

## یک روش جدید جهت محاسبه بردار وزن در فرآیند تحلیل سلسله مراتبی فازی

علی محتشمی\*

استادیار دانشکده مدیریت و حسابداری، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد قزوین، قزوین، ایران (عهده‌دار مکاتبات)

تاریخ دریافت: مهر ۱۳۹۲، اصلاحیه: آذر ۱۳۹۲، پذیرش: بهمن ۱۳۹۲

### چکیده

این مقاله به ارائه یک رویکرد جدید جهت استخراج بردار وزن از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی می‌پردازد. جهت این امر یک مدل بهینه‌سازی غیر خطی ارائه شده است که با حل این مدل، وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی استخراج می‌شود و همچنین جهت حل این مدل ریاضی، یک چهارچوب مبتنی بر الگوریتم ژنتیک ارائه شده است. روش پیشنهادی این مقاله برخلاف بسیاری از روش‌های قبلی منجر به ارائه وزن‌های قطعی و دقیق از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی سازگار و ناسازگار می‌شود که بدین وسیله نیاز به عملیات اضافی فازی و رتبه‌بندی اعداد فازی را از بین می‌برد. جهت نشان دادن عملکرد روش پیشنهادی، این روش با دو روش تحلیل فراخ و حداقل مربعات لگاریتمی فازی تجدید نظر شده مقایسه شده است که نتایج نشان دهنده کیفیت بالاتر جواب‌های روش پیشنهادی می‌باشد.

**واژه‌های کلیدی:** فرآیند تحلیل سلسله مراتبی، بردار وزن، تصمیم‌گیری چند معیاره، الگوریتم ژنتیک.

### ۱- مقدمه

AHP سنتی (نسخه اولیه AHP) که تاکنون بسیار زیاد به کار گرفته شده، نیازمند قضاوت‌های دقیق است. اما با توجه به پیچیدگی و عدم اطمینان در مسائل تصمیم‌گیری واقعی، اغلب ارائه قضاوت‌های دقیق، غیر واقعی یا حتی غیر ممکن می‌نماید. بنابراین بسیار واقع‌گرایانه و عملی‌تر است اگر بتوان این امکان را در اختیار تصمیم‌گیرنده قرار داد تا به جای قضاوت‌های دقیق، از قضاوت‌های غیر دقیق با استفاده از منطق فازی بهره برد [۱۸]. روش‌های مختلفی جهت رویارویی با ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی مطرح شده است. برای مثال، جوانبرگ و همکارانش [۹] یک روش استخراج وزن با استفاده از الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات ارائه کردند به طوری که روش ارائه شده آنها قادر به استخراج وزن عناصر از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی صرفاً مثلثی می‌باشد.

ونلا رهوون و پدریز [۱۷] یک روش حداقل مربعات لگاریتمی فازی (LLSM)<sup>۲</sup> را ارائه کردند تا بتوان از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی مثلثی، وزن‌های فازی مثلثی استخراج کرد. بوندرو و همکارانش [۲] دریافتند که روش نرمال سازی LLSM فازی بهینگی وزن‌ها را تخریب کرده و جهت اصلاح این امر، یک روش نرمال سازی تجدید نظر شده، ارائه کردند.

وانگ و همکارانش [۱۹] روش ارائه شده توسط ونلا رهوون و پدریز [۱۷] که به وسیله بوندرو و همکارانش [۲] اصلاح شده بود را بازنگری کردند.

روش‌های تصمیم‌گیری چند معیاره به مسئله انتخاب بهترین گزینه از بین گزینه‌های موجود پرداخته و در پی انتخاب گزینه‌ای به عنوان بهترین گزینه هستند که بالاترین درجه ارضای شاخص‌های تصمیم‌گیری را داشته باشد. از میان روش‌های تصمیم‌گیری‌های چند معیاره، روش فرآیند تحلیل سلسله مراتبی [۱۵] در حل بسیاری از مسائل استفاده شده است.

لین و تریانتافیلو [۱۶] مزایای AHP<sup>۱</sup> را به این صورت خلاصه کرده‌اند:

(۱) این روش تنها روش شناخته شده تصمیم‌گیری چند معیاره است که می‌تواند ناسازگاری در قضاوت‌های تصمیم‌گیرنده را اندازه‌گیری کند.

(۲) AHP همچنین می‌تواند جهت سازماندهی جنبه‌های بحرانی یک مسئله در یک ساختار سلسله مراتبی به تصمیم‌گیرنده کمک کند و فرآیند تصمیم‌گیری را سهل نماید.

(۳) مقایسات زوجی در AHP معمولاً توسط تصمیم‌گیرنده‌ها ترجیح داده می‌شود چرا که به آنان این امکان را می‌دهد که دو به دو معیارها، زیر معیارها و آلترناتیوها با هم مقایسه شده و وزن نهایی از ترکیب این مقایسات به دست آید (به جای وزن‌دهی مستقیم که خطای بالایی دارد).

(۴) AHP قابلیت ترکیب شدن با روش‌های شناخته شده تحقیق در عملیات را جهت حل مسائل سخت دارد.

(۵) فهم AHP ساده است و می‌تواند به صورت اثربخش داده‌های کمی و کیفی را در نظر بگیرد.

2. Logarithmic least square metho

\* mohtashami@qiau.ac.ir

1. Analytical Hierachy Process

رتبه‌بندی نهایی آترناتیوها را مشخص کنند، اما روش‌های مختلف رتبه‌بندی اعداد فازی ممکن است منجر به رتبه‌بندی‌های مختلفی شود [۳]. بنابراین هدف مقاله حاضر، ارائه روشی است که برخلاف بسیاری از روش‌های پیشین قادر به ارائه وزن‌های دقیق از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی بوده و همچنین قابلیت در نظرگیری اعداد فازی مثلثی، ذوزنقه‌ای و ترکیبی را داشته باشد چرا که ممکن است تصمیم‌گیرنده به عنوان مثال ترجیح  $a$  بر  $b$  را در قالب یک عدد فازی مثلثی بیان کرده اما ترجیح  $b$  بر  $c$  را در قالب یک عدد فازی ذوزنقه‌ای مطرح نماید. به علاوه، از آنجایی که مهم‌ترین عامل در بررسی بردارهای وزن استخراج شده، ارضای قضاوت‌های اولیه است، روش پیشنهادی این مقاله با دو روش تحلیل فراخ و حداقل مربعات فازی لگاریتمی تجدید نظر شده از این حیث مقایسه می‌شود. این مقاله به صورت زیر سازماندهی شده است.

در بخش ۲ خطای ایجاد شده در اثر ساختن ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی برگرفته از روش‌های قطعی ارائه می‌شود. بخش ۳ به ارائه مدل بهینه سازی فازی پیشنهادی می‌پردازد. در بخش ۴ الگوریتم پیشنهادی استخراج وزن ارائه می‌شود. بخش ۵ به ارائه مثال‌هایی جهت تصدیق روش پیشنهادی و مقایسه روش پیشنهادی با دو روش تحلیل فراخ و روش حداقل مربعات لگاریتمی فازی تجدید نظر شده می‌پردازد و بخش ۶ به نتیجه‌گیری مقاله می‌پردازد.

## ۲- ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی

رویکرد ساختن ماتریس‌های فازی با درایه‌های معکوس که برگرفته از روش‌های اولویت بندی قطعی است، منجر به برخی اشکالات می‌شود [۱۴] به طوری که این رویکرد در بسیاری از روش‌های پیشین به چشم می‌خورد. جهت توضیح این مسئله یک عدد فازی مثلثی را در نظر بگیرید که توسط سه عدد حقیقی  $a \leq b \leq c$  تعریف شده و دارای تابع عضویت پیوسته  $\mu_{\tilde{N}}(x)$  با مشخصات زیر است:

۱. یک نگاشت پیوسته  $\mathfrak{R}$  بر بازه بسته  $[0, 1]$ .

