

استخدام الخوارزميات الجينية البسيطة والمتوازية الجزرية في تحديد درجات الابطاء المثلى لنموذج الانحدار الذاتي والمتوسطات المتحركة المتكاملة للتنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر

Using simple and islands parallel genetic algorithms to determine the optimal lag of the Autoregressive Integrated Moving Average to predict unemployment rates in Algeria

مراد عبدالقادر

جامعة زيان عاشور الجلفة (الجزائر)، merrad.abdelkader@yahoo.com

تاريخ النشر: 2025/11/25

تاريخ القبول: 2025/11/14

تاريخ الاستلام: 2025/10/08

ملخص:

تهدف هذه الدراسة الى تحديد درجات الابطاء المثلى لنماذج الانحدار الذاتي والمتوسطات المتحركة المتكاملة للتنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر، ولتحقيق هذا الهدف تم استخدام نوعين من الخوارزميات الجينية البسيطة والمتوازية الجزرية على بيانات البطالة للفترة 1991-2024. توصلت النتائج الى ان الخوارزميات الجينية قد تكون اداة فعالة في تحديد النموذج الامثل للتنبؤ، وان نتائج الخوارزميتين جاءت متطابقة واعطت نفس النموذج $ARIMA(0.1.0)$ بفارق زمني لصالح الخوارزمية البسيطة، وأن معدلات البطالة ستستمر في الانخفاض طيلة فترة التنبؤ 2025-2029.

كلمات مفتاحية: مثلى، نموذج، تنبؤ، بطالة، خوارزميات جينية.

تصنيف JEL : E29، E24.

Abstract:

This study aims to determine the optimal lag degrees for autoregressive and integrated moving average models to predict unemployment rates in Algeria. To achieve this goal, two types of genetic algorithms were used: simple and island parallel genetic algorithms, on unemployment data for the period 1991-2024. The results concluded that genetic algorithms may be an effective tool in determining the optimal model for prediction, and that the results of both algorithms were identical, yielding the same $ARIMA(0.1.0)$ model, with a time difference favoring the simple algorithm. The study also suggests that unemployment rates will continue to decline throughout the forecast period of 2025-2029.

Keywords: optimal, models, prediction, unemployment, genetic algorithm

JEL Classification: E29، E24.

1. مقدمة:

ان من بين الطرق الاكثر استعمالا في تحديد النموذج الامثل في نماذج الانحدار الذاتي-المتوسطات المتحركة المتكاملة ARIMA، يذكر طريقة الاستعانة بدالة الارتباط الذاتي البسيط (ACF) والارتباط الذاتي الجزئي (PACF)، وطريقة الاستعانة بالمعايير المعلومات مثل bic, aic . وبسبب ان العديد من السلاسل الزمنية تحتوي على مجموعات معقدة من انقطاعات MA و AR، فان الاستعانة بدالتي الارتباط الذاتي البسيط والارتباط الذاتي الجزئي قد لا يؤدي الى تحديد فترات الابطاء المثالية بدقة. وعلى الرغم من أن لكل منها صيغة محددة خاصة بها فان الاستعانة بمعايير المعلومات لتحديد النموذج الأمثل في نماذج ARMA (أو ARIMA) بقيت تواجه مشكلة مساحة البحث الكبيرة، فمع زيادة عدد انقطاعات AR و MA يزداد مجال البحث أو العدد الإجمالي للنماذج المحتملة بمعدل نمو أسي، مما يجعل تقدير جميع تلك النماذج مكلفاً للغاية حتى في الانقطاعات الصغيرة. ومع التطور التكنولوجي والمعلوماتي الكبير الذي شهده العالم، وفي ظل توجه الثورة الصناعية الرابعة إلى التحول الرقمي والاعتماد على تطبيقات الذكاء الاصطناعي، طورت طرق بديلة عن الطرق المذكورة سابقا في تحديد النموذج الامثل للتنبؤ، من بين تلك الطرق نذكر طرق الخوارزميات الجينية البسيطة، والمتوازية الجزرية والتي سيتم استعمالها في هذه الورقة البحثية لتحديد النموذج الامثل للتنبؤ بمعدل البطالة في الجزائر.

1.1 إشكالية البحث:

من خلال التقديم السابق فان هذا البحث يسعى الى التأكد من فعالية الخوارزميات الجينية البسيطة والمتوازية الجزرية في تحديد درجات الابطاء المثلى في نموذج التنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر، وعليه يمكن طرح الاشكالية التالية:

الى اي مدى يمكن الاعتماد على الخوارزميات الجينية البسيطة والمتوازية في تحديد درجات الابطاء المثلى لنموذج الانحدار الذاتي والمتوسطات المتحركة المتكاملة للتنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر؟

2.1 أسئلة البحث:

- هل يمكن للخوارزميات الجينية المستعملة في البحث ان تحدد النموذج الامثل للتنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر؟
- كيف يمكن توظيف الخوارزميات الجينية لايجاد النموذج الامثل للتنبؤ؟
- هل يمكن للخوارزميات الجينية ان تكون بديل فعال عن الطرق التقليدية في تحديد النموذج الامثل؟

3.1 فرضيات البحث:

- يمكن للخوارزميات الجينية المستعملة في البحث تحديد نموذج امثل وليس الامثل للتنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر
- يمكن توظيف الخوارزميات الجينية لايجاد نموذج امثل من خلال تحديد دالة ملائمة مناسبة وتدريبها .
- يمكن ان تكون الخوارزميات الجينية بديل فعال عن الطرق التقليدية في تحديد نموذج امثل.

4.1 منهجية البحث:

تم الاعتماد بشكل رئيسي على المنهج التجريبي وذلك من خلال تجريب الخوارزميات الجينية لعدة مرات، وذلك لتحديد النموذج الامثل للتنبؤ بمعدلات البطالة.

