

مقایسه روش‌های الگوریتم ژنتیک و خودتوضیح با وقفه‌های گسترده به منظور تخمین تابع تولید بخش کشاورزی ایران

سمانه نگارچی*، محمدرضا زارع مهرجردی^۱، حسین مهرابی بشرآبادی^۱، حسین نظام‌آبادی پور^۲
تاریخ دریافت: ۹۰/۰۸/۲۷ تاریخ پذیرش: ۹۰/۱۲/۱۹

چکیده

تاکنون مطالعات متعددی در تخمین تابع تولید در بخش کشاورزی صورت گرفته است. اغلب این مطالعات روش‌های اقتصادسنجی را برای تخمین توابع تولید به کار برده‌اند. با توجه به اینکه اخیراً الگوریتم‌های ابتکاری در مدت زمان اندکی کاربردهای گسترده‌ای در مسائل بهینه‌سازی یافته است؛ در این مطالعه نیز با به کارگیری روش الگوریتم ژنتیک (GA) به منظور برآورد تابع تولید در بخش کشاورزی، به مقایسه‌ی این مدل با روش خودتوضیح با وقفه‌های گسترده (ARDL) پرداخته شده است. برای برآورد تابع تولید از داده‌های سری زمانی ارزش افزوده، نیروی کار، انرژی و سرمایه‌ی بخش کشاورزی طی دوره‌ی زمانی ۸۶-۱۳۵۶ استفاده گردیده و نتایج مقایسه‌ی این دو روش براساس دو معیار خطای ریشه متوسط مربعات (RMSE) و ضریب تعیین (R^2) حاکی از آن است که روش الگوریتم ژنتیک نسبت به روش ARDL از کارایی بالایی در تخمین تابع تولید برخوردار است.

طبقه‌بندی *JEL*: C61, Q16

واژه‌های کلیدی: الگوریتم ژنتیک، ARDL، تابع تولید کشاورزی.

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و دانشیار اقتصاد کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان.

۲- دانشیار مهندسی برق دانشگاه شهید باهنر کرمان.

* نویسنده‌ی مسئول مقاله: negarchi@gmail.com

پیشگفتار

بخش کشاورزی اهمیت ویژه‌ای در اقتصاد ایران دارد. توسعه‌ی بخش کشاورزی پیش‌شرط و نیاز ضروری توسعه‌ی اقتصادی کشور است و تا زمانی که موانع توسعه در این بخش برطرف نشود، سایر بخش‌ها نیز به شکوفایی، رشد و توسعه دست نخواهند یافت. مبحث تولید در ادبیات اقتصاد و توسعه، به‌دلیل ایفای نقش محوری، از اهمیت خاصی برخوردار است. برای دستیابی به هدف‌های توسعه از راه بهبود کمی و کیفی تولید، شناسایی درست و تخصیص بهینه و به‌کارگیری مطلوب عوامل تولید در بخش‌های مختلف اقتصادی به‌ویژه بخش کشاورزی ضرورت دارد.

نظریه‌ی تولید بیان‌کننده‌ی چگونگی ترکیب نهاده‌ها یا عوامل تولید برای رسیدن به مقادیر مختلف ستانده یا محصول به بهترین وجه ممکن است. اصلی‌ترین ابزار نظریه‌ی تولید، تابع تولید است که نشان‌دهنده‌ی نرخ تبدیل نهاده‌ها یا عوامل به ستانده یا محصول است. تابع تولید نشان‌دهنده‌ی حداکثر مقدار ستانده‌ای است که می‌توان با استفاده از مجموعه‌ی خاصی از نهاده‌ها تولید کرد و یا به‌طور خلاصه تابع تولید فهرستی از امکانات تولید است. در این روش پس از مشخص نمودن فرم تابع تولید با استفاده از روش‌های اقتصادسنجی و نرم‌افزارهای مختلف و داده‌های به‌دست آمده به‌صورت یک تابع ریاضی صریح برآورد می‌گردد. انگیزه‌ی معرفی اولین تابع تولید پارامتری نئوکلاسیک توسط کاب و داگلاس در سال ۱۹۲۸ همان تابع تولید معروف کاب-داگلاس بود که توزیع درآمد مشاهده شده بین دو گروه کارگر و سرمایه‌دار را توضیح می‌داد (مهرآرا، ۱۳۸۸). تابع تولید کاب-داگلاس به‌واسطه‌ی ویژگی امکان‌جانشینی بین عوامل در جریان تولید و مناسب بودن فرم تابعی آن بیشتر مورد توجه قرار گرفته است. مطالعات زیادی نیز به‌منظور تخمین تابع تولید بخش کشاورزی از تابع تولید کاب-داگلاس استفاده کرده‌اند. از این میان می‌توان به مطالعه‌ی امیرتیموری و خلیلیان (۱۳۸۶) اشاره کرد که در مطالعه‌ی تحت عنوان رشد بهره‌وری کل عوامل تولید در بخش کشاورزی ایران و چشم‌انداز آن در برنامه‌ی چهارم توسعه، به تخمین تابع تولید کشاورزی به فرم کاب-داگلاس با استفاده از روش $ARDL^1$ پرداخته‌اند. تهامی‌پور و شاهمرادی (۱۳۸۶) از روش OLS برای تخمین فرم کاب-داگلاس تابع تولید بخش کشاورزی با دو نهاده‌ی سرمایه و نیروی کار در راستای اندازه‌گیری رشد بهره‌وری کل عوامل تولید بخش کشاورزی و بررسی سهم آن از رشد ارزش افزوده بخش، استفاده نموده‌اند. هژبرکیانی و واردی (۱۳۷۹) در مطالعه‌ی به‌منظور بررسی اثر نهاده انرژی در کنار دو نهاده‌ی موجودی سرمایه و نیروی کار بر تولید بخش کشاورزی از تابع تولید کاب-داگلاس با سه نهاده‌ی موجودی سرمایه، نیروی کار و انرژی استفاده کردند. هاماتو (۲۰۰۶)، در مطالعه‌ی تحت عنوان "کنترل محیطی و بهره‌وری صنایع

1 . Auto-Regressive Distributed lag (ARDL)

تولیدی ژاپن" به منظور رشد بهره‌وری کل، از تکنیک تابع تولید استفاده کرد. نتایج نشان داد که رابطه‌ی مخارج کنترل آلودگی و مخارج تحقیقات، مثبت و رابطه‌ی مخارج کنترل آلودگی و متوسط عمر موجودی سرمایه، منفی است. بررسی مطالعات انجام شده حاکی از کاربرد روش‌های کلاسیک اقتصادسنجی در تخمین توابع می‌باشد.

