

کاربرد الگوریتم ژنتیک در ترکیب پیش‌بینی‌های تورم

محمد اخباری

محقق اداره بررسی‌ها و سیاست‌های اقتصادی بانک مرکزی ج.ا.ا. mohakhbari@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۳۸۶/۱۱/۹ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۷/۹/۱۰

چکیده

پیش‌بینی تورم به عنوان یکی از الزامات سیاست‌گذاری پولی در کشورهای تبدیل شده است که مقامات پولی آن‌ها سیاست هدف‌گذاری تورم را تعقیب می‌کنند. چرا که به واسطه استقلال بانک مرکزی از سویی و واگذاری سیاست‌گذاری پولی به این نهاد و از سویی دیگر به واسطه این‌که به‌طور عمده سیاست‌گذاری پولی با وقفه بر روی تورم تأثیرگذار است، لذا مقام پولی می‌بایستی تصویر مناسبی نسبت به تورم آینده داشته باشد، تا با سیاست‌گذاری از قبل بتواند در مسیر هدف‌گذاری انجام رفته حرکت کند.

در این بین، به‌واسطه محدودیت‌هایی که مدل‌های منفرد پیش‌بینی تورم به همراه دارند، از مدل‌های مختلفی در پیش‌بینی تورم استفاده می‌شود، که هر یک از جهاتی نسبت به دیگر مدل‌ها دارای نقاط قوت و ضعفی هستند. یکی از راه‌های استفاده از تمامی اطلاعات موجود در پیش‌بینی تورم، ترکیب مدل‌های مختلف پیش‌بینی است، که در گزارش حاضر از رویکرد ابتکاری الگوریتم ژنتیک، به منظور ترکیب نتایج پیش‌بینی تورم مدل برای چهار فصل سال ۱۳۸۶ استفاده شده است.

طبقه‌بندی JEL: E37 C53 C13

کلید واژه: ترکیب پیش‌بینی‌ها، الگوریتم ژنتیک، بهینه‌یابی

۱- مقدمه

پیش‌بینی تورم و نیز انتشار گزارش‌های تورم (که معمولاً در آن‌ها تورم پیش‌بینی شده ارائه می‌شود) به‌عنوان یکی از الزامات سیاست‌گذاری پولی در کشورهای تبدیل شده است که مقامات پولی آن‌ها سیاست هدف‌گذاری تورم را تعقیب می‌کنند، چرا که

به واسطه استقلال بانک مرکزی از سویی و واگذاری سیاست‌گذاری پولی به این نهاد و از سویی دیگر به واسطه این که به طور عمده سیاست‌گذاری پولی با وقفه بر روی تورم تأثیرگذار است، لذا مقام پولی می‌بایستی تصویری مناسبی نسبت به تورم آینده داشته باشد، تا با سیاست‌گذاری از قبل بتواند در مسیر هدف‌گذاری انجام رفته حرکت کند.

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

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

مقاله حاضر به این صورت ادامه می‌یابد که در بخش دوم، دلایل ترکیب مدل‌های پیش‌بینی ارائه می‌شود. در بخش سوم، به طور مختصر به مدل‌های آماری ترکیب پیش‌بینی‌ها اشاره می‌شود. در بخش چهارم، مبانی نظری الگوریتم ژنتیک بیان می‌شود. بخش پنجم، به الگوریتم پیشنهادی درباره ترکیب پیش‌بینی‌های تورم اختصاص دارد. در بخش ششم، نتایج حاصل از ترکیب پیش‌بینی‌های تورم ارائه می‌شود و در خاتمه نتیجه‌گیری از مباحث مطرح شده در بخش هفتم بیان می‌شود.

۲- دلایل ترکیب مدل‌های پیش‌بینی

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

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

ترکیب پیش‌بینی‌ها به طور موفقیت‌آمیزی در کارهای تجربی نظیر پیش‌بینی تولید ناخالص داخلی، بی‌ثباتی بازار ارز، تورم، عرضه پول، قیمت سهام، جمعیت شهری، نتایج بازی فوتبال و نظایر آن‌ها به کار برده شده‌اند (کلمن (۱۹۸۹)). کلمن (۱۹۸۹)، شواهد شبیه‌سازی و تجربی مربوط به ادبیات ترکیبات پیش‌بینی را ارائه می‌دهد. وی اشاره دارد که ترکیب پیش‌بینی‌های مختلف منجر به افزایش دقت پیش‌بینی می‌شود. هم‌چنین وی معتقد است که در بسیاری از موارد فرد می‌تواند بهبودهای عملکردی قابل توجهی را با میانگین‌گیری ساده از پیش‌بینی‌ها مشاهده کند. ماکریداکیس و هیبون (۲۰۰۰)، نیز این‌گونه نتیجه‌گیری می‌کنند، که به طور متوسط دقت پیش‌بینی هنگام ترکیب روش‌های مختلف، نسبت به روش‌های منفرد بیش‌تر است. به طور مشابه استوک و واتسون (۲۰۰۱، ۲۰۰۴)، یک مطالعه جامع را در مورد بسیاری از متغیرهای مالی و

اقتصادی با استفاده از مدل‌های پیش‌بینی خطی و غیرخطی انجام داده و نشان دادند که به طور متوسط یک کاسه کردن پیش‌بینی‌ها، پیش‌بینی‌های ناشی از یک مدل را بهبود می‌بخشد. تحلیل‌های آن‌ها توسط مارسلانیو (۲۰۰۴)، برای مجموعه داده‌های اروپا بسط داده شد و وی به همان نتیجه‌گیری استوک و واتسون رسید.

استدلال‌های مختلفی درباره ترکیب پیش‌بینی‌ها ارائه شده است، که یکی از آن‌ها توسط بیس و گرنجر (۱۹۶۹) مطرح شده است و به منفعت ناشی از ایجاد تنوع در پورتفوی می‌پردازد. بر این اساس، اشاره می‌شود با توجه به این که پیش‌بینی‌های منفرد اولیه برای استفاده کننده از پیش‌بینی نهایی (پس از ترکیب) قابل مشاهده نیست. در این وضعیت، یک کاسه کردن مجموعه اطلاعات به گونه‌ای که حاوی تمامی متغیرها باشد و در نهایت ساخت یک مدل برتر که مدل‌های پیش‌بینی را در خود جای دهد، عملی نیست. برای مثال، فرض کنید تنها دو پیش‌بینی \hat{Y}_1 و \hat{Y}_2 از متغیر y موجود است، اولین پیش‌بینی مبتنی بر متغیرهای X_1 و X_2 است، یعنی $\hat{Y}_1 = g_1(X_1, X_2)$ ، در حالی که پیش‌بینی دوم مبتنی بر متغیرهای X_3 و X_4 است، یعنی $\hat{Y}_2 = g_2(X_3, X_4)$. بار دیگر فرض کنید که تمامی متغیرها با وزن‌های غیرصفر در پیش‌بینی‌ها وارد می‌شوند و متغیرهای x به طور ناقص همبسته هستند. اگر تمامی متغیرها یعنی $\{X_1, X_2, X_3, X_4\}$ ، قابل مشاهده باشند، طبیعی است که می‌توان یک مدل پیش‌بینی مبتنی بر تمامی چهار متغیر طراحی کرد، به طوری که $\hat{Y}_3 = g_3(X_1, X_2, X_3, X_4)$. اما در صورتی که تنها پیش‌بینی‌های \hat{Y}_1 و \hat{Y}_2 برای استفاده کننده از پیش‌بینی قابل مشاهده باشد (در حالی که متغیرهای x قابل مشاهده نباشند)، در نتیجه تنها گزینه عبارت از ترکیب این دو پیش‌بینی خواهد بود به عبارت دیگر استخراج مدلی از نوع $\hat{Y} = g_c(\hat{Y}_1, \hat{Y}_2)$. به طور کلی تر، مجموعه اطلاعات استفاده کننده از پیش‌بینی، F ، ممکن است شامل n پیش‌بینی منفرد باشد، یعنی $F = \{y_1, \dots, y_n\}$ ، به طوری که F غالباً اجتماعی از مجموعه اطلاعات مربوط به پیش‌بینی‌های منفرد، $\bigcup_{i=1}^n F_i$ نیست، اما زیرمجموعه کوچک تری از آن است. البته، هر چه درجه هم‌پوشانی در مجموعه‌های اطلاعات استفاده شده در تولید پیش‌بینی‌های مورد بررسی بیشتر باشد، از احتمال مفید بودن ترکیب پیش‌بینی‌ها، کاسته می‌شود (برای مثال می‌توانید کلمن (۱۹۸۷) را ببینید).