5.1 حدود البحث:

- الحدود المكانية: اقتصرت الدراسة على احد اكثر الدول التي تعاني من معدلات بطالة مرتفع وهي دولة الجزائر.

- الحدود الزمنية: بناء على ماتوفر من معطيات فان الدراسة اقتصر على الفترة الممتدة من سنة 1991 الى غاية سنة 2024.

6.1. اهداف البحث:

نسعى من خلال هذا البحث الى تحقيق الاهداف التالية:

- التعريف بالخوارزميات الجينية، خطواتها، وطريقة استعمالها للحصول على درجات الابطاء المثلى في نماذج

ARIMA

- التعريف بمنهجية بوكس-جينكز، خطواتها وطريقة استعمالها للحصول على النموذج الامثل للتنبؤ بمعدلات البطالة.

- تطبيق الخوارزميات الجينية على سلسلة البطالة في الجزائر للحصول على نموذج ARIMA الامثل.

- التنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر.

7.1. الدراسات السابقة:

هناك العديد من الدراسات السابقة التي تنبأت بمعدلات البطالة في الجزائر، جميعها استعملت الطرق التقليدية مثل دالة الارتباط الذاتي البسيط والجزئي، ومعايير AIC، BIC.... في تحديد النموذج الامثل. نذكر من تلك الدراسات:

- دراسة بن عياد وفاء و حليمي وهيبة (2023) المعنونة بـ توقع معدلات البطالة في الجزائر لعام 2028 باستخدام منهجية بوكس-جنكيتز: دراسة الآفاق والتحليل، والمنشورة في مجلة الاقتصاد والمناجمت. غطت الدراسة الفترة الزمنية الممتدة من سنة 1989 الى غاية سنة 2020، و استعملت هذه الدراسة نموذج الانحدار الذاتي المتكامل للمتوسطات المتحركة ARIMA للتنبؤ بالبطالة في الجزائر، وقد تم تحديد النموذج الامثل عن طريق دالتي الارتباط الذاتي البسيط والجزئي ومعايير AIC. توصلت نتائج الدراسة الى قبول نموذج ARIMA(2.2.2) كافضل نموذج من بين النماذج المقترحة في الدراسة، وان معدلات البطالة في ارتفاع مستمر خلال فترة التنبؤ (8 سنوات).

- دراسة بن عياد وفاء و حليمي وهيبة (2022) المعنونة بـ: النماذج الهجينة والتنبؤ بمعدلات البطالة في ظل جائحة كورونا (2003-2020) الجزائر، والمنشورة في مجلة الاكاديمية للدراسات الاجتماعية والانسانية. استعملت هذه الدراسة، نموذج الانحدار الذاتي المتكامل للمتوسطات المتحركة ARIMA، نموذج الانحدار الذاتي المتكامل للمتوسطات المتحركة مع متغير خارجي (ARIMAX)، و نموذج هجين ARIMAX-GARCH للتنبؤ بالبطالة في الجزائر، وقد تم تحديد النموذج الامثل عن طريق دالتي الارتباط الذاتي البسيط والجزئي، ومعايير AIC، و BIC و HQ و R^2 . توصلت نتائج الدراسة الى قبول النموذج ARIMA(2.1.1) كافضل نموذج للتنبؤ الساكن، والنموذج-ARIMAX GARCH(2.1.0)(0.2) للتنبؤ الديناميكي.

- دراسة بن عياد وفاء و بلمقدم مصطفى (2022) المعنونة بـ التنبؤ بالبطالة في ظل وجود وباء كورونا في الجزائر باستخدام نماذج الذاكرة الطويلة (ARFIMA) خلال الفترة الزمنية من 2008 إلى 2020، والمنشورة في مجلة البشائر الاقتصادية. استعملت هذه الدراسة نماذج الذاكرة الطويلة ARFIMA للتنبؤ بالبطالة في الجزائر، وقد تم تحديد النموذج الامثل عن طريق معيار AIC. توصلت نتائج الدراسة الى قبول نموذج ARFIMA2(1.0.34.10)، وان معدلات البطالة في تزايد كبير ومستمر خلال فترة التنبؤ (15 شهر).

2. الاطار النظري:

يتم في هذا الاطار التطرق الى مفاهيم عامة حول الخوارزميات الجينية المستعملة في البحث بالاضافة الى نماذج لانحدار الذاتي-المتوسطات المتحركة المتكاملة **ARIMA** ومنهجية بوكس-جينكز.

1.2 الخوارزمية الجينية البسيطة:

تم اقتراح الخوارزمية الجينية لأول مرة عام 1962 من طرف هولاند. تُعد هذه الخوارزمية تقنية بحث عالمية تستند إلى مفاهيم الوراثة الطبيعية ونظرية التطور الداروينية¹. فحسب نظرية التطور، فإن الجزء الذي يمتلك افضل الخصائص من المجتمع هو فقط من يستمر في توليد أجيال جديدة². وقد استخدمت الخوارزمية الجينية لحل المشاكل المعقدة في مجالات متنوعة، مثل الحوسبة، البرمجة، الذكاء الاصطناعي، علم الأحياء، الهندسة، التخطيط، واتخاذ القرار. الخ، كما و ثبت استخدامها في بحوث العمليات، استخراج البيانات، الاقتصاد القياسي، التنبؤ، والسلاسل الزمنية. وتتميز الخوارزميات الجينية بالعشوائية كمبدأ أساسي لجميع عملياتها، حيث تُقدم مجموعة من الحلول، وبمرونة الأداء³. و من مزايا الخوارزمية الجينية يذكر ما يلي⁴:

- امثيلة باستخدام المتغيرات المتصلة أو المنفصلة،
 - لا تتطلب معلومات حول المشتقات،
 - تبحث انيا من خلال عينات واسعة من مساحة البحث ،
 - تتعامل مع عدد كبير من المتغيرات،
 - مناسبة تماماً لأجهزة الكمبيوتر المتوازية،
 - امثلية المتغيرات ذات دوال الملائمة أو التكلفة المعقدة للغاية (يمكنها تجاوز الحد الأدنى المحلي)،
 - توفر قائمة بالمتغيرات المثلى، وليس حلاً واحداً فقط،
 - يمكنها ترميز المتغيرات بحيث تتم الامثلية باستخدام المتغيرات المرمزة،
 - تعمل مع البيانات المولدة رقمياً، أو البيانات التجريبية، أو الدوال التحليلية.
- ويمكن تلخيص عمل الخوارزمية في الخطوات التالية⁵ (الشكل اسفله):
- البداية: مجموعة من الكروموسومات الفردية.

1. يتم تقييم ملائمة كل فرد. بناءً على قيمتها، يتم اختيار الأفراد عشوائياً للبقاء على قيد الحياة.

2. يختار الأفراد المختارة شركاء التزاوج.

3. يتم إنشاء أفراد جدد عن طريق إعادة تركيب الكروموسومات بين شركاء التزاوج.

4. تتعرض الكروموسومات الفردية للتغير بفعل الطفرات العشوائية.

5. ما لم يتم استيفاء معيار الإنهاء، تعود الخوارزمية إلى الخطوة 1.

وتشمل معلمات التحكم المهمة في الخوارزمية الجينية البسيطة: حجم المجتمع ، احتمال التزاوج او العبور، واحتمال الطفرة. وقد درس العديد من الباحثين تأثير هذه المعلمات على أداء الخوارزمية الجينية وتوصلوا الى ان حجم المجتمع الكبير يعنى معالجة العديد من الحلول في وقت واحد مما يزيد من وقت الحساب لكل جيل، وان احتمال التقارب نحو الحل الأمثل الكلي يكون أعلى منه عند استخدام حجم مجتمع صغير، و انخفاض احتمال العبور يقلل من سرعة التقارب نحو منطقة الحلول

الواعدة، وارتفاعه الكبير يؤدي إلى التشيع حول حل واحد، و يؤدي ارتفاع احتمال الطفرة إلى تنوع كبير في المجتمع وقد يسبب عدم الاستقرار، بينما انخفاضه يصعب عادةً على الخوارزمية الجينية إيجاد الحل الأمثل الكلي⁶.

الشكل رقم (1): خطوات الخوارزمية الجينية

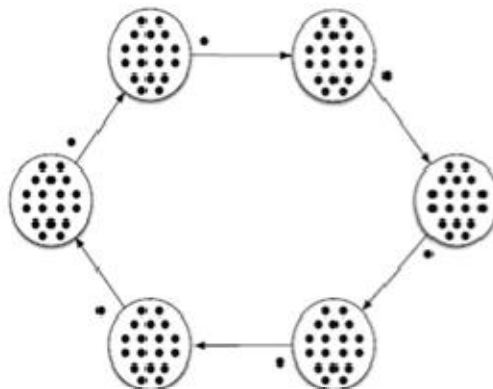


المصدر: من اعداد الباحث اعتمادا على تسلسل خطوات الخوارزمية الجينية.

2.2 الخوارزمية الجينية المتوازية الجزرية:

في هذا النوع من الخوارزميات الجينية، يُقسّم المجتمع إلى مجتمعات فرعية متعددة، يطلق على كل منها اسم "جزيرة"، حيث تنفذ خوارزميات جينية بسيطة مستقلة وتعمل بشكل متوازي في كل جزيرة. وتستخدم الخوارزمية الجينية المتوازية الجزرية طوبولوجيا حلقيّة بسيطة، اين تتصل كل جزيرة بجزيرة أخرى في اتجاه واحد، مما يُشكّل مساراً واحداً مستمراً (انظر الشكل اسفله). و يتم في كل خطوة استبدال الأفراد الأوائل المُختارة وفقاً لمعدل هجرة محدد، بأفراد عشوائية (باستثناء الأفراد النخبويين) في الجزيرة القادمة.

الشكل رقم (2): بنية الجزر في الخوارزمية الجينية المتوازية الجزرية



المصدر:

Luca Scrucca, On Some Extensions to GA Package: Hybrid Optimisation, Parallelisation and Islands Evolution, the R journal, University of Nebraska – Lincoln, p 197

وبالنسبة لخطوات عمل هذه الخوارزمية هي نفسها خطوات عمل الخوارزمية البسيطة ولكن تنفذ في كل جزيرة على حدى بشكل مستقل، لذلك سيكون من الواجب تحديد عدد الجزر، ومعدل الهجرة، بالإضافة الى مجال الهجرة.

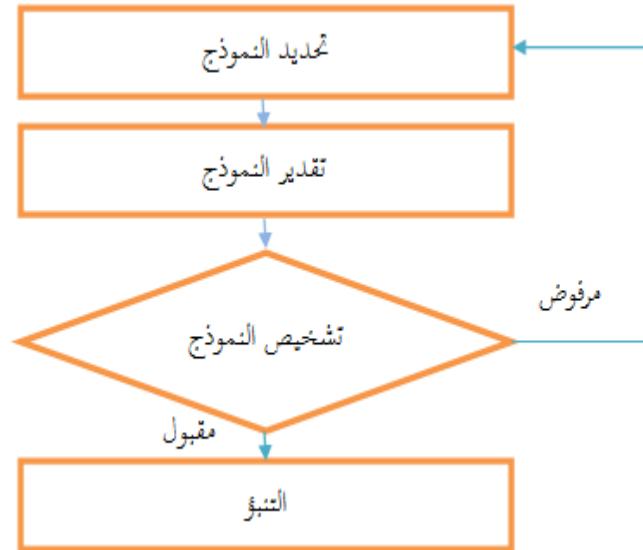
3.2. نماذج الانحدار الذاتي-المتوسطات المتحركة ARIMA:

تم تقديم هذه النماذج من طرف بوكس-جينكز سنة 1970، تعد احد اكثر نماذج التنبؤ شيوعا، وهي عبارة عن نماذج خطية تستخدم القيم الماضية للتنبؤ بالقيم المستقبلية للسلسلة الزمنية⁷. و بشكل عام فهي تتكون من دمج نماذج الانحدار الذاتي (AR) من الرتبة p ونماذج المتوسط المتحرك (MA) من الرتبة q . وتكتب الصيغة العامة لنماذج ARIMA(p,d,q) على النحو التالي⁸:

$$\Delta^d Y_t (1 - \phi_1 L - \phi_2 L^2 - \dots - \phi_p L^p) = (1 + \theta_1 L + \theta_2 L^2 + \dots + \theta_q L^q) u_t$$

حيث d : تمثل درجة تكامل السلسلة او عدد الفروق التي تجعل السلسلة مستقرة، p و q هي عدد الابطاءات او الرتبة في نماذج AR و MA على التوالي، و u_t هي الاخطاء او البواقي والتي تنبذ حول الصفر بتباين ثابت. وفي سنة 1976 قدم بوكس-جينكز أول منهجية لإيجاد نموذج ARIMA الأمثل، وتتكون المنهجية المقترحة من خوارزمية ثلاثية الخطوات (الشكل اسفله) تشمل تحديد النموذج، تقدير معلماته ثم تشخيصه. وأخيراً، يمكن استخدام النموذج الأمثل المتحصل عليه للتنبؤ.

الشكل رقم (3): خطوات منهجية بوكس - جينكس



المصدر: من اعداد الباحث اعتمادا على تسلسل خطوات منهجية بوكس - جينكز.

3. الجانب التطبيقي:

يتم في هذا الجانب التطبيقي التنبؤ بمعدلات البطالة في الجزائر لفترة خمسة سنوات باستعمال منهجية بوكس - جينكز. غطت الدراسة الفترة من 1991 الى غاية 2024، وتم الحصول على البيانات من موقع البنك العالمي. بالنسبة لتحديد النموذج تم استعمال اختبار ديكي-فولر المطور ADF لاختبار استقرارية سلسلة البطالة والخوارزميات الجينية لتحديد

درجات الابطاء في النموذج المختار، اما تقدير النموذج وتشخيصه فقد تم استعمال طريقة المعقولة العظمى للتقدير، واختبارات ljung-Box و ARCH-LM للتشخيص بالاضافة الى تحليل دالة الارتباط الذاتي للبواقي.

1.3 تحديد النموذج:

ويتم في هذه الخطوة اختبار استقرارية سلسلة البطالة وتحديد درجات التأخير او الابطاء في نموذج التنبؤ. واختبار استقرارية سلسلة البطالة تم استعمال اختبار ديكي-فولر المطور (ADF(1979))، وهو احد أهم الاختبارات وأكثرها استخداما في الدراسات الحديثة والتي يمكن الاعتماد عليه في اختبار جذر الوحدة⁹، و يعتبر هذا الاختبار امتداد لاختبار ديكي-فولر البسيط (DF(1981)) لجذر الوحدة، حيث جاء هذا الاختبار نتيجة لوجود مشكلة عدم احتمالية أن تكون البواقي شوشرة بيضاء في نماذج اختبار DF. وبالتالي، تضمنت هذه النسخة المطورة من الاختبار حدوداً إضافية مبطنة لمتغير الاختبار في الشق الايمن من النماذج، وذلك لتجنب مشكلة الارتباط الذاتي. ويتم تحديد تلك الحدود الاضافية باستعمال معيار معلومات شوارتز (SIC). تكتب صيغ النماذج الثلاثة المحتملة لاختبار ADF على النحو التالي¹⁰:

$$\Delta y_t = \delta y_{t-1} + \sum_{i=1}^p \beta_i \Delta y_{t-i} + \mu_t$$

$$\Delta y_t = \alpha_0 + \delta y_{t-1} + \sum_{i=1}^p \beta_i \Delta y_{t-i} + \mu_t$$

$$\Delta y_t = \alpha_0 + \delta y_{t-1} + \alpha_2 t + \sum_{i=1}^p \beta_i \Delta y_{t-i} + \mu_t$$

حيث y_t : تمثل السلسلة المراد اختبار استقراريته، t تمثل الزمن، و ut تمثل بواقي النموذج والمفترض تتبع توزيع طبيعي بمتوسط صفري وتباين ثابت.

ولاختبار مدى استقرارية السلسلة الزمنية يستوجب ذلك حساب الإحصائية لكل من النماذج الثلاثة السابقة انطلاقاً من العلاقة التالية:

$$\tau = \frac{\hat{\delta}}{SE(\hat{\delta})}$$

فإذا كانت $\tau \geq \tau_{\alpha}$ (أي القيمة المحسوبة أكبر أو تساوي القيمة الجدولية) يتم قبول فرض العدم القائل بوجود جذر الوحدة في السلسلة وبالتالي فهي غير مستقرة.

ومن خلال نتائج اختبار جذر الوحدة المطور (ADF) لسلسلة لوغارتيمات البطالة المبينة في الجدول اسفله يتضح انه لا يمكن رفض فرض العدم القائل بوجود جذر الوحدة في السلسلة الاصلية، وذلك عند مستوى دلالة 1% و 5% و 10%، في حين يقبل الفرض البديل عند اخذ الفروق الأولى لهذه السلسلة، مما يعني أنها متكاملة من الدرجة الاولى (1)I.