همزمان با تحقیقات وسیعی که برای افزایش قابلیت‌های روش کلاسیک و رفع محدودیت‌های آنها صورت گرفته است؛ مهندسیین با استفاده از نظریات سایر علوم سعی در ابداع روش‌های کارآمد بهینه‌سازی در مسائل کاربردی نمودند. روش ژنتیک یکی از روش‌های عددی است که در مدت زمان اندکی کاربردهای گسترده‌ای در مسائل بهینه‌سازی یافته است. الگوریتم ژنتیک برای اولین بار در سال ۱۹۷۵ توسط جان هلند مطرح شد (هلند، ۱۹۹۲). کاربردهای موفق الگوریتم ژنتیک در سال ۱۹۸۹ با نوآوری‌های گلدبرگ آغاز گردید و در گستره وسیعی از مسائل بهینه‌سازی به‌طور موفق به کار گرفته شد (گلدبرگ، ۱۹۸۹). در چند سال اخیر محققان اقتصادی نیز از این گونه الگوریتم‌ها برای حل مسائل اقتصادی کمک گرفته‌اند. هرچند که تعداد این تحقیقات اندک است؛ اما آنچه مشهود است؛ روند صعودی این‌گونه تحقیقات است. از جمله مطالعات انجام گرفته در زمینه‌ی استفاده از الگوریتم ژنتیک، می‌توان به موارد زیر اشاره کرد:

امجدی و همکاران (۲۰۱۰)، به برآورد تقاضای برق ایران با استفاده از دو الگوریتم ژنتیک و بهینه‌یابی انبوه ذرت پرداخته‌اند. در این مطالعه از دو مدل خطی و غیرخطی برای برآورد تقاضای برق استفاده شده است و توانایی هر الگوریتم را برای تطبیق و پیش‌بینی مقادیر تقاضا با کمترین میزان خطا را در آینده، ارائه می‌دهد. کانیورت و ازترک (۲۰۰۶)، یک مدل غیرخطی را برای پیش‌بینی مصرف نفت در ترکیه برای سال‌های ۱۹۷۵-۲۰۰۵ تخمین زده‌اند. آنها از سه گروه از متغیرها کمک گرفتند. شبیه‌سازی یافته‌های تحقیق، نشان‌دهنده‌ی نتایج موفقیت‌آمیز و رضایت‌بخش در خصوص پیش‌بینی است. هالدنبیلن و سیلان (۲۰۰۵)، با استفاده از سه مدل خطی، درجه دو و نمایی، تقاضای انرژی در بخش حمل و نقل ترکیه را برای سال ۲۰۰۰-۱۹۷۰ با به‌کارگیری تکنیک الگوریتم ژنتیک تخمین زدند. نتایج این تحقیق نشان داد که مدل درجه دو نسبت به مدل دیگر از دقت بالایی در تخمین تقاضای انرژی در بخش حمل و نقل برخوردار است.

همچنان که مطالعات انجام شده نشان می‌دهد، توابع تولید به‌خصوص تابع تولید بخش کشاورزی مورد توجه همگان بوده است. با توجه به اهمیت تابع تولید در برنامه‌ریزی و تصمیم‌گیری‌ها، ضرورت تخمین این تابع به‌وسیله‌ی روش‌های دقیق وجود دارد. مطالعاتی که تاکنون از روش‌های نوین و ابتکاری استفاده کردند؛ دقیق و کارا تر بودن این روش‌ها نسبت به روش‌های کلاسیک را تأیید نموده‌اند. با توجه به این که تاکنون در زمینه‌ی تعیین تابع تولید از روش‌های نوین استفاده

نشده‌است، ما در این تحقیق به بررسی یکی از روش‌های نوین و ابتکاری (الگوریتم ژنتیک) در راستای تخمین تابع تولید بخش کشاورزی و مقایسه‌ی آنها با روش‌های کلاسیکی، پرداخته‌ایم. اهدافی که این تحقیق دنبال می‌کند به شرح زیر است:

- برآورد تابع تولید در بخش کشاورزی.
- بررسی عملکرد الگوریتم‌های بهینه‌یابی و اقتصادسنجی در راستای به دست آوردن بهترین ضرایب مدل مورد نظر و کاهش خطای تخمین.

مواد و روش‌ها

چنانکه می‌دانیم، تابع تولید رابطه‌ای فنی میان عوامل تولید و محصول است؛ به طوری که معرف حداکثر ستانده‌ای است که می‌توان با ثابت بودن دیگر شرایط، از مجموع معین نهاده‌ها به دست آورد. نبود دقت کافی در تخمین توابع تولید منجر به انتخاب نوعی از تابع می‌شود که ارتباط واقعی بین متغیرها را نشان نمی‌دهد و پارامترهای برآورد شده از این رهگذر اعتبار لازم را ندارد. در این مطالعه با استفاده از متغیرهای مختلف همانند موجودی سرمایه، نیروی کار و انرژی مصرفی در بخش کشاورزی به تخمین تابع تولید بخش کشاورزی پرداخته و مناسب‌ترین تابع تولید منطبق با مبانی نظری به صورت زیر در نظر گرفته شده است:

$$VA = \alpha L^{\beta_1} K^{\beta_2} E^{\beta_3} \quad (1)$$

که پس از تبدیل به فرم لگاریتمی به صورت زیر در خواهد آمد:

$$\ln VA = \ln \alpha + \beta_1 \ln L + \beta_2 \ln K + \beta_3 \ln E \quad (2)$$

به منظور تخمین تابع تولید، دو روش خود توضیح با وقفه‌های گسترده (ARDL) و الگوریتم ژنتیک به کار گرفته شده است.

روش خود توضیح با وقفه‌های گسترده (ARDL)

در این تحقیق به منظور تخمین تابع تولید و همچنین بررسی روابط درازمدت و کوتاه‌مدت بین متغیر وابسته و سایر متغیرهای توضیحی الگو از روش خود توضیح با وقفه‌های گسترده (ARDL) استفاده شده است. به علت وجود محدودیت‌هایی در استفاده از روش‌های انگل-گرنجر^۱، یوهانسن-جوسیلیوس^۲ و مدل تصحیح خطا^۳ (ECM)، برخی از مطالعات کوشیدند تا با غلبه بر نواقص

-
- 1 . Engle-Granger test
 - 2 . Johanson-Joselius test
 - 3 . error correction model

روش‌های فوق درصدد دستیابی به رهیافت بهتر برای تحلیل روابط درازمدت و کوتاه‌مدت بین متغیرها برآیند که از آن جمله می‌توان به مطالعه‌ی پسران و پسران (۱۹۹۷) اشاره کرد. رهیافت ارائه شده توسط این دو محقق، موسوم به روش ARDL است. در استفاده از این رهیافت به یکسان بودن درجه هم‌جمعی متغیرها- که در روش انگل گرنجر ضروری است- نیازی نیست (یوسفی، ۱۳۷۹). این روش روابط دراز مدت و کوتاه مدت بین متغیر وابسته و سایر متغیرهای توضیحی الگو را به‌طور همزمان تخمین می‌زند. تخمین‌های به‌دست آمده ناریب و کارا خواهد بود. در روش ARDL برای تخمین رابطه درازمدت می‌توان از روش دو مرحله‌ای به نحو زیر استفاده کرد:

در مرحله‌ی اول وجود ارتباط درازمدت بین متغیرهای تحت بررسی آزمون می‌گردد. برای این منظور مدل پویای ARDL تخمین زده می‌شود. در این مدل اگر مجموع ضرایب برآورد شده مربوط به وقفه‌های متغیر وابسته کوچکتر از یک باشد، الگوی پویا به سمت تعادل دراز مدت گرایش می‌یابد. لذا برای آزمون همگرایی لازم است آزمون فرضیه زیر انجام گیرد:

$$H_0: \sum_{i=1}^m \beta_i - 1 \geq 0 \quad (3)$$

$$H_1: \sum_{i=1}^m \beta_i - 1 \leq 0$$

کمیت آماره‌ی t مورد نیاز برای انجام آزمون فوق به‌صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$t = \frac{\sum_{i=1}^m \beta_i}{\sum_{i=1}^m s\beta_i} \quad (4)$$

با مقایسه‌ی کمیت آماره‌ی t محاسباتی و کمیت بحرانی در سطح اطمینان مورد نظر، می‌توان به وجود یا نبود رابطه تعادلی درازمدت بین متغیرهای الگو پی برد. در مرحله‌ی دوم، تخمین و تحلیل ضرایب دراز مدت و استنتاج در مورد ارزش آنها صورت می‌گیرد. تعداد وقفه‌های بهینه برای هر یک از متغیرهای توضیح‌دهنده را می‌توان به کمک یکی از معیارهای آکایک^۱ (AIC)، شوارتز-بیزین^۲ (SBC) و حنان-کوئین^۳ (HQC) تعیین کرد (نوفرستی، ۱۳۷۹).