۲.  $\mu_{\tilde{N}}(x) = 0$  برای همه  $x \in [-\infty, a]$  و برای همه  $x \in [c, +\infty]$ .

۳. صعودی اکید در بازه  $[a, b]$  و نزولی اکید در بازه  $[b, c]$ .

۴.  $\mu_{\tilde{N}}(x) = 1$  برای  $x=b$ .

فرض کنید یک مسئله اولویت بندی با  $n$  اولویت نامعلوم  $W = (w_1, w_2, \dots, w_n)^T$  در نظر است به طوری که قضاوت‌های مقایسه‌ای زوجی توسط اعداد فازی مثلثی  $a_{ij} = (l_{ij}, m_{ij}, u_{ij})$  بیان شده باشد. بسیاری از روش‌هایی که پیش تر مطرح شد مانند LLSM فازی، تجدید نظرهای LLSM فازی، روش تحلیل فراخ و غیره نیازمند مجموعه کامل  $m = n(n-1)/2$  قضاوت جهت ساختن ماتریس مقایسه زوجی  $\tilde{A} = \{\tilde{a}_{ij}\}$  می‌باشند:

آنها دریافتند که روش LLSM فازی نمیتواند همیشه به صورت یک مدل بهینه سازی نامقید حل شود. همچنین در مواقعی که حد پایین یک وزن فازی غیر نرمالایز شده بزرگتر از حد بالایش باشد، روش نرمالایز کردن مطرح شده روش مناسبی نیست.

زو و ژای [۲۰] یک روش LLSM فازی معرفی کردند، اما روش ارائه شده آنها بر مبنای یک شاخص فاصله در فضای قضاوت فازی ساخته شده بود. شاخص فاصله در مقاله آنها به عنوان انتگرال فاصله اقلیدسی بین مجموعه‌های سطح  $\alpha$ ی دو عدد فازی تعریف شده بود. بنابراین، روش LLSM فازی آنها در واقع با قضاوت‌های فاصله ای برای هر سطح  $\alpha$  کار می‌کند. باکلی [۴] یک روش مبتنی بر میانگین هندسی قضاوت‌ها و نرمال سازی اعداد حاصله را مطرح کرد. چانگ [۵] یک روش تحلیل فراخ جهت بدست آوردن وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی ارائه کرد. میخایلو [۱۴] یک روش برنامه‌ریزی ترجیحات فازی جهت استخراج وزن‌های دقیق ارائه کرد.

این روش جهت استخراج وزن عناصر از یک ماتریس مقایسه زوجی فازی، نیازمند حل مدل ریاضی خطی در سطوح مختلف برش  $\alpha$  می‌باشد که این امر نه تنها بسیار وقت‌گیر است، بلکه اغلب منجر به حصول وزن‌های مختلف یک عنصر در سطوح مختلف  $\alpha$  می‌شود. همچنین، در مدل ریاضی مطرح شده توسط میخایلو [۱۴]، از پارامترهای تلورانس  $d_k$  استفاده می‌شود که با تغییر این پارامتر حتی در یک سطح  $\alpha$ ی خاص، وزن‌های مختلفی از عناصر به دست می‌آید. جهت کاهش نقاط ضعف روش برنامه‌ریزی ترجیح فازی، میخایلو در مقاله خود روش دیگری به نام اولویت‌بندی فازی غیر خطی ارائه کرد اما نقطه ضعف اصلی این روش در این است که این روش برای اعداد فازی مثلثی طراحی شده و بنابراین از جامعیت بالایی برای حل مسائل با انواع مختلفی از اعداد فازی برخوردار نیست. نقطه ضعف دیگر این روش در غیر خطی بودن آن است. از آنجایی که در مدل ارائه شده در روش اولویت بندی فازی غیر خطی، روابط غیر خطی در محدودیت‌ها وجود دارد و فضای جواب لزوماً محدب نیست، حل مدل به سادگی امکان پذیر نبوده و امکان بدست آوردن جواب‌های بهینه محلی (به جای جواب بهینه سرتاسری) بسیار زیاد است. همچنان که مشاهده می‌شود، اغلب روش‌های مطرح شده فوق، برای ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی، وزن‌های فازی استخراج می‌کنند و پس از عملیات تجمیع، وزن‌های نهایی آترناتیوها همچنان به صورت عدد فازی یا مجموعه‌های فازی باقی خواهند ماند و به دلیل حجم زیادی از عملیات جمع، ضرب و تقسیم اعداد فازی، وزن‌های فازی نهایی همپوشانی زیادی با یکدیگر دارند. به علاوه همچنان که در مقاله بوندرو و همکارانش [۲] و مقاله گوئس و بوچر [۷] نشان داده شده است، رویه نرمال سازی که در برخی از این روش‌ها استفاده شده است ممکن است حتی به امتیازهای نهایی غیر منطقی بیانجامد، به طوریکه حد بالای نرمال شده از حد وسط نرمال شده کمتر و حد وسط نرمال شده از حد پایین کمتر باشد. اغلب روش‌های اولویت بندی مطرح شده فوق نیازمند روش‌های اضافی رتبه‌بندی وزن‌های نهایی فازی هستند تا بتوانند

$$\min J = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n \left( \ln \left( \frac{w_i}{w_j} \right) - \ln(\tilde{a}_{ij}) \right)^2 \quad (۲)$$

subject to

$$\sum_{k=1}^n w_k = 1 \quad (۳)$$

$$l_{ij} \leq \frac{w_i}{w_j} \leq u_{ij} \quad (۴)$$

$$w_k > 0, k = 1, 2, \dots, n \quad (۵)$$

مدل بهینه سازی پیشنهادی فوق، یک مدل بهینه سازی غیر خطی مقید است. تابع هدف مدل بهینه سازی که در رابطه (۲) نشان داده شده، وزن های قطعی  $(w_1, w_2, \dots, w_n)^T$  را به نحوی محاسبه می کند که انحراف نسبت وزن ها از قضاوت های اولیه حداقل شود. یکی از محدودیت های اصلی در استخراج بردار وزن این است که مجموع وزن عناصر برابر یک باشد؛ بنابراین رابطه (۳) تضمین می کند که بردار وزن بدست آمده نرمالایز است. از آنجایی که جهت حل مدل ریاضی پیشنهادی از یک چهارچوب مبتنی بر الگوریتم ژنتیک استفاده خواهد شد، در بخش ۱.۴ یک روش ابتکاری جهت تولید اعداد تصادفی وزن عناصر  $(w_1, w_2, \dots, w_n)^T$  با مجموع یک ارائه شده است. از طرف دیگر بردار وزن  $(w_1, w_2, \dots, w_n)^T$  باید در رابطه (۴) نیز صدق کند به طوری که  $w_i > 0$ ،  $w_j > 0$  و  $i \neq j$  علامت  $\leq$  نشان دهنده کوچکتر یا مساوی فازی می باشد. یک مجموعه  $m \leq n(n-1)/2$  قضاوت فازی را در نظر بگیرید که حد پایین و بالای اعداد فازی به ترتیب با  $l_{ij}$  و  $u_{ij}$  نشان داده می شود. وقتی قضاوت های فازی سازگار هستند، بردار های وزن زیادی وجود دارد که نامعادله  $l_{ij} \leq w_i/w_j \leq u_{ij}$  را ارضا کند. اگر قضاوت ها ناسازگار باشند، بردار وزنی وجود ندارد که تمام قضاوت ها را به صورت همزمان ارضا کند، اما می بایست در چنین شرایطی بردار وزنی را یافت که تمام قضاوت ها را تا حد امکان ارضا کند. به عبارت دیگر یک جواب در حد کفایت خوب تمام قضاوت ها را تقریباً برآورده می کند، یا به عبارت دیگر  $l_{ij} \leq w_i/w_j \leq u_{ij}$  در بخش ۲.۴ یک روش ابتکاری جهت ارضای این محدودیت با حداقل انحراف از حدود بالا و پایین ارائه شده است.