الجدول رقم (1): نتائج اختبار ديكي-فولر المطور ADF

القيمة الجدولية	الاحتمالية	الاحصائية(القيمة المحسوبة)	
-1.95133	0.8245	-1.3509	Lunempl
-1.95206	0.01	-4.8457	$\Delta(\text{lunempl})$

المصدر: من اعداد الباحث بالاعتماد على مخرجات برنامج r

بعد ان تم اختبار استقرارية سلسلة البطالة ودرجة تكاملها ناتي الان الى تحديد نموذج امثل (وليس بالضرورة النموذج الامثل) في مجال بحث بحد أقصى 7 انقطاعات في AR و 7 في MA وذلك باستعمال الخوارزميات الجينية البسيطة والمتوازية الجزرية ، ومن ثم فإن كل فرد في النموذج يمثل بكموسوم طوله 7 بت (جين) بترميز ثنائي (1، 0)، تمثل الثلاثة الأولى منه درجات الانحدار الذاتي من AR(1) إلى AR(7)، وتمثل الثلاثة الأخيرة منه درجات المتوسط المتحرك من MA(1) إلى MA(7)، اما البت الاوسط يمثل درجة تكامل السلسلة. الجدول رقم (2) اسفله يعرض نماذج ARIMA المقابلة لبعض الافراد (الكموسومات) المكونة للمجتمع .

الجدول رقم (2): نماذج ARIMA المقابلة لبعض افراد (الكموسومات) المجتمع

النموذج المقابل	الكموسوم (الفرد)						
ARIMA(0,1,0)	0	0	0	1	0	0	0
ARIMA(3,1,1)	0	1	1	1	0	0	1
ARIMA(2,1,3)	0	1	0	1	0	1	1
ARIMA(1,1,4)	0	0	1	1	1	0	0

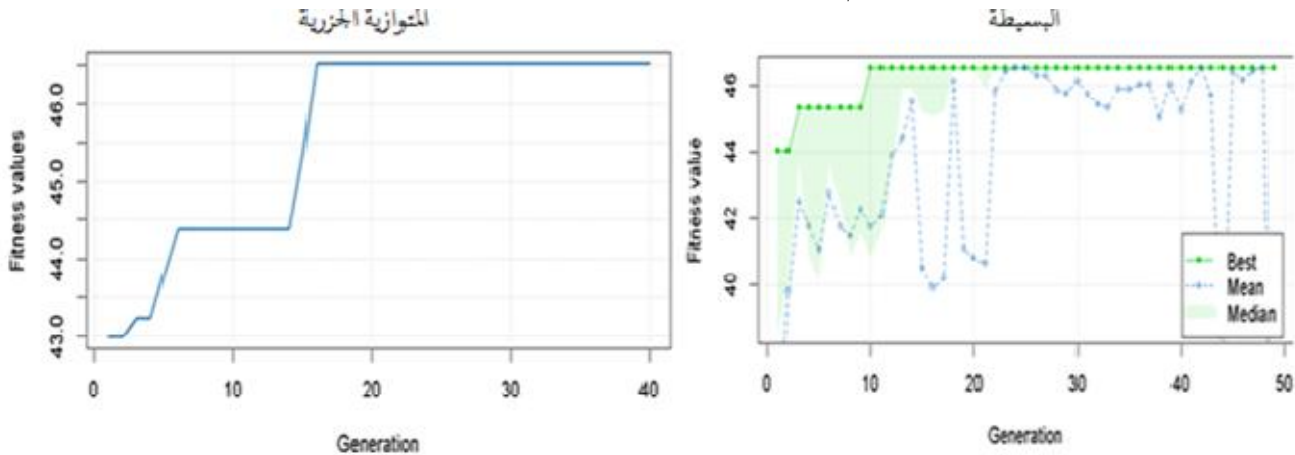
المصدر: من اعداد الباحث

وبما ان الهدف من هذه الدراسة هو الحصول على نموذج امثل لاستعماله في التنبؤ بمعدل البطالة، فانه وبعد عملية الترميز السابقة الذكر وجب تحديد دالة الملائمة لتقييم الاستجابات (الافراد) او النماذج المقترحة من طرف الخوارزمية ومن ثمة تدنيتها للوصول الى النموذج المرغوب. وقد تم اختيار معيار AIC كدالة ملائمة.

$$AIC(p,q) = Ln(\hat{\sigma}^2) + 2 \left[\frac{p+q}{T} \right]$$

الجدول رقم (3) اسفله يوضح نتائج الخوارزميات الجينية، حيث يتكون هذا الجدول من قسمين القسم الاول يعرض وضعية الخوارزميات، اي كل ما يتعلق بمدخلاتها من نوع الترميز، حجم المجتمع الابتدائي، عدد الاجيال المرغوبة، معدل الهجرة، مجال الهجرة، احتمال العبور، اضافة الى احتمال الطفرة، اما القسم الثاني يعرض النتائج التي توصلت اليها تلك الخوارزميات، اي النموذج ذو اقل قيمة لدالة الملائمة. و يعرض الشكل رقم(4) الموالي تطور دالة الملائمة، والذي يوضح التغير في قيمة دالة الملائمة للمجتمع بدلالة التغير في عددا الأجيال.