استدلال دوم، به مطالعات فیگلسوسکی و یوریچ (۱۹۸۳)، کانگ (۱۹۸۶)، دیبولد و پاولی (۱۹۸۷)، ماکریداکیس (۱۹۸۹)، سشنس و چاترجی (۱۹۸۹)، وینکلر (۱۹۸۹)، هندری و کلمنتس (۲۰۰۲) و ایولفی و تیمرمن (۲۰۰۶) و هم‌چنین بیتس و گرنجر (۱۹۶۹)، ارجاع داده می‌شود و آن این است که پیش‌بینی‌های منفرد ممکن است به صورت‌های بسیار متفاوتی تحت تأثیر "شکست‌های ساختاری" نظیر تحولات نهادی و تحولات تکنولوژیکی، قرار گیرند. برخی از مدل‌ها ممکن است به سرعت اقتباس یابند و به صورت موقتی تحت تأثیر شکست‌های ساختاری قرار گیرند، در حالی که دیگر مدل‌ها پارامترهایی دارند که تنها به صورت بسیار آهسته با در نظر گرفتن داده‌های جدید پس از وقوع شکست (ساختاری یا تکنولوژیکی)، تعدیل می‌شوند. چنان‌چه داده‌های پیش‌تری پس از آخرین شکست ساختاری وجود داشته باشد و پارامترهای مدل با اقتباس آهسته با دقت زیادی تخمین زده شده باش، مدل‌های مذکور نسبت به مدل‌های با اقتباس سریع از عملکرد بهتری برخوردار خواهند بود. اما در صورتی که داده‌های اندکی پس از آخرین شکست ساختاری در دسترس باشد، انتظار می‌رود که مدلی که به سرعت تعدیل می‌شوند، عملکرد پیش‌بینی بهتری داشته باشند. از آنجا که تشخیص سریع شکست‌های ساختاری دشوار است، منطقی است تا از ترکیب پیش‌بینی استفاده شود، این موضوع توسط پسران و تیمرمن (۲۰۰۷) نیز تایید شده است.

استدلال سوم، عبارت است از این‌که مدل‌های پیش‌بینی منفرد ممکن است دارای تورش تصریح از منظر ناشناخته بودن شکل تبعی مدل باشند، موضوعی که به‌طور خاص توسط کلمن (۱۹۸۹)، ماکریداکیس (۱۹۸۹)، دیبولد و لویز (۱۹۹۶) و استوک و واتسون (۲۰۰۱، ۲۰۰۴)، مورد تأکید قرار گرفته است. ترکیب پیش‌بینی‌های مربوط به مدل‌های متفاوت، می‌تواند به‌عنوان راهی برای ساخت یک پیش‌بینی قدرتمندتر در مقابل تصریحات اشتباه و خطاهای اندازه‌گیری در مجموعه داده‌های پیش‌بینی‌های منفرد شناخته شود.

استدلال چهارم، عبارت است از این‌که پیش‌بینی‌های موجود ممکن است مبتنی بر توابع زیان متفاوتی باشند. این استدلال حتی در صورتی که پیش‌بینی‌کنندگان،

-
- 1- Structural Breaks .
 - 2- Adapt quickly.
 - 3- New post-break data.
 - 4- Slowly adapting models.
 - 5- Real time.

مجموعه اطلاعات یکسانی را مشاهده کننده نیز برقرار است. برای مثال، فرض کنید پیش‌بینی کننده A به شدت نسبت به خطاهای پیش‌بینی منفی، ناخشنود باشد در حالی که پیش‌بینی کننده B نسبت به خطاهای پیش‌بینی مثبت این احساس را داشته باشد. در این مورد، پیش‌بینی کننده A احتمالاً متغیر مورد نظر را کم‌تر پیش‌بینی می‌کند (بنابراین، توزیع خطای پیش‌بینی دارای ارزش‌های مثبت خواهد بود)، در حالی که پیش‌بینی کننده B آن را رو به بالا پیش‌بینی می‌کند. در این شرایط، همان‌طور که کریستوفرسن و دیبولد (۱۹۹۷) و زلنر (۱۹۸۶)، اشاره داشته‌اند، ترکیب پیش‌بینی‌ها نتایج مطلوب‌تری به دست خواهد داد.

۳- مدل‌های آماری در ترکیب رویکردها

در این بخش به صورت مختصر به پیچیدگی‌هایی که روش‌های آماری در تعیین ترکیب مناسب برای رویکردها با آن مواجه‌اند، اشاره می‌شود.

فرض کنید، مسئله‌ای با دو رویکرد پیش‌بینی (۷) در دست باشد، در این حالت در مورد خطای رویکرد اول خواهیم داشت $e_1 = y - \hat{y}_1$ و درباره رویکرد دوم $e_2 = y - \hat{y}_2$. فرض کنید که خطاهای پیش‌بینی بدون تورش باشند، در نتیجه خواهیم داشت:

$$e_1 \sim (0, \sigma_1^2), e_2 \sim (0, \sigma_2^2) \text{ به طوری که:}$$

$$\sigma_{12} = \rho_{12}\sigma_1\sigma_2 \quad \sigma_1^2 = \text{var}(e_1), \sigma_2^2 = \text{var}(e_2).$$

عبارت است از کواریانس بین e_1 و e_2 و ρ_{12} نیز نشان دهنده ضریب همبستگی بین این دو است. از سوی دیگر قیدی برقرار است که بر اساس آن جمع وزن‌های ترکیب برابر یک باشند، در این صورت وزن مربوط به پیش‌بینی رویکرد اول و دوم به ترتیب عبارتند از $(\omega, 1-\omega)$. خطای پیش‌بینی برای مدل ترکیبی نیز عبارت خواهد بود از:

$$e^c = y - \omega\hat{y}_1 - (1-\omega)\hat{y}_2$$

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

در نتیجه واریانس خطای مدل ترکیبی عبارت خواهد بود از:

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

لازم به ذکر است با توجه به فرضیات، کمینه کردن میزان واریانس، معادل با کمینه کردن میانگین مربع خطاست.