مدل بهینه سازی فازی پیشنهادی، یک مدل غیر خطی مقید است که روابط غیر خطی هم در تابع هدف و هم در محدودیت ها وجود دارد و همچنین برخی از محدودیت ها به صورت فازی می باشند، بنابراین جهت حل این مسئله نمی توان از روش های معمول استفاده کرد. جهت حل

$$\tilde{A} = \begin{bmatrix} 1 & \tilde{a}_{12} & \dots & \tilde{a}_{1n} \\ \tilde{a}_{21} & 1 & \dots & \tilde{a}_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \tilde{a}_{n1} & \tilde{a}_{n2} & \dots & 1 \end{bmatrix} \quad (۱)$$

به طوری که  $\tilde{a}_{ji} = 1/\tilde{a}_{ij} = (1/u_{ij}, 1/m_{ij}, 1/l_{ij})$ . این طریقه ساخت ماتریس کامل مقایسه زوجی که برگرفته از روش های اولویت بندی قطعی است، منجر به بروز برخی مسائل می شود.

مثال. یک مسئله اولویت بندی کاملاً سازگار دو بعدی را در نظر بگیرید، که تنها دو عنصر با یکدیگر مقایسه می شوند. تصمیم گیرنده ترجیح عنصر اول به دوم را تقریباً سه بار بیشتر می داند، بنابراین این ترجیح می تواند توسط عدد فازی مثلثی  $\tilde{a}_{12} = (2, 3, 4)$  بیان شود. وزن های بدست آمده برای این مسئله  $w_1 > 0$  و  $w_2 > 0$  باید به گونه ای محاسبه شود که نسبت آنها قضاوت اولیه را تقریباً ارضا کند؛ به عبارت دیگر  $\tilde{r}_{12} = \tilde{w}_1/\tilde{w}_2 \approx \tilde{a}_{12}$ . همچنین محدودیت نرمالایز بودن  $\tilde{w}_1 + \tilde{w}_2 = \tilde{1}$  نیز باید ارضا شود. جهت استفاده از برخی از روش های موجود می بایست ماتریس مقایسه زوجی فازی (۱) ساخته شود؛ به این منظور داریم  $\tilde{a}_{21} = (1/4, 1/3, 1/2)$ . همچنان که مشاهده می شود عدد فازی معکوس شده متقارن نیست، در حالی که قضاوت اولیه  $\tilde{a}_{12} = (2, 3, 4)$  کاملاً متقارن است.

این عدم تقارن قضاوت های معکوس در ماتریس مقایسه فازی، منجر به وزن های نهایی غیر متقارن می شود. برای مثال با استفاده از روش میانگین هندسی (Buckley, ۱۹۸۵)، وزن های نهایی عبارت خواهد بود از:

$$\tilde{w}_1 = (0.522, 0.75, 1.044) \text{ و } \tilde{w}_2 = (0.184, 0.25, 0.369)$$

با استفاده از عملگر تقسیم فازی خواهیم داشت:  $\tilde{r}_{12} = \tilde{w}_1/\tilde{w}_2 = (1.414, 3, 5.656)$ . مشاهده می شود که  $\tilde{r}_{12}$  شباهت کمی با قضاوت اولیه  $\tilde{a}_{12} = (2, 3, 4)$  دارد. به علاوه، نسبت بدست آمده بر خلاف قضاوت اولیه دارای چولگی زیادی است. بنابراین می توان نتیجه گیری کرد که در نظرگیری عناصر معکوس و ساخت ماتریس های کامل مقایسه زوجی فازی که در روش هایی چون تحلیل فراخ، LLSM فازی و غیره انجام می شود می تواند منجر به عدم صحت نتایج نهایی شود.

### ۳- مدل بهینه سازی فازی پیشنهادی

فرض کنید ترجیح عنصر  $i$  بر عنصر  $j$  با استفاده از  $\tilde{a}_{ij}$  نشان داده شود به طوری که  $\tilde{a}_{ij}$  می تواند یک عدد فازی مثلثی، دوزنقه ای، LR با تابع عضویت غیر خطی و غیره باشد و حد پایین و بالای آن به ترتیب با  $l_{ij}$  و  $u_{ij}$  نشان داده شود. مدل بهینه سازی فازی پیشنهادی جهت استخراج وزن های قطعی به صورت زیر است:

```

end if
end if
generate a new priority vector
if  $(l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \text{step})$  then go to the next c
else:
counter ← 1
counter1 ← counter1 + 1
loop until (counter ← 0)
next c

```

for t ← 1 to a maximum number of iterations

**“Fitness calculation of parents”**

```

for c ← 1 to population size
fitnessc ←

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n \left( \left( \ln(w_i^c / w_j^c) - \ln(a_{ij}) \right)^2 + \left( \ln(w_j^c / w_i^c) - \ln(1/a_{ij}) \right)^2 \right)$$

next c

```

next c

**“Selection”**

perform selection by roulette wheel strategy

**“Crossover”**

perform single-point crossover at rate of crossover rate and generate offsprings

```

if  $\left( \sum_{k=1}^n w_k^c \neq 1 \right)$  then normalize priority

```

vector

for c ← 1 to population size

if  $(l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \text{step})$

then go to the next c

else:

do

counter ← 0

generate a new priority vector

if  $(l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \text{step})$  then go to the next c

else:

counter ← 1

loop until (counter ← 0)

next c

**“Mutation”**

for c ← 1 to population size

swap the amounts of two random

genes at rate of mutation rate

if  $(l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \text{step})$

then go to the next c

else:

do

counter ← 0

generate a new priority

vector

if  $(l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq$

مدل پیشنهادی، در بخش ۴ یک چهارچوب مبتنی بر الگوریتم ژنتیک ارائه شده است.

**۴- الگوریتم پیشنهادی استخراج وزن**

ثابت شده است که الگوریتم‌های فرا ابتکاری و به خصوص الگوریتم ژنتیک قابلیت تطبیق به طیف وسیعی از مسائل بهینه‌سازی پیچیده را دارا هستند و محققین زیادی از این الگوریتم جهت برای حل مسائل مختلف بهره برده‌اند [۱، ۶، ۱۱، ۱۲، ۲۲، ۲۳]. هدف اصلی الگوریتم ژنتیک جستجوی تمام منطقه موجه جهت یافتن نقطه بهینه/نزدیک بهینه است. در این مقاله مقادیر ژن‌های کروموزوم‌ها اعداد حقیقی در نظر گرفته شده است. در نظرگیری اعداد حقیقی برای مقادیر ژن‌ها مزایای مختلفی دارد که عبارتند از (i) تطبیق بهتر با مسائل بهینه‌سازی عددی، (ii) افزایش سرعت الگوریتم و (iii) ساده‌تر شدن توسعه رویکردهای تلفیق الگوریتم با روش‌های جستجوی محلی [۳۱]. الگوریتم پیشنهادی استخراج وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی که مبتنی بر مدل ریاضی بهینه‌سازی پیشنهادی و الگوریتم ژنتیک می‌باشد به صورت زیر است. همچنین توضیحات الگوریتم پیشنهادی زیر در بخش‌های ۱.۴ تا ۷.۴ ارائه شده است.