الشكل رقم (4): تطور دالة الملائمة للخوارزميات الجينية



المصدر: مخرجات برنامج ٢

الجدول رقم (3): نتائج تحديد النموذج باستعمال الخوارزميات الجينية البسيطة و المتوازية الجزرية

— Genetic Algorithm —

GA settings:

Type = binary
 Population size = 10
 Number of generations = 50
 Elitism = 1
 Crossover probability = 0.8
 Mutation probability = 0.1

GA results:

Iterations = 49
 Fitness function value = 46.52315
 Solution =
 x1 x2 x3 x4 x5 x6 x7
 [1,] 0 0 0 1 0 0 0

— Islands Genetic Algorithm —

GA settings:

Type = binary
 Number of islands = 4
 Islands pop. size = 10
 Migration rate = 0.1
 Migration interval = 20
 Elitism = 1
 Crossover probability = 0.8
 Mutation probability = 0.1

GA results:

Iterations = 40
 Epochs = 2
 Fitness function values = 46.52315 46.52315 46.52315 46.52315
 Solutions =
 x1 x2 x3 x4 x5 x6 x7
 [1,] 0 0 0 1 0 0 0
 [2,] 0 0 0 1 0 0 0
 [3,] 0 0 0 1 0 0 0
 [4,] 0 0 0 1 0 0 0

المصدر: مخرجات برنامج ٢

من خلال النتائج الموضحة في الجدول اعلاه يتضح ان نتائج الخوارزميتين جاءت متطابقة حيث اعطت نفس النموذج ARIMA(0.1.0)، وهو حالة خاصة من نماذج ARIMA، ويطلق عليه اسم نموذج السير العشوائي. ومن خلال الشكل رقم (4) اعلاه يتضح ان الخوارزمية البسيطة توصلت الى النموذج الامثل في الجيل 10، اما الخوارزمية المتوازية الجزرية توصلت اليه في الجيل 17. ويجدر الذكر انه تم قياس المدة الزمنية المستغرقة من طرف الخوارزميتين لعدة تجارب، وكانت النتيجة لصالح الخوارزمية البسيطة بفارق 4 ثواني، حيث استغرقت الخوارزمية البسيطة 3 ثواني للوصول الى تلك النتيجة المذكورة سابقا.

2.3 تقدير النموذج:

يتضمن الجدول رقم (4) اسفله نتائج تقدير النموذج المقترح من طرف الخوارزميتين باستخدام طريقة المعقولة العظمى. من خلال هذه النتائج يتبين ان قيمة Z المحسوبة لثابت النموذج جاءت اقل من القيمة الجدولية (1.96)، مما يعني قبول فرض عدم القائل بعدم اختلاف الثابت المقدر عن الصفر، وعليه فان الثابت قد لا يكون ضروري في التنبؤ. بمعادلات البطالة.

الجدول رقم (4): نتائج اختبار معلمات النموذج

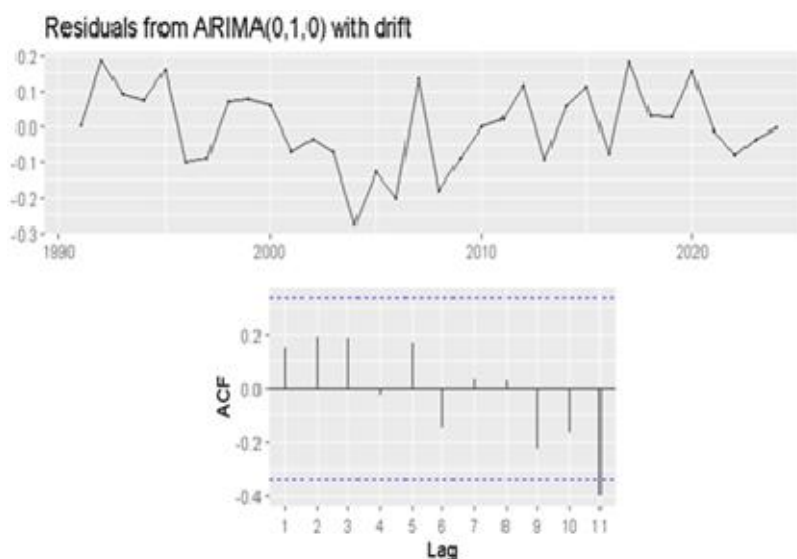
المعلمة	الخطا المعياري	قيمة Z	الاحتمالية
الثابت	-0.017858	0.019592	-0.9115
AIC=-46.52		II=25.26	

المصدر: من اعداد الباحث بالاعتماد على مخرجات برنامج r

3.3. تشخيص النموذج:

يضم اختبار صلاحية النموذج مجموعة من الفحوص والاختبارات التشخيصية أهمها رسم البواقي وفحص دالة الارتباط الذاتي واختبار بوكس وييرس المعدل . يعرض الشكل (5) اسفله رسم البواقي والذي يقدم مؤشر اولى على خالوها من جميع الأنماط والتحركات المنتظمة، فالبيانات تتذبذب بشكل عشوائي حول الصفر. ويؤكد رسم دالة الارتباط الذاتي للبواقي والمعروض في الشكل نفسه هذه المعلومة إلى حد كبير، حيث تقع جميع معاملات الارتباط الذاتي للبواقي داخل مجال الثقة باستثناء معامل التأخير 11، أي أن شكل دالة الارتباط الذاتي للبواقي خالية من التواءات وهذا مؤشر جيد آخر على أن الأخطاء عبارة عن تشويش ابيض.

الشكل رقم (5): البواقي ودالة ارتباطها الذاتي



المصدر: مخرجات برنامج r

الجدول اسفله يوضح نتائج اختبار Ljung-Box واختبار ARCH-LM لاختبار معنوية معاملات الارتباط الذاتي ودالة الارتباط الذاتي الجزئي لسلسلي البواقي ومربعاتها. من خلال هذه النتائج يتضح انه لا يمكن رفض فرض عدم القائل بعدم معنوية معاملات الارتباط للبواقي ولمربعاتها، ذلك ان قيمة الاحتماليه المرافقة لاختبارية Ljung-Box لمعاملات الارتباط البواقي ولمربعاتها اخذت قيم 0.3068 و 0.7529 على التوالي وهي اكبر من 0.05. وعليه يمكن القول ان البواقي عبارة عن تشويش ابيض ذات تباين شرطي ثابت.