-
- 1 . Akaike information criterion
 - 2 . Schwarts Bayesian criterion
 - 3 . Hannan-Quinn criterion

بعد از تخمین تابع تولید با استفاده از روش‌های اقتصادسنجی (ARDL)، به تخمین تابع تولید با بهره‌گیری از روش الگوریتم ژنتیک می‌پردازیم.

الگوریتم ژنتیک

کاشفان الگوریتم ژنتیک سعی کردند با به‌دست آوردن مدلی شبیه به وراثت طبیعی، به الگوریتمی دست یابند که توسط آن بتوانند به جواب‌های بهینه‌ی مورد نظر در مسائل خود برسند. در وراثت طبیعی ابتدا به یک جمعیت اولیه^۱ نیاز است. جمعیت در حقیقت مجموعه‌ای از کروموزوم‌ها با خصوصیت متفاوت هستند. در این جا نیز، تعدادی کروموزوم را به‌عنوان جمعیت اولیه در نظر می‌گیریم که در اصل هر کدام نقطه‌ای در فضای جواب‌های مسئله است. پس یک جمعیت اولیه معادل یک دسته جواب‌های اولیه در فضای جستجوی جواب‌های مسئله می‌باشد. هر جواب اولیه یک کروموزوم هست که تعدادی ژن دارد و معرف خصوصیات کروموزوم است. هر یک از ژن‌ها نیز یکی از متغیرهای مسئله می‌باشد. چنان چه طول مورد نیاز هر متغیر برحسب بیت مشخص شود؛ طول هر کروموزوم از رابطه‌ی زیر به‌دست می‌آید.

$$L = \sum_{i=1}^m L_i \quad (5)$$

که در آن، m بیانگر تعداد متغیرها و L_i بیانگر تعداد بیت مورد نیاز متغیر i ام است. شکل ۱، یک کروموزوم را به تفکیک متغیرهای آن به تصویر کشیده است (نظام‌آبادی‌پور، ۱۳۸۹).

حال باید مقدار این متغیرها به‌گونه‌ای به‌دست آید که جواب مسئله بهینه باشد، یعنی خصوصیات این افراد به‌گونه‌ای شود که توانایی آن برای این شرایط مسئله خوب و شایسته است. اما این شایستگی چگونه ارزیابی می‌شود؟ برای این منظور به یک تابع برازندگی^۲ (شایستگی) نیاز است که میزان شایستگی هر فرد را محاسبه کند. این تابع باید در راستای تابع هدفی باشد که می‌خواهد بهینه شود. حال یک جمعیت با شایستگی‌های متفاوت وجود دارد که باید از میان آنها والدین^۳ به‌گونه‌ای انتخاب^۴ شوند تا افرادی شایسته برای تولید نسلی شایسته انتخاب گردند. یعنی از بین جواب‌های اولیه، جواب‌هایی که به جواب بهینه‌ی موردنظر نزدیک‌ترند؛ شانس بقای بیشتری داشته باشند. پس یک عملگر انتخاب نیز نیاز است.

- 1 .Initial Generation
- 2 . Fitness Function.
3. Parent.
- 4 .Selection.

عملگر انتخاب

عملگر انتخاب در الگوریتم وراثتی، برداشتی از انتخاب طبیعی در وراثت طبیعی است. هدف از اعمال این عملگر، انتخاب بعضی از افراد جمعیت برای زاد و ولد و ایجاد نسل بعد است. روش‌های زیادی برای عملگر انتخاب وجود دارد. مشهورترین عملگر انتخاب، انتخاب متناسب با شایستگی است که برای پیاده‌سازی آن از چرخ گردان استفاده می‌شود. از این روش، این روش به انتخاب چرخ گردان شهرت پیدا کرده است. در انتخاب متناسب با برازندگی به کروموزوم‌های شایسته‌تر (جواب‌های بهتر)، شانس بیشتر و به کروموزوم‌های ضعیف‌تر (جواب‌های بدتر) شانس کمتری برای بقا و تولید مثل داده می‌شود. البته در الگوریتم وراثتی عملگرها بر پایه احتمالات عمل می‌کنند و قطعیتی در کار نیست. این موضوع به این معنی است که به هر یک از کروموزوم‌ها متناسب با شایستگی‌شان، شانس برای انتخاب تعلق می‌گیرد ولی انتخاب بر مبنای احتمال صورت می‌پذیرد. در انتخاب چرخ گردان ابتدا به هر کروموزوم یک احتمال انتخاب متناسب با شایستگی آن تخصیص داده می‌شود. چنان‌چه شایستگی کروموزوم i نام با fit_i و احتمال انتخاب آن با P_i نشان داده شود، احتمال انتخاب این کروموزوم با رابطه‌ی (۶) محاسبه می‌شود.

$$P_i = \frac{fit_i}{\sum_{j=1}^N fit_j} \quad (6)$$

که در آن N بیانگر تعداد جمعیت یا تعداد کروموزوم‌هاست. در روش چرخ گردان به هر کروموزوم قطعی از یک دایره (چرخ گردان) اختصاص داده می‌شود که اندازه‌ی آن متناسب با احتمال انتخاب تخصیص داده شده به آن است. به‌طور دقیق، اندازه‌ی قطاع تخصیص داده شده به کروموزوم i نام بر حسب رادیان برابر $2\pi P_i$ خواهد بود. در یک مکان مشخص یک نشانه قرار داده می‌شود که همواره ثابت است. چرخ به حرکت در می‌آید؛ بعد از آن که چرخ از حرکت ایستاد، کروموزومی که قطاع متناظر با آن روی‌روی نشانگر قرار بگیرد از بین جمعیت به‌عنوان والد برای تولید نسل بعد انتخاب شده و به حوضچه‌ی تزویج منتقل می‌شود. نحوه‌ی انتخاب در شکل ۲ به تصویر کشیده شده است. این عمل به تعداد اعضای جمعیت (N مرتبه) به اجرا در می‌آید و در هر تکرار، یک کروموزوم انتخاب می‌شود. ممکن است بعضی از کروموزوم‌ها به دفعات انتخاب شده و بعضی دیگر انتخاب نشوند. به‌هر حال، کروموزومی که برازندگی (احتمال انتخاب) بیشتری دارد، از شانس بیشتری برای انتخاب و زاد و ولد برخوردار است. از این‌رو است که این روش، "انتخاب متناسب با برازندگی" نام‌گذاری شده است (نظام‌آبادی‌پور، ۱۳۸۹). سپس از بین

والدین انتخاب شده، زوج والدین با هم همبندی^۱ کرده و فرزندان^۲ تولید می‌کنند. یعنی دو جوابی که برای ازدواج شایسته شناخته و انتخاب شده‌اند، با هم ترکیب شده و جواب‌های جدیدی برای جستجو در فضای جواب‌های مسئله تولید می‌کنند. پس عملگر بعدی، عملگر همبندی است.