**“Initialize population”**

for c ← 1 to population size

counter ← 0

$w_1^c \leftarrow$  a random number  $\in [0, 1]$

do

counter ← counter + 1

upper limit ← 0

for k ← 1 to counter

upper limit ←  $w_k^c +$  upper limit

next k

$w_{k+1}^c \leftarrow$  a random number  $\in [0, 1 - \text{upper limit}]$

loop until (counter ← n - 2)

upper limit ← 0

for k ← 1 to counter + 1

upper limit ←  $w_k^c +$  upper limit

next k

$w_n^c \leftarrow 1 - \text{upper limit}$

next c

**“Satisfaction of initial judgments”**

step ← 0

for c ← 1 to population size

if  $(l_{ij} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij})$  then go to the next c

else:

do

counter ← 0

if c ← 1 then

if (counter1 ←  $\delta$ ) then

step ← step +  $\epsilon$

counter1 ← 0

باشد که نامعادلات  $l_{ij} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij}$  را ارضا کنند، بنابراین ارزیابی دقیق-تری جهت مقایسه بردارهای اولویت نیاز خواهد بود تا تعیین شود که کدام یک قضاوت‌های اولیه را بهتر ارضا می‌کند. این ارزیابی دقیق در بخش ۳.۴ که برانزنگی هر کروموزوم محاسبه می‌شود مورد بحث و تحلیل قرار می‌گیرد.

اگر کروموزوم اول (بردار اولویت تولید شده اول) نامعادلات  $l_{ij} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij}$  را به ازای تمام قضاوت‌ها برآورده نکند، الگوریتم پیشنهادی این کروموزوم را با یک کروموزوم جدید تعویض کرده (کروموزوم جدید با استفاده از روش بخش ۱.۴ تولید می‌شود) و بررسی می‌کند که آیا کروموزوم جدید نامعادلات را ارضا می‌کند یا خیر. مجدداً، اگر کروموزوم جایگزین شده نامعادلات را ارضا نکند، این کروموزوم با یک کروموزوم جدید دیگر تعویض می‌شود و ارزیابی مجدد انجام می‌شود. این عملیات حداکثر به تعداد  $\delta$  بار ( $\delta$  توسط تصمیم گیرنده در ابتدای الگوریتم تعیین می‌شود) انجام می‌شود به منظور اینکه بردار اولویتی یافت شود که نامعادلات را به ازای تمام قضاوت‌ها برآورده کند.

#### ۴-۲-۱- پیدا کردن حداقل مقدار تخطی از قضاوت‌های اولیه

اگر قضاوت‌ها ناسازگار باشند، بردار اولویتی نمی‌توان یافت که به طور همزمان تمام قضاوت‌های فازی را ارضا کند. بنابراین، در  $\delta$  بار جایگزینی کروموزوم اول با کروموزوم‌های جدید، اگر الگوریتم بردار اولویتی پیدا نکند که نامعادلات  $l_{ij} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij}$  را برای تمام قضاوت‌ها ارضا کند، الگوریتم اجازه می‌دهد که بردارهای اولویت کمی از  $l_{ij}$  و  $u_{ij}$  تخطی کنند. برای این منظور، یک مقدار بسیار کوچک  $\varepsilon$  بزرگتر از صفر در step قرار داده شده، یک کروموزوم جدید جایگزین کروموزوم اول شده و الگوریتم بررسی می‌کند که آیا کروموزوم اول نامعادلات  $l_{ij} - \varepsilon \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \varepsilon$  را به ازای  $\varepsilon = \text{step}$  برای تمام قضاوت‌ها ارضا می‌کند یا خیر. اگر کروموزوم اول نامعادلات مذکور را ارضا نکند، الگوریتم یک کروموزوم جدید جایگزین این کروموزوم می‌کند و کروموزوم جدید را بررسی می‌کند که آیا نامعادلات را ارضا می‌کند یا خیر. مجدداً اگر کروموزوم جایگزین شده نامعادلات را ارضا نکند، این کروموزوم با یک کروموزوم جدید جایگزین می‌شود. این عملیات برای حداکثر  $\delta$  بار انجام می‌شود تا بردار اولویتی یافت شود که تمام نامعادلات را ارضا کند.

در  $\delta$  بار جایگزینی کروموزوم با یک کروموزوم جدید، اگر الگوریتم بردار اولویتی پیدا نکند که تمام نامعادلات  $l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \text{step}$  را برای تمام قضاوت‌ها به ازای  $\text{step} = \varepsilon$  ارضا کند، یک مقدار کوچک  $\varepsilon$  بزرگتر از صفر به step اضافه می‌شود و الگوریتم سعی می‌کند کروموزومی پیدا کند که نامعادلات  $l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \text{step}$  را با مقدار جدید step ارضا کند (توجه شود که اکنون مقدار step برابر با  $2\varepsilon$  است). در واقع، با اضافه کردن  $\varepsilon$  به step، الگوریتم اجازه تخطی بیشتری از  $l_{ij} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij}$  را به کروموزوم‌ها (بردارهای اولویت) می‌دهد.

این عملیات تکرار می‌شود تا جایی که به ازای یک مقدار step، یک بردار اولویت پیدا شود که نامعادلات  $l_{ij} - \text{step} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + \text{step}$  را برای تمام قضاوت‌ها ارضا کند. هر چقدر مقدار step بیشتر باشد، انحراف نسبت‌های

**u<sub>ij</sub> + step) then go to the next c**  
**else:**  
 counter ← 1  
**loop until (counter ← 0)**  
**next c**

**“Fitness calculation of offsprings”**  
 calculate fitness for offsprings and choose the best priority vector  
**“Replacement”**  
 reproduce the new population by roulette wheel

**next t**

repeat iterations until a satisfactory solution  
 been found

#### ۴-۱- مقدار دهی اولیه پیشنهادی

بخش اول الگوریتم پیشنهادی، جمعیت کروموزوم‌ها را مقدار دهی اولیه می‌کند. در روش پیشنهادی مقدار دهی اولیه جمعیت، هر کروموزوم با  $n$  ژن یک بردار اولویت را نشان داده و هر ژن نشان دهنده وزن یک عنصر ماتریس مقایسه زوجی است. الگوریتم پیشنهادی مقدار دهی اولیه به نحوی طراحی شده که جمع مقادیر ژن‌های هر کروموزوم برابر ۱ شود، بدین صورت محدودیت (۳) ارضا می‌شود. جهت مقدار دهی اولیه جمعیت، یک عدد تصادفی یکنواخت بین صفر و یک تولید شده و در  $w_1^c$  قرار می‌گیرد به طوری که  $w_1^c$  نشان دهنده وزن عنصر ۱ در کروموزوم  $C$  است. به منظور تولید  $w_{k+1}^c$  (وزن عنصر  $k+1$  ام در کروموزوم  $C$ )، مجموع  $w_1^c$  تا  $w_k^c$  محاسبه شده و upper limit نامیده می‌شود. سپس یک عدد تصادفی یکنواخت بین  $[0, 1 - \text{upper limit}]$  تولید شده و در  $w_{k+1}^c$  قرار می‌گیرد. با اجرای این عملیات مقادیر  $w_1^c, w_2^c, \dots, w_{n-1}^c, w_n^c$  تولید خواهد شد. به منظور تولید مقدار  $w_n^c$  (وزن عنصر  $n$  ام در کروموزوم  $C$ )، مجموع  $w_1^c$  تا  $w_{n-1}^c$  محاسبه شده و در upper limit قرار گرفته و سپس مقدار  $1 - \text{upper limit}$  در  $w_n^c$  قرار می‌گیرد. با اجرای این الگوریتم برای هر کروموزوم، مقادیر  $w_1^c, w_2^c, \dots, w_{n-1}^c, w_n^c$  تولید می‌شود به نحوی که محدودیت (۳) ارضا شود.