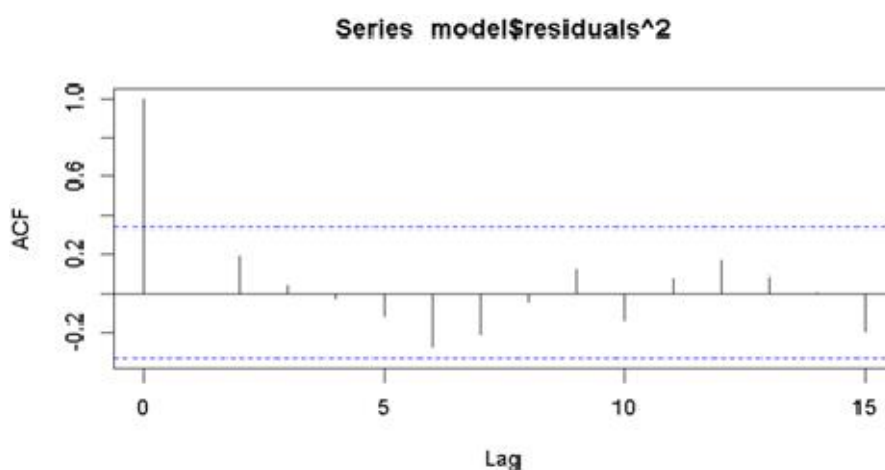
الجدول رقم (5): نتائج اختبار Ljung-Box و ARCH-LM لسلسلة بواقي النموذج

الاختبار	قيمة الاحصائية	الاحتمال المرافق
Ljung-Box للبواقي	3.6095	0.3068
Ljung-Box لمربعات البواقي	1.2005	0.7529
ARCH-LM	0.00044	0.9832

المصدر: من اعداد الباحث بالاعتماد على مخرجات برنامج R

ويتضح ايضا من خلال النتائج المبينة في الجدول اعلاه ان قيمة مضاعف لاغرنج (0.00044) جاء اقل من قيمة كاي-مربع عند درجة حرية 2 ومستوى معنوية 0.05 (5.99)، وعليه يتم قبول فرض عدم القائل بغياب اثر ARCH في سلسلة البواقي، وهذا ما يؤكد النتيجة السابقة لثبات التباين الشرطي لسلسلة البواقي. ويؤكد الشكل رقم (6): اسفله لدالة الارتباط الذاتي لمربعات بواقي تقدير النموذج تلك النتيجة حيث تقع جميع معاملات الارتباط الذاتي لمربعات البواقي داخل مجال الثقة.

الشكل رقم (6): دالة الارتباط الذاتي لمربعات البواقي



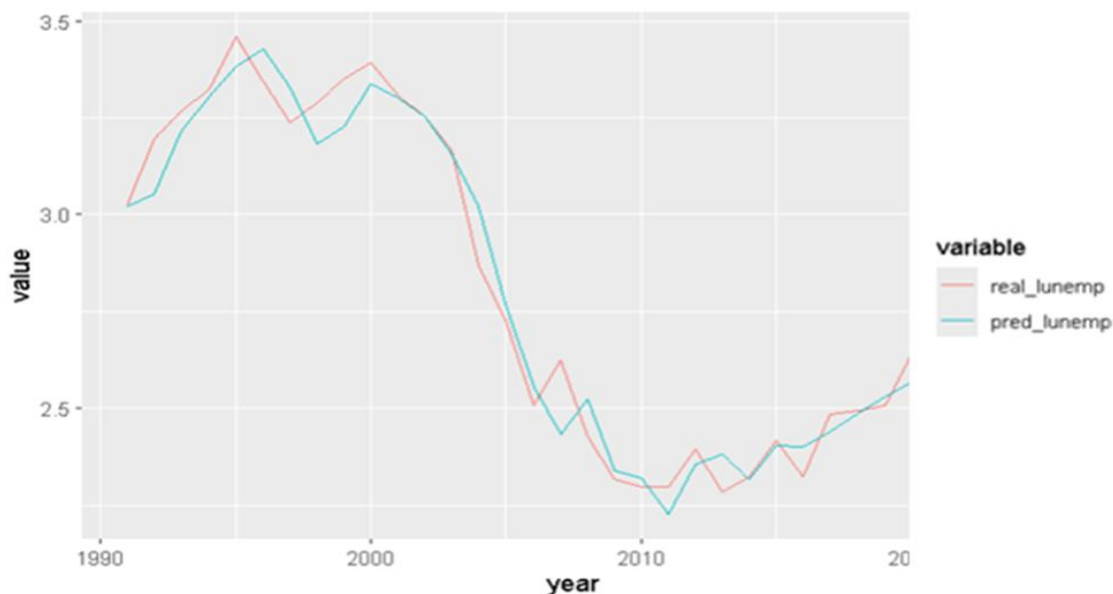
المصدر: مخرجات برنامج R

4.3 . التنبؤ:

يعتبر التنبؤ اخر خطوة في منهجية بوكس-جينكينز ولا يمكن الانتقال إلى هذه الخطوة إلا بعد الانتهاء من إجراء جميع الفحوص والاختبارات الإحصائية الضرورية لتشخيص النموذج الذي أختير في مرحلة التحديد والتأكد من أن هذا النموذج قد اجتاز كافة هذه الفحوص والاختبارات بشكل مرضي. وفي مجال تقويم النموذج المتحصل عليه سابقا (1،0،0،1) ARIMA(0،0،0) والذي اجتاز جميع الفحوص والاختبارات التشخيصية بنجاح تم مقارنة القيم المتنبأ بها بالقيم الفعلية. يعطي الجدول (6) القيم المتنبأ بها للفترة 2025-2029 باستخدام النموذج المقدر بالاطافة الى مجال الثقة. يلاحظ من خلال هذا الجدول ان جميع قيم التنبؤ واقعة داخل مجال الثقة، مما يوحي بجودة النموذج المقدر. ويوضح الشكل رقم (7) منحني القيم الفعلية والمقدرة خلال فترة الدراسة، ومن خلال تفحص الشكل يلاحظ التطابق الشبه التام للمنحنيين.

