

1. هدف - حل مسئله با دو تابع هدف و سه محدودیت به کمک الگوریتم ژنتیک به شرح زیر:

$$\text{Min} \sum_t \sum_s (0,34 * I_1(x_{t,s}) + 0,33 * I_2(x_{t,s}) + 0,33 * I_3(x_{t,s})) + \sum_t \sum_s P_f(x_{t,s}) \cdot \text{score}(s)$$

$$\text{Min} \sum_t \sum_s C(x_{t,s}^m) / (1.02 \wedge t)$$

St.

$$\sum_s I(x_{t,s}) < \text{Threshold1} = 45; \quad t \text{ برای هر بازه}$$

$$\sum_s C(x_{t,s}^m) < \text{Threshold2} = 375000; \quad t \text{ برای هر بازه}$$

$$\sum_t \sum_s C(x_{t,s}^m) < \text{Threshold3} = 3750000; \quad t \text{ برای مجموع کل بازه های}$$

2. مقادیر اولیه $I(x_{t,s})$ در زمان $t=0$ از فایل اکسل خوانده می شود. این مقادیر بین 1 تا 4 هستند. برای دوره های بعدی مطابق زیر محاسبه می شود:

$$I(x_{t+1,s}) = \begin{cases} I(x_{t,s}) - z_i & \text{if } x_{t,s} = m_i \\ I(x_{t,s}) + f(d) & \text{otherwise, no } m \end{cases}$$

m شامل نه حالت است، که براساس مقدار a ، با رعایت شرایط زیر الگوریتم ژنتیک یکی از m ها را به شی x_s در زمان t تخصیص می دهد:

	m	z	Possible alternatives for GA to be selected	توضیحات
If $1 < a < 2$	no m (otherwise)	-	„no m“	در قدم اول، اگر وضعیت کلی a در این بازه باشد، بدون نیاز به چک کردن جزئیات (1,1,2,1,3)، به آن „no m“ اختصاص می دهد و برای تعیین a جدید به $f(d)$ ارجاع می شود. اگر این شرط صادق نباشد، طبق تقسیم بندی زیر یکی جزئیات a یعنی 1,1,2,1,3 چک می شود و به آن m اختصاص دهد.
If $2 < a < 3$	m11	0,5	„no m“ or m11	اگر a در این بازه باشد، الگوریتم ژنتیک می تواند m11 یا „no m“ را انتخاب کند. اگر m11 را انتخاب کند، مقدار Z ، 0.5 خواهد بود، و مقدار a متناسباً برای دوره بعد محاسبه می شود، اگر „no m“ را انتخاب کند، Z به آن تعلق نمی گیرد و باید به مرحله تعیین $f(d)$ برود...
If $2 < a < 3$	m12	0,5	„no m“ or m12	...
If $2 < a < 3$	m13	0,5	„no m“ or m13	...
If $3 < a < 4$	m21	1,5	„no m“ or m11 or m21	...
If $3 < a < 4$	m22	1,5	„no m“ or m12 or m22	...
If $3 < a < 4$	m23	1,5	„no m“ or m13 or m23	...
If $a > 4$	m31	2,5	„no m“ or m11 or m21 or m31	...
If $a > 4$	m32	2,5	„no m“ or m12 or m22 or m32	...
If $a > 4$	m33	2,5	„no m“ or m13 or m23 or m33	اگر a در این بازه باشد، الگوریتم ژنتیک می تواند m13 یا m23 یا m33 یا „no m“ را انتخاب کند. اگر m11 را انتخاب کند، مقدار Z ، 0.5 خواهد بود، اگر m23 را انتخاب کند، مقدار Z برابر 1.5، اگر m33 را انتخاب کند، مقدار Z برابر 2.5 و نهایتاً اگر „no m“ را انتخاب کند، Z به آن تعلق نمی گیرد و باید به مرحله تعیین $f(d)$ برود...

پس از انتخاب تصادفی m توسط الگوریتم ژنتیک، معادل هزینه اش هم مطابق جدول زیر تعیین می گردد.

