253 -264. (in Arabic)

3. KHAMPRAPAI, W. et al. *Performance of Enhanced Multiple-Searching Genetic Algorithm for Test Case Generation in Software Testing*. Mathematics 2021, 9, 1779." Mathematics in Software Reliability and Quality Assurance (2021): 149.

4. HASSANAT, A. *Choosing mutation and crossover ratios for genetic algorithms— a review with a new dynamic approach*. Information, 2019. 10(12): p. 390.

5. SHUKLA, A., PANDEY, H.M., MEHROTRA, D. *Comparative review of selection techniques in genetic algorithm.* In Proceedings of the International Conference on Futuristic Trends on Computational Analysis and Knowledge Management, Noida, India, 25–27 February 2015; pp. 515–519.

6. KOREJO, I., YANG, S., BROHI, K., KHUHRO, Z. U. *Multi-population methods with adaptive mutation for multi-modal optimization problems*. Int. J. Soft Comput. Artif. Intell. Appl. 2013, 2, 19

7. BYT, R. T. et al. *A Comparison of GA Crossover and Mutation Methods for the Traveling Salesman Problem*, in Innovations in Computational Intelligence and Computer Vision. 2021.

8. KRAMER, O. *Genetic algorithms, in Genetic algorithm essentials*. Part of Studies in Computational Intelligence, 2017.

9. KORA, P., YADLAPALLI, P. *Crossover operators in genetic algorithms: A review*. International Journal of Computer Applications 162.10 (2017).

10. KATOCH, S., SUMIT, S. C., VIJAY, K. *A review on genetic algorithm: past, present, and future*. Multimedia Tools and Applications 80.5 (2021): 8091-8126.

11. KUMAR, A. *Encoding schemes in genetic algorithm*. International Journal of Advanced Research in IT and Engineering 2.3 (2013): 1-7.

12. HUSSAIN, A, et al. *Genetic algorithm for traveling salesman problem with modified cycle crossover operator*. Computational intelligence and neuroscience 2017 (2017).

13. TRB. *Highway Capacity Manual (HCM2010)*. Fifth Edition, Transportation Research Board of National Academics, Washington, D.C, 2010.
14. SOON, G. K. et al. *A comparison on the performance of crossover techniques in video game*. 2013 IEEE international conference on control system, computing and engineering. IEEE, 2013.
15. UMBARKAR, A. J., Sheth, P. D. *Crossover operators in genetic algorithms: a review*. ICTACT journal on soft computing 6.1 (2015).
16. SONI, N., KUMAR, T. *Study of various mutation operators in genetic algorithms*. (2014).
17. JEBARI, K., MADIAFI, M. *Selection methods for genetic algorithms*. International Journal of Emerging Sciences 3.4 (2013): 333-344.
18. SHUKLA, A., PANDEY, H. M., MEHROTRA, D. *Comparative review of selection techniques in genetic algorithm*. 2015 international conference on futuristic trends on computational analysis and knowledge management (ABLAZE). IEEE, 2015.
19. SAINI, N. *Review of selection methods in genetic algorithms*. International Journal of Engineering and Computer Science 6.12 (2017): 22261-22263.
20. DE JONG, K., SPEARS, W. *A formal analysis of the role of multi-point crossover*. Ann. Math. Artif. Intell. 1992, 5, 1–26.
21. LYNCH, M. *Evolution of the mutation rate*. Trends Genet. 2010, 26, 345–352
22. ROEVA, O., FIDANOVA, S. PAPRZYCKI, M. *Influence of the population size on the genetic algorithm performance in case of cultivation process modelling*. In Proceedings of the IEEE Conference on Computer Science and Information Systems, Kraków, Poland, 8–11 September 2013; pp. 371–376.
23. PARTOUCHE, D. *Intelligent speed adaptation in curves for autonomous vehicles*. 2006.