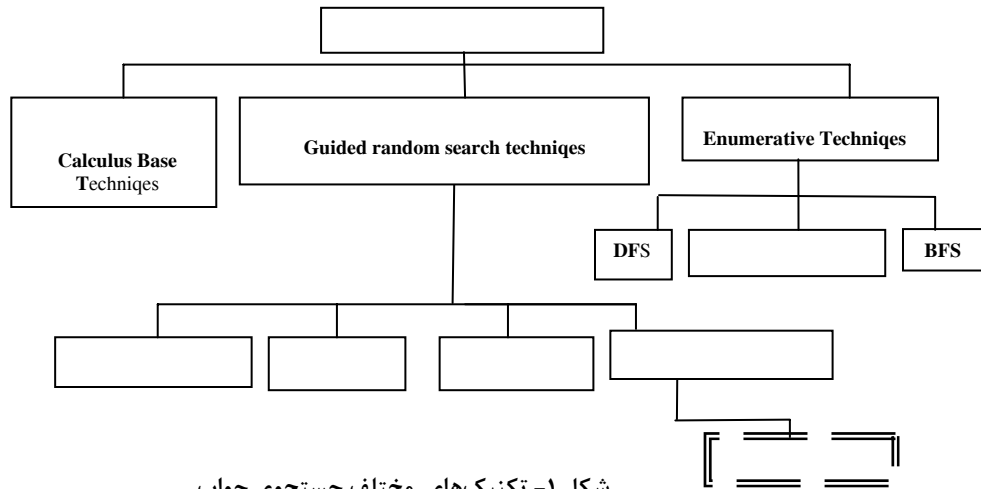
با مشتق‌گیری از رابطه (۲) نسبت به ω و برابر با صفر قرار دادن آن، خواهیم داشت:

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

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

همان‌طور که دیده می‌شود، وزن بیش‌تر به مدل‌هایی اختصاص می‌یابد که پیش‌بینی‌های دقیق‌تری به دست دهند (واریانس‌های خطای پیش‌بینی کم‌تری داشته باشند).

در صورتی که تعداد رویکردهای پیش‌بینی بیش از دو باشد، حل مسئله به حل یک دستگاه معادلات تبدیل می‌شود که از پیچیدگی‌های بسیاری برخوردار است. با توجه به مشکلاتی که در استخراج وزن‌ها با استفاده از رویکردهایی نظیر رویکرد فوق وجود دارد، در مقاله حاضر از الگوریتم ژنتیک که جزو تکنیک‌های جستجوی تصادفی است، برای محاسبه وزن‌های ترکیبی استفاده می‌شود (شکل ۱).



شکل ۱- تکنیک‌های مختلف جستجوی جواب

۴- الگوریتم ژنتیک

ایده محاسبه تکاملی در دهه ۱۹۶۰ توسط رچنبرگ، در کتابی با عنوان "استراتژی‌های تکامل" معرفی شد. سپس ایده وی توسط سایر محققان بسط یافت.

1 - Evolutionary Computing.

2- Rechenberg.

3- Evolution Strategies.

الگوریتم ژنتیک که مبتنی بر محاسبات تکاملی است، اولین بار توسط جان هالند (۱۹۷۵) مطرح شد و سپس توسط جان کوزا (۱۹۹۲)، عمومیت یافت. الگوریتم ژنتیک، یک مدل محاسباتی احتمالی است که از تئوری‌های تکامل بیولوژیکی، از قبیل وراثت ژنتیک و اصل تناظر بقای داروین، بهره می‌برد. الگوریتم ژنتیک روش‌های جستجوی کاملاً موازی را برای مسائل پیچیده بهینه‌سازی ارائه می‌کند.

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

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

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

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

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

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

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

۳- الگوریتم ژنتیک انعطاف پذیری بالایی را برای تلفیق با تکنیک‌های ابتکاری فراهم می‌کند و از این طریق کارا و مؤثر، حل یک مسئله را میسر می‌کند.

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

- جمعیت اولیه: یک مجموعه اولیه از اعضا (کروموزم‌ها)، که معمولاً به صورت رشته‌هایی از ژن‌ها (بیت‌ها) کد می‌شوند و جواب‌هایی از مسئله را ارائه می‌کنند.
- تابع برازش: روشی برای اندازه‌گیری میزان برازندگی هر عضو (جواب) است.
- انتخاب: فرایندی برای گزینش اعضای مناسب برای تولید و ترکیب مجدد است.
- عملگرهای ژنتیک: که برای تولید اعضای جدید و تکامل تدریجی به کار می‌روند.

الگوریتم مذکور دارای چرخه‌ای مشابه شکل (۲) است. اولین مرحله ایجاد جمعیت اولیه از کروموزم‌ها به صورت تصادفی می‌باشد. سپس میزان برازندگی هر یک از اعضا (کروموزم‌ها) در جمعیت، ارزیابی و تعیین می‌گردد و مرحله انتخاب بر اساس میزان برازندگی اعضا انجام می‌پذیرد. یعنی تعدادی از برازنده‌ترین کروموزم‌ها برای تولید مجدد انتخاب می‌گردند. در انتها عملگرهای ژنتیک (تقاطع و جهشی) اعضای انتخاب شده را مورد عمل قرار می‌دهند. بدین صورت که کدهای ژنتیک آن‌ها را اصلاح و ترکیب می‌کنند. این چرخه وقتی یک بار انجام می‌گیرد یک نسل نامیده می‌شود و تا رسیدن به شرط توقف حلقه مراحل فوق مرتباً تکرار می‌گردند. می‌توان مراحل این الگوریتم را به صورت جزئی‌تر به صورت شکل (۳) بیان است.

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

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

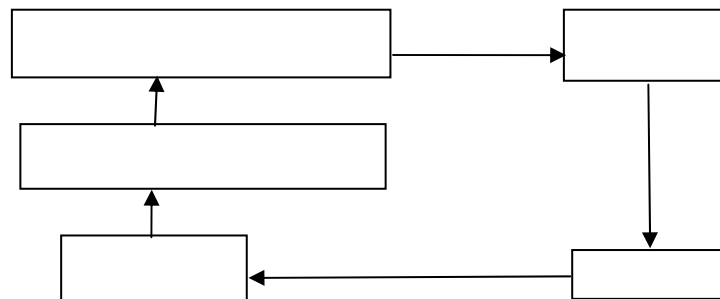
انتخاب: انتخاب کروموزوم‌های والد از میان جمعیت اولیه به طور تصادفی انجام می‌گیرد با این توضیح که جواب‌هایی که دارای ارزش برازندگی بالاتری می‌باشند امکان انتخاب بیشتری دارند. به عبارت دیگر انتخاب جواب‌های بهتر به جواب‌های بدتر ترجیح دارد که بسیاری از روش‌های انتخاب از جمله *stochastic roulette-wheel* بر اساس این ایده عمل می‌کنند.