#### ۴-۲- ارضای قضاوت‌های اولیه

پس از مقدار دهی اولیه کروموزوم‌ها، به منظور دستیابی به کروموزوم‌هایی که به خوبی قضاوت‌های اولیه را ارضا کنند، هر کروموزوم (بردار اولویت) باید ارزیابی شود که آیا محدودیت (۴) را ارضا می‌کند یا خیر. به این منظور، در ابتدا، الگوریتم پیشنهادی ارزیابی می‌کند که آیا هر یک از کروموزوم‌ها نامعادله  $l_{ij} \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij}$  را به ازای تمام قضاوت‌ها ارضا می‌کنند یا خیر (دقت شود که علامت  $\leq$  به معنای کوچکتر-مساوی قطعی است نه کوچکتر-مساوی فازی). اگر بردار اولویت تولید شده این نامعادلات را ارضا کند، جهت تحلیل‌های بعدی باقی نگاه داشته خواهد شد. از آنجایی که ممکن است بردارهای اولویت مختلفی وجود داشته

بنابراین همچنان که مشاهده می‌شود رابطه (۸) این نقایص را حل کرده است، چرا که در رابطه (۸) هر دوی  $a_{ij}$  و  $1/a_{ij}$  اعداد قطعی هستند و بنابراین نیازی به محاسبه معکوس اعداد فازی نبوده و همچنین لگاریتم طبیعی اعداد قطعی به سادگی قابل محاسبه است. از طرف دیگر محاسبات فوق نشان می‌دهد که روش پیشنهادی قابلیت در نظرگیری ترکیبی اعداد فازی مثلثی و دوزنقه‌ای را در یک ماتریس مقایسه زوجی دارا می‌باشد، چرا که ممکن است تصمیم گیرنده به عنوان مثال ترجیح  $a$  بر  $b$  را در قالب یک عدد فازی مثلثی بیان کرده اما ترجیح  $b$  بر  $c$  را در قالب یک عدد فازی دوزنقه‌ای مطرح نماید.

$$defuzz(\tilde{a}_{ij}) = \frac{\int \mu_x x dx}{\int \mu_x dx} = \frac{a+b+c}{3} \quad (۶)$$

$$defuzz(\tilde{a}_{ij}) = \frac{\int \mu_x x dx}{\int \mu_x dx} = \frac{a+b+c+d}{3} + \frac{ab-cd}{3(d+c-b-a)} \quad (۷)$$

$$fitness^c = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n \left( \left( \ln(W_i^c / W_j^c) - \ln(a_{ij}) \right)^2 + \left( \ln(W_j^c / W_i^c) - \ln(1/a_{ij}) \right)^2 \right) \quad (۸)$$

#### ۴-۴ انتخاب

الگوریتم ژنتیک از رویکرد انتخاب جهت برگزیدن والد‌هایی از جمعیت برای تقاطع استفاده می‌کند. والد‌های انتخاب شده پس از اعمال عملگر تقاطع منجر به تولید فرزندان می‌شوند. در روش پیشنهادی این مقاله از روش چرخ رولت جهت انتخاب والد‌ها به منظور تقاطع و تولید کروموزوم‌های فرزند استفاده شده است.

#### ۴-۵ تقاطع

در هر تکرار، یک جفت از کروموزوم‌های والد انتخاب شده و منجر به تولید جواب‌های جدید فرزند می‌شوند [۱]. در این مقاله از روش تقاطع تک نقطه‌ای با نرخ احتمال تقاطع استفاده شده است. با توجه به اینکه پس از اعمال عملگر تقاطع ممکن است کروموزوم فرزند از محدودیت (۳) تخطی کرده و از فضای موجه خارج شود، در صورت بروز این حالت، الگوریتم بردار وزن کروموزوم را نرمالایز می‌کند. سپس الگوریتم بررسی می‌کند که آیا هر یک از کروموزوم‌های فرزند نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را برای همه قضاوت‌ها ارضا می‌کند یا خیر (توجه شود که حداقل مقدار  $step$  در بخش ۱.۲.۴ تعیین شده است). اگر هر یک از کروموزوم‌های فرزند نامعادلات مذکور را ارضا نکنند، الگوریتم کروموزوم دیگری را با استفاده از روش ابتکاری بخش ۱.۴ پیدا کرده و جایگزین می‌کند.

اوزان از قضاوت‌های اولیه بیشتر خواهد بود. با انجام این الگوریتم، حداقل مقدار ممکن  $step$  پیدا می‌شود که منجر به حداقل شدن تخطی کروموزوم‌ها از نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  می‌شود.

از آنجایی که در این مرحله حداقل مقدار  $step$  تعیین می‌شود و الگوریتم بردارهای اولیوی را پیدا می‌کند که نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را برای تمام قضاوت‌ها به ازای یک مقدار مشخص  $step$  ارضا می‌کند، این مقدار  $step$  برای بقیه کروموزوم‌ها و همچنین در بقیه مراحل الگوریتم (تقاطع و جهش) ثابت و مورد استفاده قرار می‌گیرد.

از آنجایی که فرایند پیدا کردن حداقل مقدار  $step$  فقط یکبار در کل الگوریتم انجام می‌شود، بهتر است در ابتدای الگوریتم یک مقدار بسیار بزرگ برای  $\delta$  و یک مقدار بسیار کوچک برای  $\epsilon$  تعیین شود تا بدین وسیله کوچکترین مقدار ممکن برای  $step$  یافت شود.

لازم به توضیح است که در شروع بررسی ارضای قضاوت‌های اولیه، تنها در صورتی الگوریتم وارد فرایند تعیین حداقل مقدار ممکن  $step$  می‌شود که اولین کروموزوم جمعیت نتواند نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را به ازای تمام قضاوت‌ها ارضا کند. به عبارت دیگر در صورتی که کروموزوم اول نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را به ازای تمام قضاوت‌ها ارضا کند، الگوریتم متوجه می‌شود که می‌تواند بردارهای اولیوی را بیابد که نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را به ازای تمام قضاوت‌ها ارضا کنند، بنابراین وارد فرایند تعیین حداقل مقدار ممکن  $step$  نشده و مقدار  $step$  تا پایان الگوریتم برابر صفر باقی می‌ماند. برای توضیح بیشتر فرض کنید اولین کروموزوم جمعیت، نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را به ازای تمام قضاوت‌ها ارضا کرده ولی دومین کروموزوم جمعیت نتواند نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را به ازای تمام قضاوت‌ها ارضا کند. در این حالت الگوریتم کروموزوم دوم را در یک حلقه (با  $step=0$ ) قرار داده و تا زمانی که بردار اولیوی برای کروموزوم دوم یافت نشود که نامعادلات  $step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  را به ازای تمام قضاوت‌ها ارضا کند، این کروموزوم از حلقه بیرون نمی‌آید. این عملیات برای مابقی کروموزوم‌های جمعیت نیز به همین صورت انجام می‌شود.