الجدول رقم (6): القيم المقدرة للفترة 2023-2026

نموذج $ARIMA(0,1,0)$				
مجال الثقة للتنبؤ		قيم التنبؤ		السنة
الحد الاعلى	الحد الادنى	unemp	lunemp	
2.642119	2.194123	11.22475	2.418121	2025
2.717044	2.083482	11.02608	2.400263	2026
2.770381	1.994429	10.83092	2.382405	2027
2.812543	1.916551	10.63922	2.364547	2028
2.847564	1.845814	10.45091	2.346689	2029

المصدر: من اعداد الباحث بالاعتماد على مخرجات برنامج r الشكل رقم (7): منحنى القيم الفعلية والمقدرة باستعمال $ARIMA(0,1,0)$ المصدر: مخرجات برنامج r

4. خلاصة:

تم في هذه الورقة البحثية تقديم مفاهيم نظرية حول الخوارزميات الجينية البسيطة والمتوازية الجزرية ومنهجية بوكس-جينكز، بالإضافة الى تطبيق تلك الخوارزمية على سلسلة معدلات البطالة خلال الفترة 1991-2024 للحصول على درجات الابطاء المثلى في نموذج $ARIMA$ للتنبؤ بها خلال الفترة 2025-2029. ومن أهم النتائج المتوصل إليها يذكر مايلي:

- حسب اختبار ديكي-فولير المطور ADF فان سلسلة البطالة في الجزائر تستقر في الفروق الاولى.
- تعتمد نتائج الخوارزمية الجينية على قيم معلمات التحكم :حجم المجتمع، احتمال العبور، واحتمال الطفرة.

- كلا الخوارزميتين اقترحت نفس النموذج $ARIMA(0.1.0)$. بمدد زمنية وجيزة لم تتعدى 7 تواني، بفارق زمني لصالح الخوارزمية الجينية البسيطة. يذكر هنا ان هذا النموذج مقبول احصائيا، ولكن لا يمكن الجزم بان كل النماذج الناتجة عن تلك الخوارزميات هي نماذج مقبولة احصائيا فهي في النهاية تعتمد على تدنية احد المعايير المختارة فقط .

- لا يمكن القول ان النموذج المقترح هو النموذج الامثل على الاطلاق بل هو نموذج امثل في مساحة البحث فقط التي امتدت على 7 ابطاءات في AR و 7 في MA.

- يمكن ان تكون الخوارزميات الجينية بديل فعال عن الطرق التقليدية في تحديد نموذج امثل ذلك لسرعة وصولها للنتائج مقارنة بتلك الطرق .

وفي الاخير نوصي من خلال ما تم التوصل اليه من نتائج البحث الى تطوير عمل الخوارزميات الجينية في برنامج بل وفي جميع البرامج الاحصائية الاخرى المشابهة، بحيث تعمل على تحديد النماذج وتشخيصها واقتراح المقبولة منها احصائيا فقط على مستوى كل جيل على حدى ومن ثمة تحديد النموذج المقبول على مستوى الاجيال كلها ليستعمله البرنامج فيما بعد في التنبؤ.

الهوامش والإحالات:

- ¹ Abbas Abbasi et al, **Estimation of ARIMA model parameters for drought prediction using the genetic algorithm**, Arabian Journal of Geosciences, Saudi Society for Geosciences , V 14, N° 841, 2021, P5.
- ² Sivanandam and Deepa, **Introduction to Genetic Algorithms**, springer berlin Heidelberg ,psg college of technology, springer, USA, 2008, p46.
- ³ Omar MOUFFOK, Youcef SQUAR, **Using Genetic Algorithms for Forecasting Financial Markets Volatility**, Revue Organisation & Travail, V 7, N°2, Université Mascara, Algeria, 2018, P124- 125.
- ⁴ Randy L. Haupt, Sue Ellen Haupt, **PRACTICAL GENETIC ALGORITHMS**, SECOND EDITION, A JOHN WILEY & SONS, INC., Canada; 2004, P 23.
- ⁵ Miroslav Kubat, **An Introduction to Machine Learning**, Second Edition, Springer International Publishing, USA, 2017, P 311.
- ⁶ D.T. Pham, D. Karaboga, **Intelligent Optimisation Techniques, -Genetic Algorithms, Tabu Search, Simulated Annealing and Neural Networks**, 1 st edition, Springer –Verlag London Limited, British, 2000, P 7.
- ⁷ Santosha Rathod et al. , **Forecasting maize yield using ARIMA-Genetic Algorithm approach, Outlook on Agriculture**; Sage Journals, V 46, N°4, 2017, P266.
- ⁸ Dimitrios Asteriou, Stephen G. Hall, **Applied Econometrics**, , 4th Edition, saffron house, London , 2016, P 298.
- ⁹ Fuadah Johari et al, **Short and Long Term Relationship between Economic Growth and Unemployment in Egypt: An Empirical Analysis**, Mediterranean Journal of Social Sciences, V 6, N° 4 S3, Rome-Italy, 2015, P 457.
- ¹⁰ Pinn, S. L. S. et al, , **Empirical Analysis of Employment and Foreign Direct Investment in Malaysia: An ARDL Bounds Testing Approach to Cointegration**, Advances in Management & Applied Economics, V.1, N°3, International Scientific Press, 2011, P 81.