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

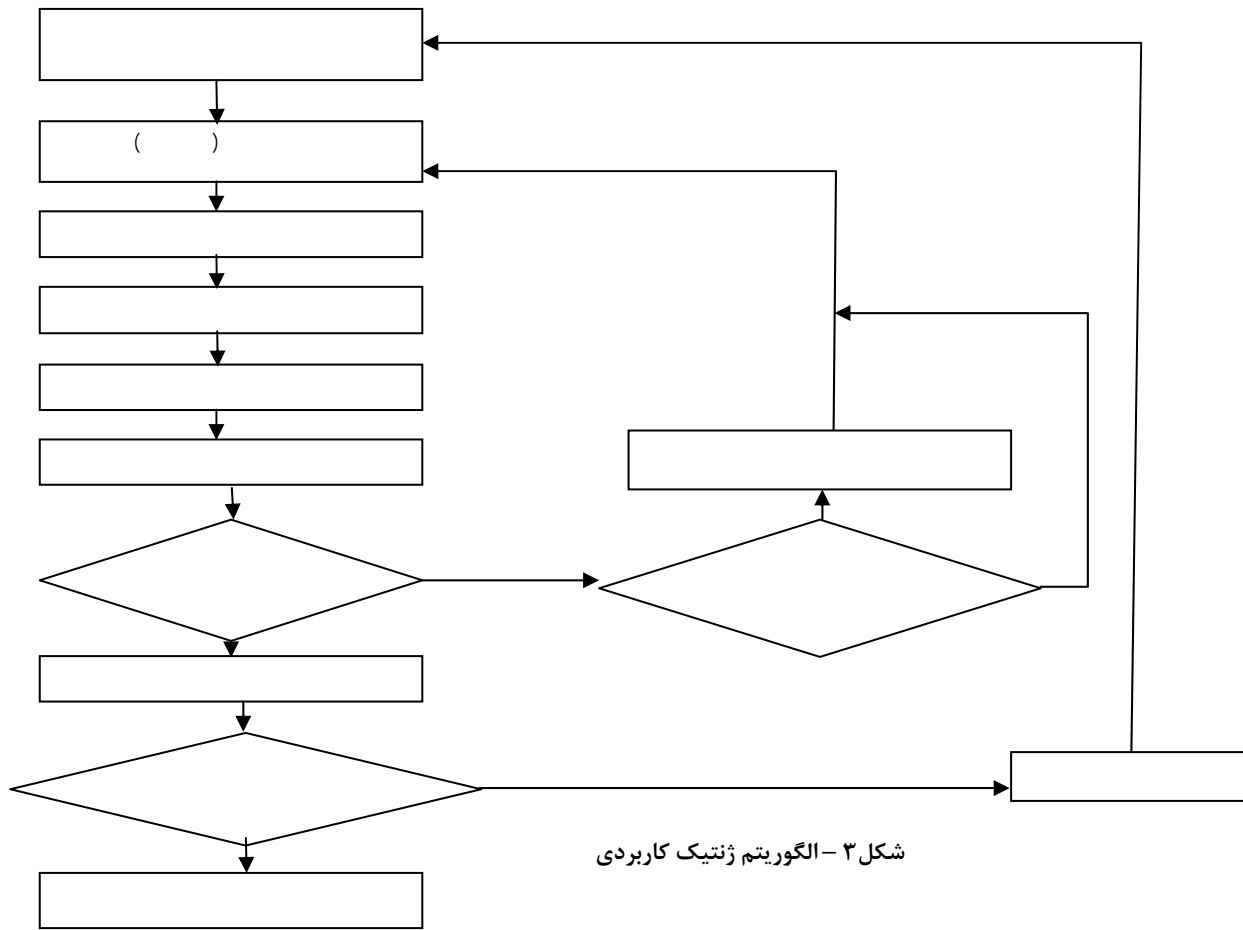
عملگر جهشی: پس از اجرای عملگر تقاطعی روی کروموزم‌های والد، عملگر جهشی به‌طور تصادفی (اغلب $P_{mu} < 0.2$). روی آن‌ها اعمال می‌شود. البته لازم به ذکر است که هرگاه میزان هم‌گرایی در جمعیت از مقدار معلومی بیش‌تر گردد، احتمال جهش در آن نسل افزایش می‌یابد. جهش انواع مختلفی دارد، ولی بیش‌تر آن‌ها به صورتی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

جای‌گذاری جمعیت: پس از آن‌که جمعیت جدیدی از جواب‌ها در فرایند انتخاب، ترکیب و جهش به وجود آمد. این جمعیت با جمعیت قبلی عوض می‌شود. روش‌های مختلفی برای این جابه‌جایی مانند Delete all، steady-state، و...، در الگوریتم‌های ژنتیک به کار می‌روند. در روش Delete all، تمامی جمعیت قبلی از بین رفته و جمعیت جدید جای‌گذاری می‌شود. در روش steady-state، تعدادی از جمعیت اولیه که دارای برزندگی کم‌تری هستند، از بین رفته و جمعیت جدید با ارزش برزندگی بالاتر جایگزین آن‌ها می‌شوند.

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



شکل ۲- چرخه الگوریتم ژنتیک



شکل ۳ - الگوریتم ژنتیک کاربردی

۵- الگوریتم ژنتیک پیشنهادی

در الگوریتم ژنتیک ترکیب‌های مختلفی از ژن‌ها توسط عملگرهای ژنی شکل می‌گیرند، تا در نتیجه این تغییرات کروموزم‌ها به جواب بهینه نزدیک شوند. سه نوع عملگر ژنی: تقاطعی، جهشی، و بازآفرینی وجود دارند. عملگر تقاطعی، شامل دو کروموزم است که با یکدیگر ترکیب شده و دو کروموزم دیگر را به وجود می‌آورند. عملگر جهشی، روی یک کروموزم عمل کرده و تغییر تصادفی روی آن ایجاد می‌کند و ترکیبی جدید از ژن‌ها را به وجود می‌آورد. و در حالتی که می‌خواهیم از محدوده‌ای از جواب‌ها جهش کنیم و به جواب‌هایی جدیدتر برسیم، از آن بهره می‌گیریم. عملگر دیگر بازآفرینی است که این عملگر به طور تصادفی یک کروموزم از جمعیت قبل انتخاب کرده و به نسل بعدی انتقال می‌دهد.

الگوریتم ژنتیک مورد بحث، ابتدا تعدادی جواب اولیه را به صورت تصادفی تولید می‌کند. از آنجایی که انتخاب وزن‌های مناسب اولیه تأثیر بسزایی در پاسخ نهایی الگوریتم دارد، از بین جواب‌های به دست آمده تنها جواب‌هایی را به عنوان جمعیت اولیه انتخاب می‌کند که دارای هزینه (برازندگی) قابل قبولی باشند. جواب‌های اولیه انتخابی به صورت کروموزم در می‌آیند. و کروموزم‌هایی به صورت تصادفی (بر اساس احتمال‌هایی مبتنی بر برازندگی) از بین آن‌ها برای تولید نسل بعدی انتخاب می‌شوند. در تولید نسل بعدی هر یک از عملگرها به صورت تصادفی روی کروموزم‌های انتخابی اعمال شده و در حین تولید هر نسل بهترین کروموزم انتخاب می‌شود.