#### ۴-۳ روش پیشنهادی محاسبه برانزنگی کروموزوم‌های والد

به منظور ارزیابی برانزنگی کروموزوم‌های والد بر اساس تابع هدف مدل بهینه‌سازی پیشنهادی (۲)، هر قضاوت فازی  $\tilde{a}_{ij}$  در صورتی که یک عدد فازی مثلثی به صورت  $(a, b, c)$  با تابع عضویت  $\mu_a(x)$  باشد، با استفاده از روش مرکز ثقل (۶) و در صورتی که یک عدد فازی دوزنقه‌ای به صورت  $(a, b, c, d)$  با تابع عضویت  $\mu_a(x)$  باشد، با استفاده از روش مرکز ثقل (۷) دیفازی شده و مقدار برانزنگی کروموزوم با استفاده از رابطه (۸) محاسبه می‌شود. همچنان که در بخش ۲ توضیح داده شد، رویکرد ساختن قضاوت‌های فازی معکوس که برگرفته از روش‌های بهینه‌سازی قطعی است باعث بروز برخی مسائل می‌شود. همچنین محاسبه مقدار دقیق لگاریتم طبیعی اعداد فازی امکان پذیر نیست.

جدول شماره (۱): بردار وزن روش پیشنهادی و روش وانگ و همکارانش

[۱۸] برای مثال ۱

بردار اولویت	وانگ و همکارانش [۱۸]	روش پیشنهادی
$w_1$	(0.5000, 0.6666, 0.7500)	0.6664
$w_2$	(0.2499, 0.3333, 0.5000)	0.3336

مثال ۲. مسئله مطرح شده توسط بوند و همکارانش [۲] را در نظر بگیرید که یک تصمیم گیرنده ماتریس مقایسات زوجی را برای سه معیار با استفاده از اعداد فازی مثلثی تشکیل داده است به طوری که

$$\tilde{a}_{21} = (2.5, 3, 3.5)$$

،  
 $\tilde{a}_{31} = (4, 5, 6)$  و  $\tilde{a}_{32} = (1.5, 2, 2.5)$ . جدول ۲ بردار وزن بدست آمده توسط روش پیشنهادی و روش وانگ و همکارانش (۲۰۰۶) را نشان می‌دهد. همچنان که مشاهده می‌شود جواب‌های روش پیشنهادی در بازه جواب‌های روش وانگ و همکارانش (۲۰۰۶) قرار داشته و منطقی است.

جدول شماره (۲): بردار وزن روش پیشنهادی و روش وانگ و همکارانش

[۱۸] برای مثال ۲

بردار اولویت	وانگ و همکارانش [۱۸]	روش پیشنهادی
$w_1$	(0.1031, 0.1094, 0.1192)	0.1099
$w_2$	(0.2698, 0.3089, 0.3601)	0.3125
$w_3$	(0.5206, 0.5815, 0.6269)	0.5775

همچنان که پیشتر اشاره شد، نقطه قوت روش پیشنهادی نسبت به اغلب روش‌های پیشین در بدست آوردن وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی است به طوری که قضاوت‌ها می‌تواند در قالب اعداد فازی مثلثی و دوزنقه‌ای مطرح شوند. همان‌طور که مشاهده می‌شود، روش وانگ و همکارانش [۱۸] علیرغم پایه ریاضی قوی، نمی‌تواند وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی ارائه کند و این امر اولویت‌بندی را در برخی مسائل به دلیل همپوشانی زیاد بردارهای وزن نهایی دچار مشکل می‌سازد. همچنان که پیش‌تر ذکر شد روش تحلیل فراخ یکی از روش‌هایی است که قابلیت استخراج وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی را دارد. بنابراین در ادامه جهت نشان دادن کیفیت بالای جواب‌های تولیدی روش پیشنهادی، روش پیشنهادی این مقاله طی چند مثال با روش وانگ و همکارانش [۱۸] به عنوان روشی قوی در ارائه بردار وزن فازی و روش تحلیل فراخ ارائه شده توسط چانگ [۵] به عنوان روشی جهت ارائه بردار وزن قطعی مقایسه شده است.

مثال ۳. فرض کنید یک تصمیم گیرنده ماتریس مقایسات زوجی را برای سه عنصر با استفاده از اعداد فازی مثلثی ارائه کرده است به طوری که  $\tilde{a}_{13} = (4, 5, 6)$ ،  $\tilde{a}_{21} = (2, 3, 4)$  و  $\tilde{a}_{23} = (6, 7, 8)$ . جدول ۳ بردار وزن به دست آمده توسط روش پیشنهادی، روش وانگ و همکارانش [۱۸] و روش تحلیل فراخ چانگ [۵] را نشان می‌دهد. جهت مقایسه کیفیت جواب‌های روش پیشنهادی با دو روش دیگر، انحراف نسبت اوزان بدست آمده از قضاوت‌های اولیه توسط رابطه (۹) محاسبه شده است به طوری که  $a_{ij}$  نشان دهنده مقدار دیفازی شده قضاوت  $\tilde{a}_{ij}$  توسط روش

عملگر جهش از قرار گرفتن الگوریتم در بهینه موضعی جلوگیری کرده و در نتیجه امکان رسیدن به جواب بهینه سراسری را افزایش می‌دهد [۱۳]. در الگوریتم پیشنهادی این مقاله از روش وارونگی جهت عملگر جهش استفاده شده است. در روش وارونگی، مقادیر دو زن انتخاب شده تصادفی، با یکدیگر جابجا می‌شوند (شکل ۱). با اجرای روش وارونگی کروموزوم جهش یافته مطمئناً نرمالایز بوده و از محدودیت (۳) تخطی نمی‌کند، همچنان که این امر در شکل ۱ نشان داده شده است. با این وجود الگوریتم باید کروموزوم جهش یافته را در نامعادلات  $l_{ij} - step \leq w_i^c / w_j^c \leq u_{ij} + step$  برای تمام قضاوت‌ها بررسی کند. اگر کروموزوم جهش یافته نامعادلات را ارضا نکند، الگوریتم به جستجوی کروموزومی می‌گردد که تمام نامعادلات را ارضا کرده و سپس این کروموزوم را جایگزین کروموزوم قبلی می‌کند.

Before mutation	18	0.25	0.12	0.35	0.1	=1
After mutation	0.18	0.35	0.12	0.25	0.1	=1

شکل شماره (۱). روش وارونگی برای عملگر جهش

#### ۷-۴ جایگزینی و توقف

پس از این که عملگرهای ژنتیک جهت تولید فرزندان به کار گرفته شد، با استفاده از انتخاب مسابقه‌ای جمعیت والد و جمعیت فرزندان تجمیع می‌شود تا نسل جدید جهت اجرای مجدد عملگرها ایجاد شود. همچنین در این مقاله جهت توقف الگوریتم از روش حداکثر تعداد تکرارها استفاده شده است.

#### ۵- مثال عددی

جهت نشان دادن صحت روش پیشنهادی در بدست آوردن وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی، مثال‌های زیر را در نظر بگیرید که در آنها جواب‌های روش پیشنهادی با روش ارائه شده توسط وانگ و همکارانش [۱۸] مقایسه شده است.

مثال ۱. یک مسئله اولویت بندی کاملاً سازگار دوبعدی را در نظر بگیرید به طوری که تنها دو عنصر به صورت زوجی مورد مقایسه هستند. فرض کنید تصمیم گیرنده عنصر اول را بر عنصر دوم ترجیح می‌دهد و این قضاوت را در قالب عدد فازی مثلثی  $\tilde{a}_{12} = (1, 2, 3)$  بیان می‌کند. جدول ۱ بردار وزن به دست آمده توسط روش پیشنهادی و روش وانگ و همکارانش [۱۸] را نشان می‌دهد. همچنان که مشاهده می‌شود جواب‌های روش پیشنهادی در بازه جواب‌های روش وانگ و همکارانش [۱۸] قرار داشته و منطقی است.