عملگر همبندی

این عملگر، مهم‌ترین عملگر در الگوریتم وراثتی است. عمل همبندی با احتمال همبندی P_c صورت می‌گیرد که معمولاً عددی بین $0/6$ و $0/9$ است. یعنی برای همبندی یک عدد تصادفی بین صفر و یک تولید می‌شود. اگر این عدد کوچک‌تر از P_c باشد، عمل همبندی بین دو کروموزوم صورت می‌گیرد، در غیر این صورت دو کروموزوم بدون تغییر به مرحله‌ی بعدی منتقل می‌شوند. عملگر همبندی در دو گام انجام می‌شود:

گام اول: از بین افراد موجود در حوضچه تزویج، دو نفر برای همبندی انتخاب می‌شوند.
گام دوم: دو کروموزوم منتخب به‌عنوان والدین، طی یکی از روش‌های همبندی فرزند یا زوج فرزندان تولید می‌کنند.

ساده‌ترین و مشهورترین نوع همبندی در الگوریتم وراثتی باینری، همبندی تک نقطه‌ای است. در همبندی تک نقطه‌ای، عددی بین 1 و L که L طول کروموزوم بر حسب بیت است، به‌صورت اتفاقی انتخاب می‌شود و از نقطه‌ی به‌دست آمده، اطلاعات بین دو کروموزوم جا به جا می‌شوند. شکل ۳ همبندی تک نقطه‌ای را به تصویر کشیده است. قابل ذکر است که والدین پس از تولید فرزند، دیگر به حوضچه‌ی ازدواج بر نمی‌گردند. بنابراین، تولید نسل جدید با $N/2$ مرتبه انتخاب والدین از حوضچه‌ی ازدواج به پایان می‌رسد. در واقع با اعمال عملگر همبندی، کروموزوم‌ها اطلاعات را بین یکدیگر مبادله می‌کنند. این تبادل اطلاعات منجر به ایجاد کروموزوم‌های با خصوصیات جدید می‌شود (نظام‌آبادی پور، ۱۳۸۹). در نهایت روی فرزندان جهش ایجاد می‌شود و نسل بعد ساخته می‌شود. توسط این عمل نیز مقادیر بعضی از ژن‌ها تغییر یافته و نقاط جدید برای جستجو در فضای جواب‌های مسئله تولید می‌شود. پس آخرین عملگر، عملگر جهش خواهد شد.

عملگر جهش

این عملگر به‌طور عام بعد از عملگر همبندی اعمال می‌شود. احتمال رخداد جهش در الگوریتم وراثتی با P_m نمایش داده می‌شود که معمولاً بین $0/001$ تا $0/01$ انتخاب می‌شود. عملگر جهش به هر یک از افراد جمعیت به تنهایی اعمال می‌شود. جهش به این صورت انجام خواهد شد که ابتدا ماتریسی با اندازه $N \times L$ ساخته می‌شود. عناصر این ماتریس با احتمال P_m ، یک و با احتمال $1 - P_m$ ،

1. Cross Over.
2. Offsprings.

صفر خواهند شد. سپس به ازای تمام عناصری از ماتریس که مقدار یک دارند، مقدار بیت متناظر آن در جمعیت وارونه خواهد شد. یعنی اینکه، اگر مقدار بیت مذکور در جمعیت یک است به صفر و اگر صفر است به یک تبدیل خواهد شد. شکل ۴ چگونگی جهش یافتن یک بیت از یک کروموزوم را به تصویر کشیده است.

عملگر جهش برای تنوع بخشیدن به جمعیت و ایجاد نقاط جدید جستجو اعمال می‌شود. میزان احتمال این عملگر از اهمیت بالایی برخوردار است (نظام‌آبادی پور، ۱۳۸۹).

بدین ترتیب بعد از یک مرحله اجرای الگوریتم، یک نسل جدید از جمعیت یا همان دسته جواب‌های جدید در فضای جواب‌های مسئله تولید می‌شود. حال اگر این روند تکرار شود؛ چون به جواب‌های بهتر شانس بیش‌تری برای حفظ و تکثیر خصوصیات خوب آنها داده می‌شود؛ می‌توان امیدوار بود که پس از طی چند نسل به نسلی بهینه‌تر دست یافت. یعنی رسیدن به دسته جواب‌هایی نزدیک‌تر به جواب بهینه‌ی موردنظر که می‌تواند شامل خود نقطه‌ی بهینه نیز باشد. ساختار الگوریتم اعمالی برای بهینه‌سازی مدل فوق در شکل ۵ نشان داده شده است (صادقی، ۱۳۸۸).

در شروع الگوریتم وراثتی، باید ابتدا مقادیر پارامترهای الگوریتم مقداردهی شود. مقداردهی پارامترها شامل تعیین تعداد اعضای جمعیت، نرخ همبری و جهش، تعداد متغیرها، طول هر متغیر، طول کروموزوم، تعیین محدوده‌ی هر متغیر و دامنه جستجو، نحوه‌ی خاتمه الگوریتم و مواردی جزئی دیگر می‌شود. بعضی از پارامترها با توجه به طبیعت مساله تنظیم می‌شوند.

در این مقاله، هدف از بهینه‌سازی به‌دست آوردن وزن‌هاست؛ یعنی به‌دنبال به‌دست آوردن ضرایب بهینه برای تابع تولید هستیم و در این راستای، تابع هدف در نظر گرفته شده در این پژوهش در رابطه‌ی (۷) اختلاف بین مقادیر واقعی و تخمین زده شده توسط مدل و تابع شایستگی با توجه به اینکه باید به‌صورت حداکثرسازی در نظر گرفته شود، همان معکوس معیار MSE تعریف می‌شود که در رابطه‌ی (۸) بیان شده است.

$$Z = Y - F(X_i) \quad (7)$$

$$\text{Fitness} = 1 / (1/n * (\sum(z^2))) \quad (8)$$

در تابع بالا $F(X_i)$ ، تابع تولید مورد نظر است و Y مقادیر واقعی تولید و n تعداد مشاهدات مورد نظر است.