در روش الگوریتم ژنتیک پیشنهادی، میانگین مربعات خطا (MSE) به عنوان تابع زیان در نظر گرفته می‌شود و با استفاده از یک فرایند تکراری، وزن هر یک از رویکردهای پیش‌بینی که کروموزوم‌های الگوریتم پیشنهادی را تشکیل می‌دهند، به روز (Update) می‌شود و این فرایند با به کارگیری عملگرهای ژنی تا آنجا ادامه می‌یابد که میزان خطا یا تابع زیان به میزان مطلوبی کاهش یابد و در نهایت بهترین کروموزم‌ها یا همان وزن‌های پیش‌بینی‌ها به دست می‌آیند. لازم به ذکر است نگارش الگوریتم مذکور با استفاده از زبان برنامه نویسی VB در محیط نرم افزار Excel انجام گرفته است.

1- Crossover.
2- Mutation.
3- Reproduction.

()

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

۵-۲- عملگرهای ژنی

۵-۲-۱- عملگر تقاطعی

در عملگر تقاطعی، دو کرموزوم w_1 و w_2 از جمعیت موجود (با K عضو) به صورت تصادفی انتخاب می‌شوند. که هر کرموزوم $w_i (i=1,2,\dots,K)$ دارای n ژن برابر با تعداد وزن‌ها $(w_i = \{w_i(j) | j=1,2,\dots,n\})$ است. با استفاده از این دو کرموزوم والد، دو فرزند تولید می‌شوند.

روش اول:

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

روش دوم:

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

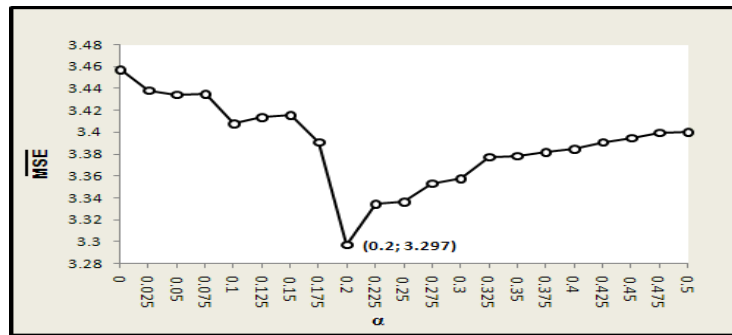
$$w''_1 = \frac{w'_1}{\sum_{1 \leq j \leq n} w'_1(j)},$$

$$w''_2 = \frac{w'_2}{\sum_{1 \leq j \leq n} w'_2(j)}.$$

در روابط فوق، α می‌تواند عددی ثابت یا تصادفی باشد و w''_1 و w''_2 نیز دو فرزند جدید به دست آمده از عملگر تقاطعی‌اند.

در مقاله حاضر هر دو روش فوق مورد بررسی قرار گرفت و با توجه به این‌که روش دوم نتایج مطلوب‌تری به دست می‌داد، لذا این روش بر روش اول ترجیح داده شد. لازم به ذکر است، احتمال اجرای عملگر ترکیبی برابر با ۰.۹۵ در نظر گرفته شد و سپس برای تعیین α ، مقادیر مختلف آن با توجه به شکل (۴) مورد بررسی قرار گرفت. با در نظر گرفتن هر یک از مقادیر α ، برنامه ۱۰ بار اجرا شد و میانگین MSE‌های به دست

آمده به عنوان شاخص برتری ضریب در نظر گرفته شد. همان‌طور که در شکل (۴) مشاهده می‌شود، میانگین MSE در $\alpha = 0.2$ با مقدار ۳.۲۹۷ کمینه می‌شود، لذا مقدار این پارامتر ۰.۲ در نظر گرفته شد.



شکل ۴ - تحلیل حساسیت α

ذکر است که در رابطه با تنظیم پارامترهای مدل لازم به با توجه به تأثیر متقابل پارامترهای متعدد، یافتن مقادیر بهینه برای هر یک از پارامترها به مسأله بسیار دشواری تبدیل می‌شود که در برابر هدف اصلی استفاده از رویکردهای جستجوی تصادفی جهت مسأله قرار می‌گیرد، لذا عموماً برای تنظیم پارامترهای مدل‌هایی نظیر مسأله حاضر، بر اساس تجربیات گذشته برای چند پارامتر مدل شامل احتمال اجرای عملگرهای ترکیبی و جهشی و تعداد جمعیت اولیه و تعداد تولید نسل، مقادیر مناسبی در نظر گرفته می‌شود و سپس سایر پارامترها مانند ضرایب ترکیبی و جهشی جهت کمینه کردن MSE تنظیم می‌شوند. هر چند ممکن است پارامترهای در نظر گرفته شده بهینه نباشند، ولی مطلوب هستند (کیلی و همکاران (۲۰۰۶)).

۵-۲-۲ - عملگر جهشی

عملگر جهشی بر روی هر یک از عناصر جمعیت به صورت احتمالی اعمال می‌شود. به این صورت که یک ژن به صورت تصادفی از بین ژن‌ها انتخاب و مقداری تصادفی به آن اضافه می‌شود و یک کروموزم جدید به صورت ذیل تولید می‌شود:

$$w'(j) = w_1(j) + \text{rnd},$$

$$w'' = \frac{w'}{\sum_{1 \leq i \leq n} w'(i)}.$$

and عددی تصادفی با توزیع نرمال استاندارد است، z ، ژنی است که به صورت تصادفی انتخاب می‌شود و w کروموزم به دست آمده از عملگر جهشی است. در الگوریتم ژنتیک پیشنهادی، احتمال جهش برابر با ۰.۲ در نظر گرفته شد. با این توضیح که هرگاه میزان شاخص هم‌گرایی در جمعیت از ۰.۸ بیش‌تر شد، احتمال جهش در نسل بعدی به ۰.۸ افزایش یابد.

۵-۳- تابع برازندگی

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

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

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

که در آن:

$P(k)$: احتمال انتخاب کروموزم k ام

M : اندازه جمعیت

MSE_i : میانگین مربعات خطای متناظر با کروموزم i ام

$\max_i(MSE_i)$: MSE

z : تعداد فصول حل مدل (in sample)

n : تعداد رویکردهای پیش‌بینی

۵-۴- هم‌گرایی

در الگوریتم ژنتیک به منظور فرار از قرار گرفتن در یک بهینه محلی و پوشش نواحی گسترده‌ای از فضای جواب، شاخصی با عنوان شاخص هم‌گرایی، مطرح می‌شود. این شاخص برابر با نسبت تابع برازندگی بهترین جواب در هر جمعیت، نسبت به میانگین توابع برازندگی در کل آن جمعیت است. اگر این شاخص به ۱ میل کند، بدین معناست که جواب‌های موجود در جمعیت به یکدیگر نزدیک هستند و در صورت عدم اعمال عملگر جهشی روی اعضای آن (با احتمال ۰.۸) و تنها اجرای عملگر ترکیبی، امکان قرار گرفتن در یک بهینه محلی افزایش می‌یابد (دو والد مشابه، فرزندان مشابه به خود و یکدیگر را نتیجه می‌دهند) و به عبارت دیگر هرگاه میزان این شاخص از مقدار از پیش تعیین شده‌ای، در اینجا، $u=0/8$ ، بیش‌تر شود، نشان‌دهنده خطر قرار گرفتن در یک بهینه محلی است. از این‌رو، میزان احتمال جهش افزایش می‌یابد، تا با تغییر تصادفی در کروموزم‌های والد، فضای گسترده‌تری از جواب جستجو شود. در بخش نتایج، مقایسه‌ای بین دو فرایند جستجوی یکسان با در نظر گرفتن هم‌گرایی و عدم آن، انجام گرفته است.