همچنان که مشاهده می‌شود مقدار E برای روش پیشنهادی ۳۷.۲۰۶ است که از دو روش مورد مقایسه کمتر است. این امر نشان دهنده این است که بردار وزن روش پیشنهادی بهتر از دو روش دیگر مذکور قضاوت‌های اولیه را ارضا می‌کند.

جدول شماره (۴): بردار وزن روش پیشنهادی و دو روش مورد مقایسه برای

مثال ۴

بردار اولویت	وانگ و همکارانش [۱۸]	چانگ [۵]	روش پیشنهادی
w <sub>1</sub>	(0.2548, 0.2650, 0.2759)	0.3536	0.3191
w <sub>2</sub>	(0.0501, 0.0589, 0.0766)	0	0.0703
w <sub>3</sub>	(0.5647, 0.5926, 0.6106)	0.6463	0.5374
w <sub>4</sub>	(0.0659, 0.0833, 0.1009)	0	0.0729
E	43.357	بی نهایت	37.206

مثال ۵. فرض کنید یک تصمیم گیرنده، ماتریس مقایسات زوجی مثلثی را برای سه معیار مختلف ارائه کرده است به طوری که  $\vec{a}_{32} = (7, 8, 9)$ ،  $\vec{a}_{31} = (2, 3, 4)$ ،  $\vec{a}_{12} = (5, 6, 7)$  بردار وزن بدست آمده توسط روش پیشنهادی و دو روش دیگر را نشان می‌دهد. سطر آخر جدول ۵ مقدار رابطه (۹) را برای هر یک از روش‌ها نشان می‌دهد. همچنان که مشاهده می‌شود مقدار E برای روش پیشنهادی برابر با ۳.۹۲۲۹ است که از هر دو روش چانگ [۵] و وانگ و همکارانش [۱۸] کمتر است. این امر نشان دهنده این است که بردار وزن روش پیشنهادی بهتر از دو روش دیگر مذکور قضاوت‌های اولیه را ارضا می‌کند.

جدول شماره (۵): بردار وزن روش پیشنهادی و دو روش مورد مقایسه برای

مثال ۵

بردار اولویت	وانگ و همکارانش [۱۸]	چانگ [۵]	روش پیشنهادی
w <sub>1</sub>	(0.2326, 0.2851, 0.3609)	0.1845	0.3233
w <sub>2</sub>	(0.0625, 0.0625, 0.0625)	0	0.0666
w <sub>3</sub>	(0.5765, 0.6522, 0.7047)	0.8154	0.6099
E	7.7265	بی نهایت	3.9229

مثال ۶. همچنان که پیشتر ذکر شد، یکی از نقاط قوت روش پیشنهادی این مقاله نسبت به روش چانگ [۵] و وانگ و همکارانش [۱۸] در استخراج بردار وزن قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی با قضاوت‌های فازی دوزنقه‌ای است. در واقع روش‌های چانگ [۵] و وانگ و همکارانش [۱۸] به نحوی طراحی شده‌اند که صرفاً قابلیت در نظرگیری ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی با درایه‌های فازی مثلثی را دارند، اما روش پیشنهادی این مقاله علاوه بر توانایی در نظرگیری قضاوت‌ها در قالب اعداد فازی دوزنقه‌ای را نیز به خوبی دارا می‌باشد. بدین منظور فرض کنید یک تصمیم گیرنده ماتریس مقایسه زوجی سه عنصر را با استفاده از اعداد فازی دوزنقه‌ای تشکیل داده باشد به طوری که  $\vec{a}_{13} = (4, \frac{9}{2}, \frac{11}{2}, 6)$ ،  $\vec{a}_{23} = (6, \frac{13}{2}, \frac{15}{2}, 8)$ ،  $\vec{a}_{21} = (2, \frac{5}{2}, \frac{7}{2}, 4)$

مرکز ثقل می‌باشد. سطر آخر جدول ۳ (سطر E) نشان دهنده مقدار رابطه (۹) برای هر یک از روش‌ها می‌باشد. لازم به توضیح است که جهت محاسبه رابطه (۹) برای روش وانگ و همکارانش [۱۸]، بردار وزن به دست آمده توسط این روش با استفاده از روش مرکز ثقل دیفازی شده است.

$$E = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n \left( a_{ij} - \frac{w_i}{w_j} \right)^2 \quad (i \neq j) \quad (9)$$

جدول شماره (۳): بردار وزن روش پیشنهادی و دو روش مورد مقایسه برای

مثال ۳

بردار اولویت	وانگ و همکارانش [۱۸]	چانگ [۵]	روش پیشنهادی
w <sub>1</sub>	(0.2253, 0.2789, 0.3555)	0.1826	0.3104
w <sub>2</sub>	(0.5710, 0.6491, 0.7027)	0.8173	0.6117
w <sub>3</sub>	(0.0719, 0.0719, 0.0734)	0	0.0777
E	5.1173	بی نهایت	2.8610

همچنان که مشاهده می‌شود مقدار رابطه (۹) برای روش پیشنهادی (۲.۸۶۱۰) کمتر از روش وانگ و همکارانش [۱۸] و روش چانگ [۵] می‌باشد. این امر نشان دهنده این است که بردار وزن روش پیشنهادی بهتر از دو روش دیگر مذکور قضاوت‌های اولیه را ارضا می‌کند. با توجه به اینکه در روش چانگ [۵] وزن عنصر سوم صفر شده است، مقدار رابطه (۹) برای این روش به سمت بی‌نهایت میل می‌کند که این مسئله ضعف بزرگی برای این روش محسوب می‌شود. به عنوان نمونه حاصل تقسیم وزن عنصر اول به وزن عنصر سوم در روش چانگ [۵] به سمت بی‌نهایت میل می‌کند، این در حالی است که داریم  $\vec{a}_{13} = (4, 5, 6)$ ، بنابراین مشخص است که بردار وزن بدست آمده توسط روش چانگ [۵] در برآورده کردن قضاوت‌های اولیه بسیار ضعیف است. جهت نشان دادن طریقه محاسبه رابطه (۹)، محاسبات ذیل را به عنوان نمونه برای روش پیشنهادی در نظر بگیرید.

$$E = \left( a_{12} - \frac{w_1}{w_2} \right)^2 + \left( a_{13} - \frac{w_1}{w_3} \right)^2 + \left( a_{21} - \frac{w_2}{w_1} \right)^2 + \left( a_{23} - \frac{w_2}{w_3} \right)^2 + \left( a_{31} - \frac{w_3}{w_1} \right)^2 + \left( a_{32} - \frac{w_3}{w_2} \right)^2 = \left( \frac{1}{3} - \frac{0.3104}{0.6117} \right)^2 + \left( 5 - \frac{0.3104}{0.0777} \right)^2 + \left( 3 - \frac{0.6117}{0.3104} \right)^2 + \left( 7 - \frac{0.6117}{0.0777} \right)^2 + \left( \frac{1}{5} - \frac{0.0777}{0.3104} \right)^2 + \left( \frac{1}{7} - \frac{0.0777}{0.6117} \right)^2 = 2.861$$

مثال ۴. فرض کنید یک تصمیم گیرنده ماتریس مقایسات زوجی مثلثی را برای چهار عنصر به صورت  $\vec{a}_{14} = (7, 8, 9)$ ،  $\vec{a}_{12} = (3, 4, 5)$ ،  $\vec{a}_{34} = (3, 4, 5)$ ،  $\vec{a}_{32} = (7, 8, 9)$ ،  $\vec{a}_{31} = (4, 5, 6)$ ،  $\vec{a}_{42} = (1, 2, 3)$  تعریف کرده است. جدول ۴ بردارهای وزن بدست آمده توسط روش پیشنهادی و دو روش دیگر را نشان می‌دهد. سطر آخر جدول ۴ مقدار رابطه (۹) را برای هر یک از روش‌ها نشان می‌دهد.