I1	I2	I3	توضیحات
„no m“ => C=0			
m11=> c11=400	m12=> c12=270	m13=> c13=300	هزینه کل هر شی (s) در دوره زمانی مورد بررسی t از مجموع هزینه های جزئی تخصیص یافته در هر یک از I1، I2 و I3 بدست می آید.
m21=> c21=2000	m22=> c22=2000	m23=> c23=930	
m31=> c31=200000	m32=> c32=130000	m33=> c33=48000	

3. در صورتی که الگوریتم "no m" را انتخاب کند، مقدار a برای دوره بعدی ($t+1$) با توجه به تابع $f(d)$ ، توسط زنجیره مارکو تعیین می گردد:

برای این منظور نیاز و قبل از محاسبات Markov-transition matrix، هر یک از مقادیر اولیه I_1, I_2, I_3 را براساس بردار چهارتایی تبدیل می کنیم.

بدین ترتیب بطور مثال $(0,0,0.9,0.1) = (0,0,0.9,0.1) = 1 \cdot 0 + 2 \cdot 0 + 3 \cdot 0.9 + 4 \cdot 0.1$ نشان داده می شود. بردارهای متناظر با مقادیر اولیه I_1, I_2, I_3 در فایل اکسل محاسبه شده است.

برای پیش بینی مقادیر I_1, I_2, I_3 ، سه ماتریس transition matrix جداگانه در نظر گرفته شده است، بصورت زیر:

I1					I2					I3				
	1	2	3	4		1	2	3	4		1	2	3	4
1	0,93	0,07	0	0	1	0,72	0,28	0	0	1	0,64	0,36	0	0
2		0,97	0,03	0	2		0,87	0,13	0	2		0,80	0,20	0
3			0,92	0,08	3			0,83	0,17	3			0,83	0,17
4				1	4				1	4				1

بطور مثال مقدار دوره بعدی I_1 برای یک شی s مقدار 3.1 بصورت زیر محاسبه می شود:

$$I_1 = 3.1 \Rightarrow 0 \cdot 0.93 = 0$$

$$\Rightarrow 0 \cdot 0.07 + 0 \cdot 0.97 = 0$$

$$\Rightarrow 0 \cdot 0 + 0 \cdot 0.03 + 0.9 \cdot 0.92 = 0.828$$

$$\Rightarrow 0 \cdot 0 + 0 \cdot 0 + 0.9 \cdot 0.08 + 0.1 \cdot 1 = 0.172$$

$$\Rightarrow 1 \cdot 0 + 2 \cdot 0 + 3 \cdot 0.828 + 4 \cdot 0.172 = 3.17$$

=> نمایش برداری $I_1 = 3.1$ محاسبه مقدار جدید => محاسبه بردار جدید =>

4. برای محاسبه $P_f(x_{t,s})$ ، از درایه چهارم بردار a استفاده می کنیم. می دانیم پارامتر a شامل I_1, I_2, I_3 هست و هرکدام از این سه زیرمجموعه خود بصورت برداری تبدیل شده اند، P_f از ترکیب وزنی درایه برداری چهارم I_1, I_2, I_3 تشکیل می شود.

بطور مثال احتمال P_f برای شی ردیف اول در اکسل، به این صورت محاسبه می شود: $0.1 \cdot 0.34 + 0 \cdot 0.33 + 0 \cdot 0.33 = 0.03$

با انجام مراحل فوق، در هر دوره t الگوریتم میزان a هر یک از شی ها را بررسی می کند، به بعضی از آنها m تخصیص می دهد، که مجموع هزینه آنها از حد threshold نباید کمتر شود، پارامتر a برای شی هایی که به آنها m تخصیص نیافته است، بررسی می شود و مطابق با زنجیره مارکو مقدار جدید آن در دوره بعد پیش بینی می شود.

- اعمال شرط برای تخصیص m ها:

در صورتی که در یک دوره t ، حداقل یکی از m_3 ها به یک شی اختصاص یابد، تا دو دوره بعدی ($t+2$) هیچ m_3 ای به این شی نمی تواند تخصیص یابد

5. پارامترهای الگوریتم ژنتیک در مرحله نخست به دلخواه تخصیص یابد، پس از بررسی جوابهای حاصل از مدل تنظیم خواهند شد.