۵-۵- اندازه جمعیت

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

۶- نتایج مدل

در بررسی حاضر از پیش‌بینی‌های تورم که با استفاده از شش رویکرد مختلف انجام گرفته استفاده شده است. این رویکردها عبارتند از: رویکرد قیمت‌دارایی‌ها، تقاضای

پول، اثر میان گذر نرخ ارز، قیمت‌های نسبی، تقاضای شرطی پول و بیکاری همراه با تورم غیرشتابان (NAIRU). پس از حل مدل، از هر یک از مدل‌های فوق برای ۱۶ فصل از فصل اول ۱۳۸۲ تا فصل چهارم ۱۳۸۵ پیش‌بینی درون‌نمونه‌ای (in sample) گرفته شده، که نتایج مربوطه آن در جدول (۱) آمده است.

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

()							
NAIRU						CPI	
۱۶,۰	۱۵,۹	۱۷,۷۴	۱۴,۰	۱۵,۳	۱۶,۱	۱۶,۸	۱۳۸۲-۱
۱۷,۵	۱۴,۶	۱۷,۰۳	۱۳,۱	۱۵,۰	۱۷,۷	۱۶,۰	۱۳۸۲-۲
۱۷,۱	۱۵,۲	۱۵,۲۳	۱۴,۷	۱۶,۲	۱۹,۳	۱۵,۷	۱۳۸۲-۳
۱۴,۶	۱۳,۷	۱۴,۶۷	۱۴,۴	۱۶,۸	۱۷,۳	۱۴,۲	۱۳۸۲-۴
۱۴,۰	۱۳,۴	۱۳,۰۳	۱۵,۸	۲۰,۰	۱۷,۵	۱۴,۱	۱۳۸۳-۱
۱۴,۶	۱۱,۳	۱۱,۹۸	۱۶,۹	۱۹,۶	۱۷,۶	۱۴,۹	۱۳۸۳-۲
۱۵,۱	۱۰,۱	۱۰,۸۲	۱۷,۴	۱۹,۳	۱۷,۸	۱۵,۸	۱۳۸۳-۳
۱۵,۸	۹,۸	۱۱,۴۷	۱۷,۰	۱۹,۰	۱۸,۱	۱۶,۰	۱۳۸۳-۴
۱۶,۱	۸,۶	۱۱,۴۶	۱۷,۳	۱۵,۹	۱۷,۹	۱۵,۹	۱۳۸۴-۱
۱۵,۹	۹,۷	۱۲,۰۰	۱۸,۰	۱۶,۵	۱۷,۸	۱۱,۱	۱۳۸۴-۲
۱۱,۰	۱۱,۳	۱۲,۲۳	۱۷,۸	۱۶,۷	۱۷,۷	۱۱,۰	۱۳۸۴-۳
۱۱,۲	۱۲,۸	۱۳,۶۰	۱۷,۷	۱۷,۵	۱۷,۸	۱۰,۵	۱۳۸۴-۴
۱۰,۲	۱۵,۲	۱۳,۹۶	۱۸,۲	۲۰,۹	۱۷,۷	۸,۸	۱۳۸۵-۱
۸,۸	۱۷,۲	۱۴,۴۰	۱۸,۷	۲۱,۰	۱۷,۶	۱۳,۲	۱۳۸۵-۲
۱۳,۳	۱۹,۷	۱۴,۱۸	۱۸,۷	۲۲,۱	۱۷,۸	۱۵,۲	۱۳۸۵-۳
۱۵,۳	۲۲,۴	۱۴,۶۹	۱۸,۵	۲۲,۲	۱۷,۶	۱۷,۲	۱۳۸۵-۴

ماخذ: گزارش منتشر نشده تورم سه ماهه اول ۱۳۸۶، (اداره بررسی‌ها و سیاست‌های اقتصادی-بانک مرکزی ...)

()

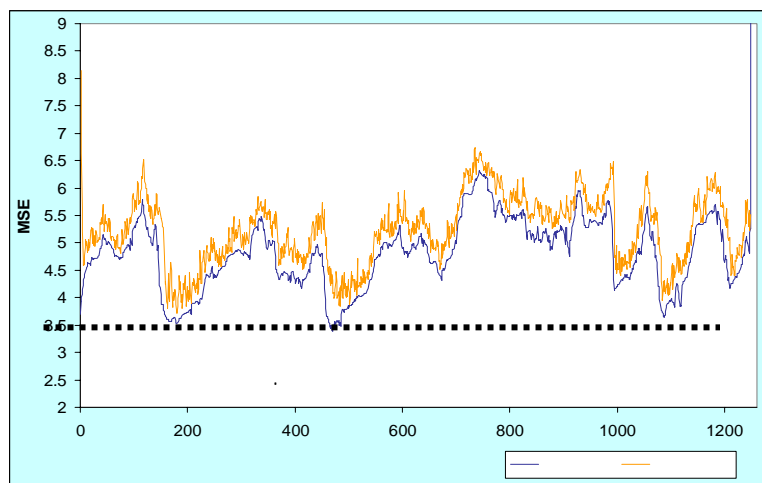
این پیش‌بینی‌های درون نمونه‌ای به‌عنوان ورودی الگوریتم ژنتیک لحاظ شده و پس از اعمال تابع برازش و عملگرهای مربوط به آن در ۱۲۵۰ نسل، در نهایت خروجی الگوریتم که عبارتند از وزن‌های مربوط به هر یک از رویکردها، به شرح جدول (۲) استخراج شدند.