- [7] Gogus, O., & Boucher, T. (1997). A consistency test for rational weights in multi-criterion decision analysis with fuzzy pairwise comparisons. *Fuzzy Sets and Systems* 86, 129-138.
- [8] Goldberg, D.E., Deb, K. (1991). A comparison of selection schemes used in genetic algorithms, in: *Foundations of Genetic Algorithms 1*, FOGA- 1, 1 69-93.
- [9] Javanbarg, M., Scawthorn, C., Kiyono, J., Shahbodaghkhan, B. (2012). Fuzzy AHP-based multicriteria decision making systems using particle swarm optimization, *Expert Systems with Applications* 39, 960-966.
- [10] Kahraman, C., Cebeci, U., Ruan, D. (2004). Multi-attribute comparison of catering service companies using fuzzy AHP: The case of Turkey, *International Journal of Production Economics* 87, 171-184.
- [11] Ke, H., Ma, W., Ma, J. (2012). Solving project scheduling problem with the philosophy of fuzzy random programming. *Fuzzy Optimization and Decision Making* 11 (3) 269-284.
- [12] Kumanan, S., Jose, G., Raja, K. (2006). Multi-project scheduling using an heuristic and genetic algorithm, *International Journal of Advanced Manufacturing Technology* 31 (3-4), 360-366.
- [13] Kwak, H.G., Kim, J. (2009). An integrated genetic algorithm complemented with direct search for optimum design of RC frames, *Computer-Aided Design* 41 (7), 490-500.
- [14] Mikhailov, L. (2003). Deriving priorities from fuzzy pairwise comparison judgments, *Fuzzy Sets and Systems* 134, 365-385.
- [15] Saaty, T.L. (1988). *Multicriteria Decision Making: The Analytic Hierarchy Process*. RWS Publications, Pittsburgh.
- [16] Triantaphyllou, E., & Lin, C. T. (1996). Development and evaluation of five fuzzy multiattribute decision-making methods. *International Journal of Approximate Reasoning* 14 (4), 281-310.
- [17] Van Laarhoven, P.J.M., Pedrycz, W. (1983). A fuzzy extension of Saaty's priority theory, *Fuzzy Sets and Systems* 11 (1-3), 229-241.
- [18] وانگ, Y.M., Elhag, T.M.S., Hua, Z. (2006). A modified fuzzy logarithmic least squares method for fuzzy analytic hierarchy process, *Fuzzy sets and systems* 157 (23), 3055-3071.
- [19] وانگ, Y.M., Luo, Y., Hua, Z. (2008). On the extent analysis method for fuzzy AHP and its applications, *European Journal of Operational Research* 186, 735-747.
- [20] Xu, R., Zhai, X. (1996). Fuzzy logarithmic least squares ranking method in analytic hierarchy process, *Fuzzy Sets and Systems* 77 (2), 175-190.
- [21] Yun, Y. (2006). Hybrid genetic algorithm with adaptive local search scheme, *Computers and Industrial Engineering* 51 (1), W128-141.
- [22] Zhang, R. Wu, C. (2009). Bottleneck identification procedures for the job shop scheduling problem with application to genetic algorithms, *International Journal of Advanced Manufacturing Technology* 42 (11-12), 1153-1164.
- [23] Zhou, C., Lin, Z., Liu, C. (2008). Customer-driven product configuration optimization for assemble-to-order manufacturing enterprises, *International Journal of Advanced Manufacturing Technology* 38, 185-194.

این مسئله با استفاده از روش پیشنهادی برابر است با  $w_1=0.3070$ ،  $w_2=0.6167$ ،  $w_3=0.0761$ . لازم به توضیح است که این مسئله با استفاده از روش چانگ [۵] و وانگ و همکارانش [۱۸] به دلیل اینکه قضاوت‌ها در قالب اعداد فازی دوزنقه‌ای مطرح شده‌اند قابل حل نیست.

#### ۶- نتیجه گیری

روش‌های مختلفی جهت رویارویی با قضاوت‌های غیر دقیق تصمیم‌گیرندگان در روش فرآیند تحلیل سلسله مراتبی ارائه شده است. اغلب روش‌هایی که امکان در نظرگیری قضاوت‌های غیر دقیق را در قالب اعداد فازی به تحلیلگر می‌دهند، وزن‌های نسبی و نهایی عناصر را در قالب اعداد فازی محاسبه و ارائه می‌کنند، که این امر محاسبات اضافی فازی و رتبه‌بندی اعداد فازی را در پی دارد و همچنین غالباً وزن‌های فازی نهایی آلترناتیوها همپوشانی زیادی با یکدیگر خواهند داشت. به علاوه، از آنجایی که از روش‌های مختلفی جهت محاسبات فازی و همچنین رتبه‌بندی اعداد فازی می‌توان استفاده کرد، در برخی مسائل نمی‌توان به رتبه‌بندی منحصر به فردی دست یافت. از این رو این مقاله به ارائه یک رویکرد جدید جهت استخراج وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی می‌پردازد. جهت این امر یک مدل بهینه‌سازی غیر خطی حداقل مربعات لگاریتمی فازی تجدید نظر شده ارائه شده است که با حل این مدل، وزن‌های قطعی از ماتریس‌های مقایسات زوجی فازی استخراج می‌شود و همچنین جهت حل این مدل ریاضی، یک چهارچوب مبتنی بر الگوریتم ژنتیک ارائه شده است. نتایج محاسباتی مقایسه الگوریتم پیشنهادی این مقاله با دو روش شناخته شده تحلیل فراخ و روش حداقل مربعات لگاریتمی فازی تجدید نظر شده نشان دهنده این است که نسبت اوزان روش پیشنهادی این مقاله انحراف کمتری از قضاوت‌های اولیه دارد و بنابراین روش پیشنهادی این مقاله قضاوت‌های اولیه را بهتر از دو روش مذکور ارضا می‌کند.

قدردانی:

نویسنده لازم می‌داند از دانشگاه آزاد اسلامی واحد قزوین به جهت حمایت مالی این تحقیق تحت قرارداد به شماره ۱۲۷-۹۱ تشکر نماید.

#### ۷- منابع و مآخذ

- [1] Amiri, M., Mohtashami, A. (2011). Buffer allocation in unreliable production lines based on design of experiments simulation and genetic algorithm, *International Journal of Advanced Manufacturing Technology*, 62 (1-4), 371-383.
- [2] Boender, C.G.E., De Graan, J.G., Lootsma, F.A. (1989). Multi-criteria decision analysis with fuzzy pairwise comparisons, *Fuzzy Sets and Systems* 29 (2), 133-143.
- [3] Bortolan, G., & Degani, R. (1985). A review of some methods for ranking fuzzy subsets. *Fuzzy Sets and Systems* 15, 1-19.
- [4] Buckley, J.J. (1985). Fuzzy hierarchical analysis, *Fuzzy Sets and Systems* 17 (3), 233-247.
- [5] چانگ, D.Y. (1996). Applications of the extent analysis method on fuzzy AHP, *European Journal of Operational Research* 95 (3), 649-655.
- [6] Duenas, A., Petrovic, D. (2006). Multi-objective genetic algorithm for single machine scheduling problem under fuzziness, *Fuzzy Optimization and Decision Making* 7 (1), 87-104.