رمزگشایی کروموزوم‌ها

در هر کروموزوم، اطلاعات مربوط به یک نقطه از فضای ورودی به‌صورت رمز وجود دارد. برای مشخص شدن نقطه‌ای که کروموزوم به آن اشاره می‌کند، باید کروموزوم رمزگشایی شود. مراحل رمزگشایی به این ترتیب است که ابتدا هر کروموزوم باید به ژن‌های سازنده‌ی آن (متغیرها) شکسته شود. این عمل با توجه به طول رشته‌ی بیتی در نظر گرفته شده برای هر متغیر اجرا می‌شود. بعد از تجزیه‌ی کروموزوم‌ها به متغیرها، نوبت به رمزگشایی آنها می‌رسد. نحوه‌ی رمزگشایی متغیرها، بسته به این که متغیر گسسته است یا پیوسته، متفاوت است. مقادیر متغیرهای گسسته از حالت دودویی به حالت دهدهی تبدیل می‌شوند. مقادیر تبدیل شده، بیانگر یک مقدار عددی یا یک حالت خاص و از پیش تعریف شده برای آن متغیر هستند. برای رمزگشایی متغیرهای پیوسته، ابتدا باید رشته بیتی موردنظر از حالت دودویی به حالت دهدهی تبدیل شده، سپس به عددی بین صفر و یک نرمالیزه شود؛ این عمل برای متغیر نام (X_i) یک کروموزوم که دارای L_i بیت است؛ طبق روابط زیر محاسبه می‌شود.

$$(x_i)_{10} = bit(0) \times 2^0 + bit(1) \times 2^1 + bit(2) \times 2^2 + \dots + bit(L_i - 1) \times 2^{(L_i-1)} = \sum_{k=0}^{L_i-1} bit(k) \times 2^k \quad (9)$$

$$x_i^n = \frac{(x_i)_{10}}{2^{L_i} - 1} \quad (10)$$

که در آن $bit(k)$ بیانگر مقدار بیت با موقعیت k ام در رشته دودویی است. با استفاده از رابطه‌ی (۹)، رشته دودویی به قالب دهدهی تبدیل شده و با استفاده از رابطه‌ی (۱۰) به عددی نرمال شده بین صفر و یک تبدیل می‌شود. در پایان، مقدار نرمال شده باید به عددی در بازه‌ی تعریف شده برای متغیر مورد نظر تبدیل شود. چنانچه برای متغیر فرضی x_i ، بازه‌ی $[x_i^{lo}, x_i^{hi}]$ مد نظر باشد؛ رابطه‌ی (۱۱) مقدار نرمالیزه شده متغیر مذکور را به عددی در این بازه تبدیل می‌کند (x_i^{real}). لازم به ذکر است که x_i^{lo} و x_i^{hi} به ترتیب بیانگر حد پایین و حد بالای قابل قبول برای متغیر x_i هستند (نظام آبادی پور، ۱۳۸۹).

$$x_i^{real} = x_i^{lo} + x_i^n \times (x_i^{hi} - x_i^{lo}) \quad (11)$$

ارزیابی مدل‌ها

به‌منظور ارزیابی عملکرد مدل‌ها، می‌توان از معیارهای مربوطه استفاده کرد. در این تحقیق از معیارهای خطای ریشه متوسط مربعات (RMSE) و ضریب تعیین (R^2) جهت این امر استفاده شده است. این آماره‌ها با روابط زیر محاسبه می‌شود:

$$RMSE = \sqrt{\sum_{k=1}^N (X_K - Y_K)^2 / N} \quad (12)$$

$$R^2 = \left[\frac{\sum_{K=1}^N (X_K - \bar{X})(Y_K - \bar{Y})}{\sqrt{\sum_{K=1}^N (X_K - \bar{X})^2 \sum_{K=1}^N (Y_K - \bar{Y})^2}} \right]^2 \quad (13)$$

مدلی که دارای کمترین مقدار RMSE باشد، مدل برتری نسبت به دیگر مدل‌هاست. همچنین مدلی که دارای بیشترین مقدار برای آماره‌ی R^2 باشد برتر از دیگر مدل‌هاست. به منظور مقایسه‌ی قدرت پیش‌بینی و انتخاب بهترین روش، علاوه بر معیارهای ذکر شده از روش ارائه شده توسط گرنجر و نیوبولد جهت آزمون معنی‌داری اختلاف خطای الگوهای رقیب نیز استفاده شده است. به این منظور ابتدا رابطه‌ی زیر محاسبه می‌شود:

$$r = \frac{\sum_{t=1}^T (e_t^1 + e_t^2)(e_t^1 - e_t^2)}{\sqrt{\sum_{t=1}^T (e_t^1 + e_t^2)^2 \sum_{t=1}^T (e_t^1 - e_t^2)^2}} \quad (14)$$

که در آن e_t^1 و e_t^2 به ترتیب خطای مقادیر پیش‌بینی شده از دو روش رقیب و T تعداد نمونه‌های پیش‌بینی شده است. سپس آزمون برابری دقت پیش‌بینی دو روش را می‌توان با استفاده از آماره‌ی GN مورد بررسی قرار داد. این آماره دارای توزیع t با درجه آزادی $T-1$ بوده و طبق رابطه‌ی (۱۵) محاسبه می‌گردد (تکاز، ۲۰۰۱).

$$GN = r \sqrt{\frac{T-1}{1-r^2}} \quad (15)$$

داده‌های مورد نیاز در این مطالعه به صورت سری زمانی و در طی سال‌های ۱۳۵۶-۱۳۸۶ (به قیمت سال پایه ۱۳۷۶)، از سالنامه‌های کشور ایران، بانک مرکزی جمهوری اسلامی ایران و ترازنامه انرژی وزارت نیرو دریافت شده است.

نتایج و بحث

در این مقاله با به‌کارگیری نرم‌افزارهای Matlab و Microfit از داده‌های سالانه طی دوره ۱۳۵۶-۱۳۸۱ برای تخمین تابع تولید و از داده‌های ۱۳۸۲-۱۳۸۶ برای ارزیابی مدل‌های مورد نظر استفاده شده است.

تخمین تابع تولید بخش کشاورزی با استفاده از روش ARDL

به کارگیری روش‌های سنتی در اقتصادسنجی، مبتنی بر فرض پایایی متغیرها می‌باشد. بنابراین ضروری است تا نسبت به پایایی متغیرها اطمینان حاصل گردد. برای این منظور از آزمون ریشه واحد دیکی فولر تعمیم یافته استفاده شده است. نتایج نشان می‌دهد که متغیر $\ln E$ ایستا و متغیرهای $\ln VA$ و $\ln L$ و $\ln K$ با یک بار تفاضل‌گیری ایستا می‌شوند. بدین ترتیب امکان استفاده از روش ARDL فراهم خواهد بود. با استفاده از این تحلیل می‌توان روابط کوتاه‌مدت و دراز مدت بین متغیرهای مدل را همزمان بررسی کرد. نتایج حاصل از برآورد مدل پویای ARDL از طریق ضابطه شوارتز-بیزین در جدول ۱ آورده شده است. فرضیه‌ی صفر عدم وجود رابطه‌ی بلندمدت با استفاده از آزمون F مورد بررسی قرار گرفت. با توجه به اینکه F محاسباتی بیش از F پیشنهادی پسران و پسران می‌باشد، لذا یک رابطه‌ی بلندمدت بین متغیرهای مدل برقرار است. نتایج حاصل از برآورد رابطه‌ی بلند مدت در جدول ۲ آمده است. کشش‌های جزئی تولید برای نهاده‌های نیروی کار، سرمایه و انرژی همان ضرایب متغیرها در تابع تولید به دست آمده است. با توجه به این که کشش‌های نهاده‌ها در طول تولید و در سال‌های مختلف در تابع کاب-داگلاس ثابت است؛ می‌توان این‌گونه تفسیر کرد که به‌طور مثال با ۱٪ افزایش در انرژی مصرفی بخش کشاورزی، ارزش افزوده به میزان ۰/۷٪ افزایش می‌یابد. وجود همگرایی بین مجموعه‌ای از متغیرهای اقتصادی مبنای استفاده از مدل‌های تصحیح خطا را فراهم می‌کند. الگوی تصحیح خطا در واقع نوسان‌های کوتاه‌مدت متغیرها را به مقادیر بلندمدت آنها ارتباط می‌دهد. به‌منظور بررسی روابط کوتاه‌مدت بین ارزش افزوده و سایر متغیرهای مورد مطالعه از مدل تصحیح خطا استفاده گردید که نتایج آن در جدول ۳ آورده شده است. نتایج نشان داد که ضریب جمله تصحیح خطا معنی‌دار و علامت آن مورد انتظار (منفی) است. مقدار این ضریب نشان می‌دهد که حدود ۴۹ درصد انحرافات متغیر ارزش افزوده از مقدار تعادلی درازمدت پس از گذشت دو دوره تعدیل می‌شود. به عبارت دیگر برای تعدیل کامل نتایج حاصل از یک سیاست، ۲ سال زمان لازم خواهد بود. لذا می‌توان به تأثیرگذاری سیاست‌ها در کوتاه مدت امیدوار بود.