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

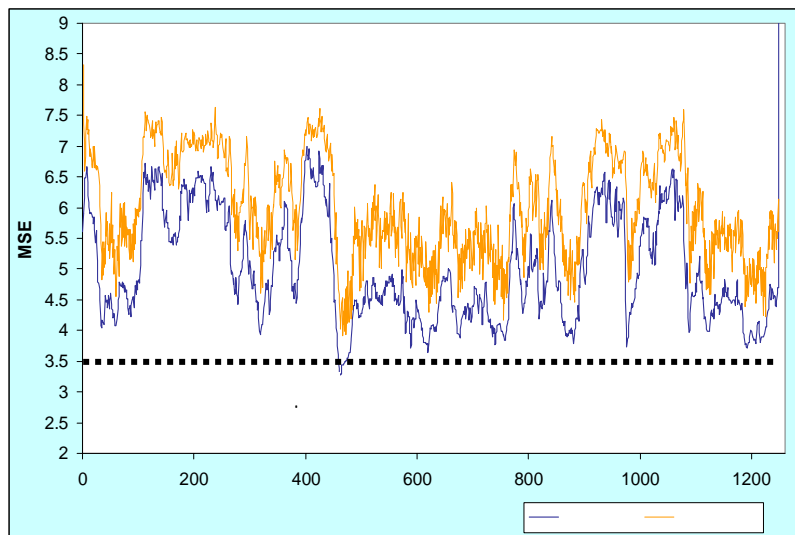
جدول ۲- وزن مربوط به هر یک از رویکردهای پیش‌بینی تورم در ترکیب پیش‌بینی‌ها

							MSE
	NAIRU						
()	۰,۴۶	۰,۱۰	۰,۲۲	۰,۰۹	۰,۰۸	۰,۰۶	۳,۳۸
()	۰,۴۵	۰,۰۵	۰,۳۵	۰,۰۵	۰,۰۴	۰,۰۷	۳,۲۸

استدلال مربوط به استفاده از دو نوع احتمال جهش ژنی این است که همان‌طور که در شکل ۵ دیده می‌شود، یک نوع هم‌گرایی بین میانگین MSE در هر نسل و حداقل MSE در هر نسل وجود دارد. برای این که به جواب‌های بهتری در جستجوی ۱۲۵۰ نسلی دست یابیم، مناسب‌تر است هنگامی که هم‌گرایی بین میانگین و حداقل به میزان بالایی رسید (بزرگ‌تر از ۰.۸)، احتمال جهش ژنی افزایش یابد، که در این صورت می‌توان به جواب‌های بهتری دست یافت (شکل ۶). همان‌طور که دیده می‌شود، با برقراری شرط مذکور، MSE از ۳/۳۸ به ۳/۲۸ کاهش پیدا کرده است.



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



شکل ۷ - میانگین و حداقل MSE تولید شده در هر نسل با در نظر گرفتن هم‌گرایی

در نهایت با اعمال وزن‌های استخراجی از الگوریتم ژنتیک، تورم پیش‌بینی شده در جدول (۳) نشان داده شده است.

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

		q_1	q_2	q_3	q_4
	SVAR	۱۶,۳	۱۸,۰	۱۹,۲	۱۸,۱
	VAR	۱۶,۱	۱۷,۲	۱۶,۸	۱۷,۱
()	STATE-SPACE	۱۴,۵	۱۷,۲	۱۷,۹	۱۸,۳
	VAR	۱۸,۶	۲۰,۲	۱۹,۰	۱۶,۷
	ECM	۱۹,۵	۱۸,۲	۱۶,۲	۱۴,۶
	NAIRU STATE-SPACE	۱۸,۷	۱۹,۶	۱۸,۸	۱۷,۶
	Genetic Algorithm	۱۷,۰	۱۸,۶	۱۸,۳	۱۷,۶

۷- جمع‌بندی و نتیجه‌گیری

کلمن (۱۹۸۹، ص ۵۶۷)، در مروری بر مطالعات کلاسیک ترکیب پیش‌بینی‌ها، به این نتیجه می‌رسد که "ترکیب پیش‌بینی‌ها نشان داده‌اند که عملی، اقتصادی و مفیدند". در این زمینه مطالعات بسیاری انجام گرفته که دیگر جایی برای تفسیر بیش‌تر باقی نمی‌گذارند (تیمرمن (۲۰۰۶)، ص ۱۹۳).

در مقاله پیش‌رو نیز با اذعان به این موضوع، هدف ترکیب نتایج پیش‌بینی‌تورم شاخص قیمت مصرف‌کننده حاصل از مدل‌های مختلف، برای چهار فصل سال ۱۳۸۶ بود. بر این اساس، از رویکرد الگوریتم ژنتیک برای استخراج وزن مدل‌های مختلف پیش‌بینی تورم، با هدف دستیابی به حداقل میانگین خطای پیش‌بینی (MSE) ترکیب مدل‌ها استفاده شد. به عبارت دیگر، میانگین مربعات خطا (MSE) به عنوان تابع زیان در نظر گرفته‌شد و با استفاده از یک فرایند تکراری، وزن هر یک از رویکردهای پیش‌بینی به‌روز (Update) شد و این فرایند تا آن‌جا ادامه یافت که میزان خطا یا تابع زیان به میزان مطلوبی کاهش یابد.

با توجه به این‌که هم‌اکنون رویکرد جایگزینی در استخراج وزن‌های پیش‌بینی و ترکیب نتایج پیش‌بینی در دست نیست، لذا نمی‌توان نسبت به دقت روش فوق نسبت، به سایر روش‌ها قضاوت کرد. پیشنهاد می‌شود تا رویکردهای ترکیبی دیگری نظیر شبکه‌های عصبی، عصبی-فازی، ترکیب توابع چگالی و نیز رویکرد آماری که در ابتدای مقاله به آن اشاره شد، توسعه یابند، تا بتوان نتایج حاصل از رویکرد الگوریتم ژنتیک را با دیگر روش‌ها مقایسه کرد و به نتایج دقیق‌تری دست یافت.

۱- فقیه، نظام‌الدین و همکاران (۱۳۸۳)، "الگوریتم ژنتیک در برنامه‌ریزی بازرسی‌های پیشگیرانه"، نشر نسیم حیات.

۲- عبدالعلی‌زاده شهیر، سیمین (۱۳۸۱)، "ارایه روشی کارا برای حل مسأله انتخاب مجموعه دارایی بهینه، پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه صنعتی شریف.

3 Aiolfi, M., Timmermann, A. (2006). "Persistence of forecasting performance and combination strategies". *Journal of Econometrics*. In press.

- 4 Bates, J.M., Granger, C.W.J. (1969). "The combination of forecasts". *Operations Research Quarterly* 20, 451–468.
- 5 Clemen, R.T. (1987). "Combining overlapping information". *Management Science* 33, 373–380.
- 6 Clemen, R.T. (1989). "Combining forecasts: A review and annotated bibliography". *International Journal of Forecasting* 5, 559–581.
- 7 Diebold, F.X., Lopez, J.A. (1996). "Forecast evaluation and combination". In: 7-Maddala, G.S., Rao, C.R. (Eds.), *Statistical Methods in Finance, Handbook of Statistics*, vol. 14. Elsevier, Amsterdam, pp. 241–268.
- 8 Diebold, F.X., Pauly, P. (1987). "Structural change and the combination of forecasts". *Journal of Forecasting* 6, 21–40.
- 9 Figlewski, S., Urich, T. (1983). "Optimal aggregation of money supply forecasts: Accuracy, profitability and market efficiency". *Journal of Finance* 28, 695–710.
- 10 Hendry, D.F., Clements, M.P. (2002). "Pooling of forecasts". *Econometrics Journal* 5, 1–26.
- 11 Holland, J. H., (1992). *Adaptation in natural and artificial systems*. Cambridge, MA: MIT Press. (First edition, 1975, University of Michigan Press.)
- 12 Goldberg, D. E., "Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley, 1989.
- 13 Kang, H. (1986). "Unstable weights in the combination of forecasts". *Management Science* 32, 683–695.
- 14 Makridakis, S. (1989). "Why combining works?". *International Journal of Forecasting* 5, 601–603.
- 15 Makridakis, S., Hibon, M. (2000). "The M3-competition: Results, conclusions and implications". *International Journal of Forecasting* 16, 451–476.
- 16 Marcellino, M. (2004). "Forecast pooling for short time series of macroeconomic variables". *Oxford Bulletin of Economic and Statistics* 66, 91–112.
- 17 Sessions, D.N., Chattererjee, S. (1989). "The combining of forecasts using recursive techniques with nonstationary weights". *Journal of Forecasting* 8, 239–251.
- 18 Stock, J.H., Watson, M. (2001). "A comparison of linear and nonlinear univariate models for forecasting macroeconomic time

- series". In: Engle, R.F., White, H. (Eds.), *Festschrift in Honour of Clive Granger*. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 1–44.
- 19 Stock, J.H., Watson, M. (2004). "Combination forecasts of output growth in a seven-country data set". *Journal of Forecasting* 23, 405–430.
 - 20 Timmermann, A. (2006), *Forecast Combinations*, Chapter 4, *Handbook of forecasting*.
 - 21 Winkler, R.L. (1989). "Combining forecasts: A philosophical basis and some current issues". *International Journal of Forecasting* 5, 605–609.
 - 22 Zellner, A. (1986). "Bayesian estimation and prediction using asymmetric loss functions". *Journal of the American Statistical Association* 81, 446–451.

پیوست

در پیش‌بینی تورم مبتنی بر مدل NAIRU، از رویکرد state-space استفاده شده است، بر این اساس معادلات زیر تصریح شده‌اند:

$$\pi_t = (1 - \rho(1))\pi^* + \rho(L)\pi_{t-1} + \eta(L)(u_t - u_t^n) + \omega(L)z_t + \varepsilon_t^{pc} \quad (1)$$

$$y_t - y_t^p = \phi(L)(u_t - u_t^n) + \varepsilon_t^{ol} \quad (2)$$

به طوری که:

$$\pi_t = \text{تورم قیمت}$$

$$\pi^* = \text{تورم بلندمدت}$$

$$u_t = \text{نرخ بیکاری}$$

$$y_t = \text{لگاریتم تولید واقعی}$$

$z_t =$ بردار پراکسی‌های شوک عرضه (نرمال شده‌اند، بنابراین به معنای این است که

شوکه‌های عرضه وجود ندارند)

$$\text{NAIRU } (E(u_t - u_t^n) = 0) = u_t^n$$

$$E(y_t - y_t^p) = 0 \text{ (لگاریتم) تولید بالقوه } = y_t^p$$

$$\text{IID } (E(\varepsilon_t^{pc}) = E(\varepsilon_t^{ol}) = 0) \text{ جملات خطای } = \varepsilon_t^{pc}, \varepsilon_t^{ol}$$

$\rho(L), \eta(L), \omega(L), \phi(L)$ = چند جمله‌ای در عملگر لگاریتمی L . (در این جا تمامی

چندجمله‌ای‌ها در عملگر وقفه‌ای یک طرفه هستند و شامل پارامترهای هم‌زمان می‌شوند. به طور کلی:

$$a(L) = a_0 + a_1L + a_2L^2 + \dots + a_nL^n$$

معادله (۱)، یک نمونه اصلاح شده از مدل فیلیپس مثلثی معروف گوردون است (برای مثال گوردون ۱۹۹۷ را ببینید). عبارت مثلثی برای تأکید بر وابستگی آن به یک مجموعه سه سویه از عوامل تعیین کننده اساسی، یعنی: اینرسی (π_{t-1}) ، تقاضا $(u_t - u_t^n)$ و عرضه (z_t) استفاده شده است.

اثر میان گذر نرخ ارز

رویکردی که به منظور بررسی اثر انتقال تغییرات نرخ ارز بر قیمت‌های داخلی به کار برده شده است، روش SVAR با اندک تفاوتی در متغیرهای مورد استفاده بر مبنای مدل مک کارتی است.

مزیت این روش بر روش‌های دیگر، قابلیت آن در تعیین اندازه اثر انتقال شوک‌های ساختاری بر قیمت داخلی، با استفاده از تابع واکنش ساختاری و تجزیه واریانس چلسکی است. در این چارچوب مشخص می‌شود که کدام شوک تأثیر بیش‌تری بر قیمت‌های داخلی دارد. در این بررسی پنج متغیر درون‌زا که با بردار $X_t = (gm2, gexr, gap, pm, p)$ نشان داده می‌شوند، به کار برده شده‌اند. در رابطه فوق $gm2, gexr, gap, pm, p$ به ترتیب نشان دهنده رشد نقدینگی، رشد نرخ ارز، شکاف تقاضا، تورم واردات و تورم قیمت مصرف کننده هستند. هم‌چنین رشد قیمت نفت به‌عنوان متغیر برون‌زا در نظر گرفته شده است.

تابع تقاضای پول

$$\Delta \log M = \alpha + \sum \alpha \Delta \log M + \sum \alpha \Delta \log Y + \sum_{i=1}^n \alpha_{\pi_i} \Delta \pi_{t-i} + \sum_{i=1}^n \alpha_{E_i} \Delta \log E_{t-i} + \gamma_1 \log M_{t-1} + \gamma_2 \log Y_{t-1} + \gamma_3 \pi_{t-1} + \gamma_4 \log E_{t-1} + u_{t-1}$$

در الگوی فوق M ، عبارت است از نقدینگی، Y ، تولید ناخالص داخلی به قیمت ثابت، π ، نرخ تورم سالانه، و E نرخ ارز است.

رویکرد قیمت دارایی‌ها

این رویکرد در قالب مدل VAR تخمین زده شده و متغیرهای مورد بررسی عبارتند از: شاخص قیمت سهام، شاخص قیمت طلا، شاخص قیمت ارز، شاخص قیمت زمین و شاخص قیمت مصرف کننده.

رویکرد تقاضای شرطی پول

رویکرد فوق مبتنی بر VECM بوده و به صورت زیر مدل‌سازی شده است:

$$Dp_t = c_1 + c_2 Dp_{t-1} + c_3 Dm_t + c_4 Dm_t - \delta c_5 * Dy_t + c_6 Det + c_7 Di_{t-1} + c_8 * EC_{t-1}$$

$$Ec_t = p_t - b_1 * m_t + b_2 * y_t - b_3 * et - b_4 * it$$

متغیرهای مورد بررسی عبارتند از pt : لگاریتم سطح عمومی قیمت‌ها؛ mt : لگاریتم حجم نقدینگی؛ it : نرخ سود موزون تسهیلات؛ yt : لگاریتم تولید و et : لگاریتم نرخ ارز اسمی. در رویکرد فوق پیش‌بینی مقید به اهداف برنامه چهارم بوده است.

رویکرد قیمت نسبی

متغیرهای مورد بررسی اجزای هشت گانه شاخص قیمت مصرف کننده هستند و مدل‌سازی با استفاده از رویکرد State-Space انجام گرفته است.