برای بررسی پایداری ضرایب برآورد شده مدل به دست آمده، آزمون $CUSUM^1$ و $CUSUMSQ^2$ به کار برده شده است. نتایج این آزمون نشان می‌دهد که ضرایب مدل در فاصله اطمینان ۹۵٪ پایدار است. شکل ۶، نمودار پسماند تجمعی و شکل ۷ مجذور پسماند تجمعی به دست آمده از این آزمون را نشان می‌دهد.

1 . Cumulative Sum.

2 . Cumulative Sum of Square.

نتایج تخمین تابع تولید با الگوریتم ژنتیک

گام نخست در حل مسائل بهینه‌یابی توسط GA تعیین پارامترهای اولیه برای این الگوریتم است. در مدل موردنظر ۴ وزن وجود دارد. بنابراین GA در مدل لگاریتمی ۴ ژن دارد. جمعیت اولیه یا تعداد کروموزوم‌ها ابتدا به صورت اعداد صفر و یک تولید و سپس به اعداد صحیح تبدیل می‌شوند. همه اعضای جمعیت در تابع برازش امتحان می‌شود و کمترین مقادیر که بهترین‌ها نیز هستند تعیین می‌شوند. در ادامه نسل جدید تشکیل می‌شود. با توجه به اصل داروین، کروموزوم‌هایی که جزء بهترین‌ها هستند شانس بیشتری برای تولید فرزندان بیشتر دارند. در این تحقیق برای تولید نسل جدید از روش ترکیب و جهش استفاده شده است. این فرآیند تکرار می‌شود تا الگوریتم به بهترین جواب برسد.

همان طوری که در مبانی نظری الگوریتم ژنتیک گفته شد، با رفتن از یک نسل به نسل دیگر مقدار تابع هدف بهبود می‌یابد. با توجه به اینکه در مدل پیشنهادی هدف، حداقل کردن تابع هدف است، انتظار می‌رفت که با افزایش نسل، نمودار روند نزولی را طی کند، اما با توجه به این که تابع شایستگی در داخل الگوریتم، حداکثرسازی معکوس تابع هدف در نظر گرفته شده است، در نتیجه نمودار سیر صعودی را طی کرده که نشان‌دهنده‌ی عملکرد درست عملگرهای الگوریتم می‌باشد. شکل ۸ روند هم‌گرایی به جواب بهینه را به خوبی نشان می‌دهد، زیرا در آخرین نسل به یکدیگر نزدیک شده‌اند، نمودار بالایی بهترین جواب تا آن نسل و نمودار پایینی متوسط بهترین جواب تا آن نسل را نشان می‌دهد. در الگوریتم ژنتیک با استفاده از تابع شایستگی معرفی شده و با استفاده از پارامترهای در نظر گرفته که در جدول ۴ نشان داده شده است؛ به انتخاب بهترین ضریب برای تابع تولید دست یافته‌ایم. برای تخمین مدل، ابتدا با استفاده از اطلاعات مربوط به ۲۵ سال الگوریتم را آموزش می‌دهیم. پیدا کردن وزن‌ها (W) بعد از ۳۰ بار اجرای مستقل بوده است. تابع به‌دست آمده از روش الگوریتم ژنتیک به صورت زیر است:

$$Ln VA = 2/56109 + 0/64711 Ln L + 0/77028 Ln K + 0/43695 Ln E \quad (16)$$

همان‌طور که از نتایج پیداست، ضرایب به‌دست آمده از روش GA بسیار متفاوت از ضرایب روش ARDL می‌باشد. از عمده دلایلی که می‌توان در این زمینه بیان کرد، این است که در روش ARDL تخمین به صورت خطی است و ممکن است در انتخاب جواب بهینه خوب عمل نکند. در صورتی که روش ژنتیک در زمینه‌ی توابع غیرخطی خوب عمل می‌کند و می‌تواند در مواقعی که با چندین جواب بهینه روبرو باشد، به انتخاب بهترین نقطه پردازد.

به منظور سنجش و انتخاب بهترین مدل تخمین زده شده از معیارهای جذر میانگین مربعات خطا RMSE و ضریب تعیین R^2 برای بررسی این روش‌ها پرداخته‌ایم. برای این منظور از داده‌های ۶

سال آخر کمک گرفته‌ایم. جدول ۵ مقادیر مربوط به دو آماره را برای دو روش ARDL و الگوریتم ژنتیک مطرح شده نشان می‌دهد. برای انتخاب بهترین روش از دو آماره ضریب تعیین و جذر میانگین مربعات خطا استفاده شده است، مقایسه مقادیر جدول ۵ نشان می‌دهد که مدل الگوریتم ژنتیک دارای کمترین مقدار برای آماره RMSE می‌باشد. همچنین مقدار R^2 در این روش نسبت به دیگر روش‌ها بیشتر است. بنابراین بهترین روش برای تخمین تابع تولید روش الگوریتم ژنتیک می‌باشد. هیچ یک از معیارهای فوق قادر نیستند برتری یک روش را به صورت آماری بررسی نمایند. از این رو با استفاده از آزمون ارائه شده توسط گرنجر نیوبولد به آزمون معنی‌داری اختلاف خطای الگوهای رقیب پرداخته می‌شود. آماره‌ی محاسبه شده برای آزمون معنی‌داری اختلاف خطای دو روش پیش‌بینی الگوهای ARDL و الگوریتم ژنتیک برابر با ۲۴.۵۱^۰ به دست آمده است که با توجه به مقدار t جدول، فرضیه‌ی صفر مبتنی بر برابری خطای دو روش رد می‌شود. این بدان معنی است که پیش‌بینی الگوریتم ژنتیک در پیش‌بینی به‌طور معنی‌داری دقیق‌تر از مدل ARDL عمل می‌کند و GA از نظر آماری معنی‌دار است.

نتیجه‌گیری و پیشنهادها

در این مطالعه به منظور تخمین تابع تولید بخش کشاورزی، به مقایسه‌ی عملکرد روش‌های ARDL و الگوریتم ژنتیک با استفاده از داده‌های دوره‌ی ۸۶-۱۳۵۶ پرداخته شده است. از داده‌های ۸۱-۱۳۵۶ برای مدل‌سازی و از داده‌های ۵ سال آخر برای بررسی و ارزیابی مدل‌ها استفاده شد. نتایج مقایسه‌ی این دو روش براساس دو معیار ارزیابی خطای ریشه متوسط مربعات (RMSE) و ضریب تعیین (R^2) و همچنین بررسی دقت پیش‌بینی آنها توسط آزمون آماری GN حاکی از آن است که روش الگوریتم ژنتیک از توانایی بالایی برای تخمین تابع تولید برخوردار است. در نتیجه می‌توان از روش الگوریتم ژنتیک به‌عنوان ابزاری دقیق‌تر برای بهینه کردن توابع تولید و به‌دست آوردن مقادیر دقیق ضرایب در کنار دیگر روش‌ها بهره جست. سرعت بالای پیاده‌سازی الگوریتم ژنتیک، همچنین نیاز به داده‌های کمتر و دقت بالاتر نسبت به روش‌های اقتصادسنجی از دیگر مزایای الگوریتم ژنتیک می‌باشد که این رهیافت را از الگوهای اقتصادسنجی متمایز می‌نماید. با توجه به توانایی روش الگوریتم ژنتیک در بهینه‌یابی کردن توابع اقتصادی، استفاده از این روش به‌وسیله‌ی دستگاه‌های مسئول برنامه‌ریزی و سیاست‌گذاری کلان کشور توصیه می‌شود.

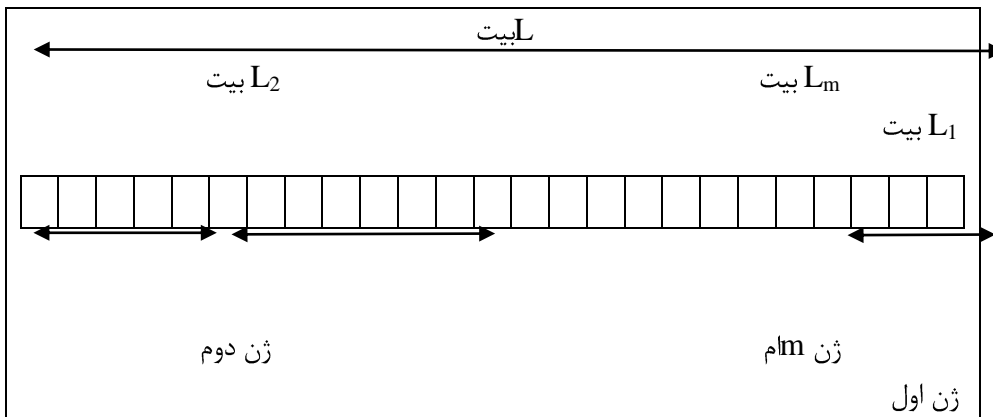
References:

1. Amir Teymouri, S. and S. Khalilian. 2008. Productivity growth in total factor productivity in the agricultural sector of Iran and its prospects in the fourth development plan. *Journal of Agricultural Economic and Development*, 59: 37-52.
2. Amjadi, M.H. Nezamabadi-pour, H. and M. M. Farsangi. 2010. Estimation of Electricity Demand of Iran Using Two Heuristic Algorithms. *Energy Conversion and Management*. 51: 493-497.
3. Canyurt O.E. and H.K. Ozturk. 2006. Three different applications of genetic algorithm search techniques on oil demand estimation. *Energy Conversion & Management*. 47: 3138-48.
4. Goldberg, D. E. 1989. *Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning*. Addison-Wesley.
5. Haldenbilen, S. and H. Ceylan. 2005. Genetic algorithm approach to estimate transport energy demand in Turkey, *Fuel and Energy*. 46: 193-204.
6. Hamamoto, M. 2006. Environmental regulation and the productivity of Japanese manufacturing industries. *Journal of Resource and Energy Economics*. 604: 14-25.
7. Hojabr Kiani, K. and SH. Varedi. 2001. Important factor of energy in agricultural production of Iran. . *Journal of Agricultural Economic and Development*, 30: 7-41.
8. Holland, J. H. 1992. *Adaptation in natural and artificial systems*. Cambridge, MA: MIT Press. (First edition, 1975, University of Michigan Press.)
9. Mehrara, M. and E. Ahmadzadeh. 2010. The impacts of total factor productivity on the Iran economy main sectors. *Journal of Economic Research*, 44(2).
10. Nezamabadi-pour, H. 2011. *Genetic algorithm: Basic concepts and advanced topics*. Shahid Bahonar University of Kerman Publications.
11. Noferesti, M. 2000. *Unit root and cointegration in econometrics*. Rasa Publications, Tehran.
12. Sadeghi, H., Zolfaghari, M. and M. Heidari. 2010. Estimates of gasoline demand in the transportation sector by using genetic algorithm. *Energy Economics Studies*, 6 (21) :1-27.

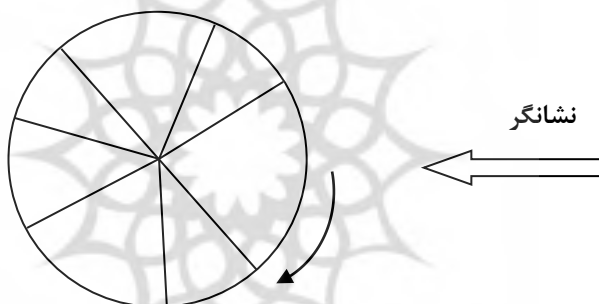
13. Tahami Pour, M. and M. Shahmoradi. 2008. Measuring total factor productivity growth in agricultural sector and serving its proportion of added value growth. Sixth conference of Agricultural Economics.
14. Tkacz, G. 2001. Neural network forecasting of canadian GDP growth , International Journal Of Forecasting, 17: 57-69.



پیوست ها:

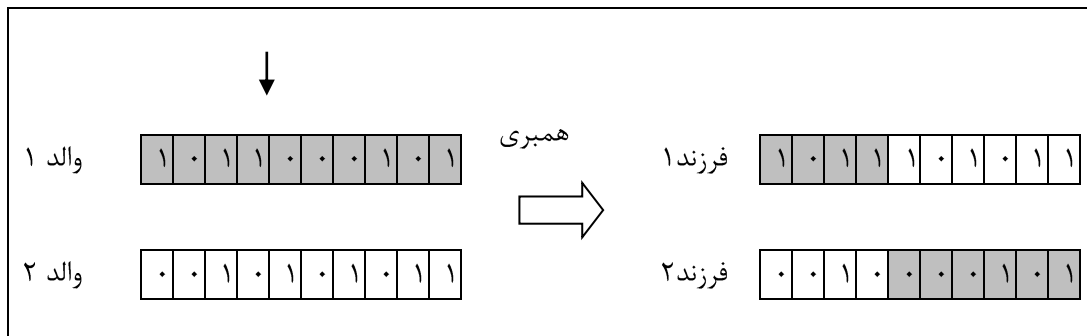


شکل (۱): ساختار یک کروموزوم

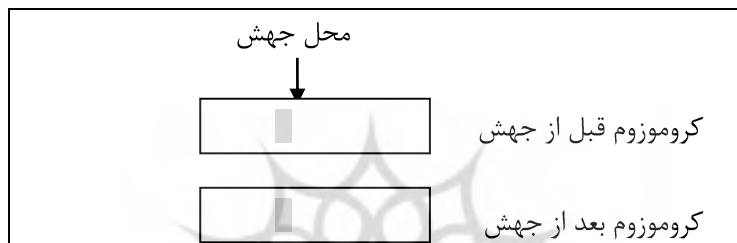


شکل (۲): روش انتخاب چرخ گردان

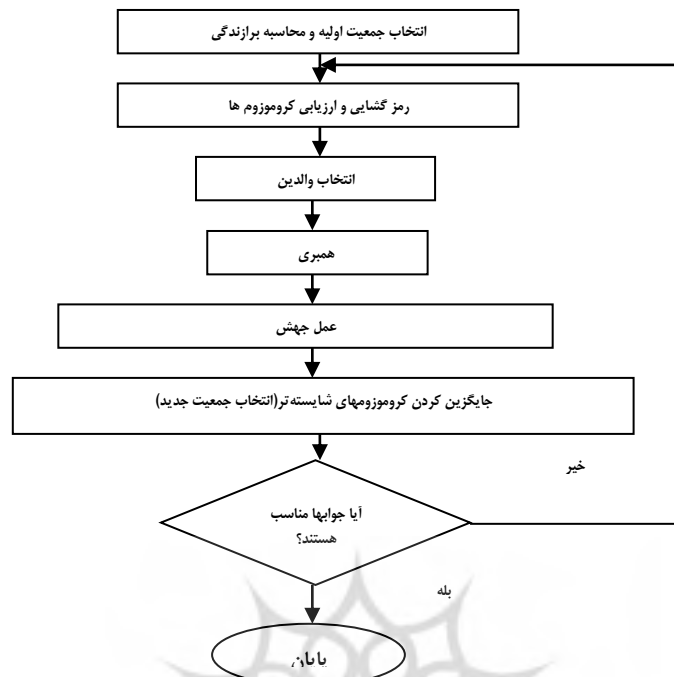
پژوهشگاه علوم انسانی و مطالعات فرهنگی
 پرتال جامع علوم انسانی



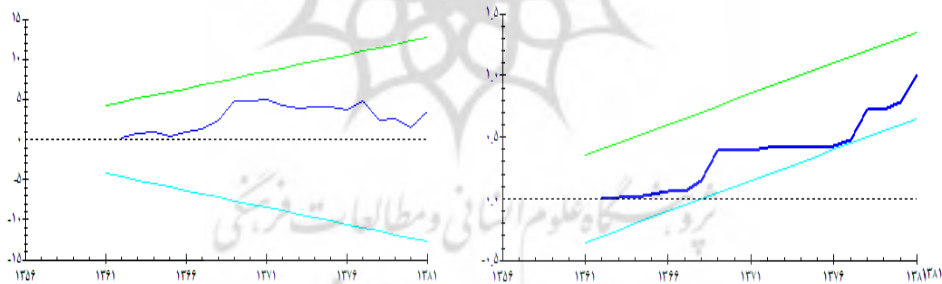
شکل (۳): همبری تک نقطه‌ای



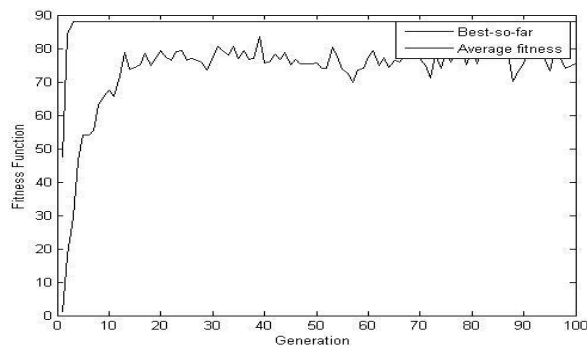
شکل (۴): یک کروموزوم قبل و بعد از اعمال عملگر جهش



شکل (۵): مراحل اجرای الگوریتم ژنتیک



شکل (۶): CUSUM با ضریب ۰.۵٪. شکل (۷): CUSUMSQ با ضریب ۰.۵٪.



شکل (۸): روند هم‌گرایی الگوریتم در یافتن جواب بهینه

جدول ۱- نتایج حاصل از برآورد مدل پویا $ARDL(1,0,0,0)$

متغیر	ضریب	انحراف معیار	آماره t
C	۱/۲۸	۱/۹۵	۰/۶۵
Ln VA(-1)	۰/۵۰	۰/۱۲	۳/۸۹***
Ln L	۰/۵۵	۰/۴۰	۱/۳۶*
Ln K	۰/۱۵	۰/۰۹	۱/۵۱*
Ln E	۰/۳۷	۰/۱۰	۳/۵۷***
$R^2=۰/۹۸$		$F=۴۹۴/۰۴[۰/۰۰]$	

*** به ترتیب نمایانگر معنی‌دار بودن در سطح ۰،۱۵، ۱ درصد می‌باشد.
مأخذ: یافته‌های تحقیق

جدول ۲- نتایج حاصل از برآورد رابطه بلندمدت $ARDL(1,0,0,0)$

متغیر	ضریب	انحراف معیار	آماره t
C	۲/۵۹	۴/۰۵	۰/۶۳
Ln L	۱/۱۲	۰/۶۹	۱/۶۰*
Ln K	۰/۳۰	۰/۱۹	۱/۵۴*
Ln E	۰/۷۶	۰/۰۷	۱۰/۴۷***

*** به ترتیب نمایانگر معنی‌دار بودن در سطح ۰،۱۵، ۱ درصد می‌باشد.
مأخذ: یافته‌های تحقیق

جدول ۳- نتایج برآورد مدل تصحیح خطا

متغیر	ضریب	انحراف معیار	آماره t
Dc	۱/۲۸	۱/۹۵	۰/۶۵
dLn L	۰/۵۵	۰/۴۰	۱/۳۶*
dLn K	۰/۱۵	۰/۰۹	۱/۵۱*
dLn E	۰/۳۷	۰/۱۰	۳/۵۷***
ECT(-1)	-۰/۴۹	۰/۱۲	-۳/۸۴***
Serial correlation (χ^2)=۰.۸۹ [۰.۳۴]		$R^2=۰.۴۴$	
Heteroscedasticity (χ^2)=۰.۶۴ [۰.۴۲]		RESET test=۰.۰۴۱ [۰.۸۳]	

*** به ترتیب نمایانگر معنی دار بودن در سطح ۱، ۵، ۱۰ درصد می باشد.

ماخذ: یافته‌های تحقیق

جدول ۴- پارامترهای استفاده شده در الگوریتم ژنتیک

۱۰۰	جمعیت اولیه
۰/۹	احتمال عملگر همبندی (تقاطع) (pc)
۰/۰۰۵	احتمال عملگر جهشی (pm)

ماخذ: یافته‌های تحقیق

جدول ۵- مقایسه روش‌های ARDL و الگوریتم ژنتیک

معیارها	GA	ARDL
RMSE	۰/۱۲۴۵	۲/۴۸۹۰
R^2	۰/۹۱۱۳	۰/۸۲۱۵

منبع: یافته‌های تحقیق

