

## مکانیزم بازچینی برای اتوماتای سلولی ژنتیکی<sup>۱</sup>

مهدی لسانی<sup>\*</sup>، محمدرضا میبیدی<sup>†</sup>

### چکیده

محل کردن ارتباط بین کروموزومها در الگوریتمهای ژنتیکی علاوه بر سرعت دادن به محاسبات می تواند باعث بهبود کیفیت جوابهای بدست آمده گردد. یکی از مدلهایی که برای محل کردن عملگرهای ژنتیکی ارایه شده است اتوماتای سلولی ژنتیکی میباشد. در این مقاله برای اولین بار مکانیزمی به نام بازچینی به منظور بهبود عملکرد اتوماتای سلولی ژنتیکی پیشنهاد میشود. این مکانیزم در فواصل مشخص به تغییر همسایگیها و ایجاد آرایش جدید در سلولها می پردازد. مزیت استفاده از این مکانیزم کاهش تعداد همگراییهای زودرس و نامطلوب در همسایگیها و ایجاد فرصت‌های بهتر برای افراد جمعیت به منظور تولید نسل می باشد. به منظور نشان دادن کارایی مکانیزم باز چینی روشهای مختلف باز چینی بر روی مسایل متنوعی مانند مسایل کوله پستی، فروشنده دوره گرد و مینیمم کردن توابع آزمایش شده است.

### کلمات کلیدی

الگوریتمهای ژنتیکی، اتوماتای سلولی، اتوماتای سلولی ژنتیکی، مکانیزم بازچینی

## Rearrangement Mechanism for Genetic Cellular Automata

Mahdi Lessani, Mohmmad Reza Meybodi

### Abstract

Localization of interactions in Genetic Algorithms, in addition to speeding up the execution, improves the results significantly. One of the models for achieving this goal is Genetic Cellular Automata (GCA). In this paper we propose a mechanism called rearrangement mechanism to enhance the performance of GCA. We show that rearrangement of population in GCA could prevent populations from premature convergence in local neighborhoods and gives dissimilar individuals, from different localities, the opportunity to meet each other for reproduction. To show the effectiveness of the proposed rearrangement mechanism it has been tested on several problems including Knapsack, Traveling Sales Person, and Function Optimization problems.

### Keywords

Genetic Algorithms, Cellular Automata, Genetic Cellular Automata, Rearrangement Mechanism

\*آزمایشگاه محاسبات نرم، دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، تهران، ایران؛ [Lessani@ce.aut.ac.ir](mailto:Lessani@ce.aut.ac.ir).  
†آزمایشگاه محاسبات نرم، دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، تهران، ایران؛ [Meybodi@ce.aut.ac.ir](mailto:Meybodi@ce.aut.ac.ir).

## ۱- مقدمه

افزایش کیفیت جواب الگوریتم‌گرد [۳۷] [۱۰-۱۲]. [۱] از دلایل این بهبود کیفیت در انتقال تدریجی اثر یک کروموزوم بر سایر کروموزومها است که باعث می‌شود تا تعصب گزایی در الگوریتم کاهش یابد. یکی از مدل‌هایی که با استفاده از آن فرایند محلی سازی عملگرهای ژنتیکی و ارتباط بین کروموزومها صورت پذیرفته است، اتوماتای سلولی ژنتیکی می‌باشد. اتوماتای سلولی ژنتیکی که از ترکیب الگوریتمهای ژنتیکی و اتوماتای سلولی حاصل شده است به دلیل ماهیت توزیع شدگی براحتی بر روی پردازنده های موازی قابل پیاده سازی است [۲۸] [۳۹] [۳۷].

در این مقاله، برای اولین بار مکانیزی به نام بازچینی برای بهبود عملکرد اتوماتای سلولی ژنتیکی ارائه می‌گردد. این مکانیزم در فواصل مشخص به تغییر همسایگی‌ها و ایجاد آرایش جدید در سلولها می‌پردازد. مزیت این مکانیزم کاهش تعداد همگراییهای زودرس و نامطلوب در همسایگی‌ها و ایجاد فرصت‌های بهتر برای افراد جمعیت به منظور تولید نسل می‌باشد. روشهای باز چینی مختلفی پیشنهاد گردیده و کارایی آنها بر روی مسایل متنوعی مانند مسایل کوله‌پشتی، فروشنده دوره‌گرد و مینیمم کردن توابع مورد ارزیابی قرار گرفته است. ادامه مقاله بدین صورت سازماندهی شده است. در بخش ۲ شرح مختصری بر الگوریتمهای ژنتیکی، اتوماتای سلولی و اتوماتای سلولی ژنتیکی داده میشود و سپس مکانیزم بازچینی مطرح می‌گردد. در بخش ۳ از طریق آزمایش کارایی مکانیزم بازچینی مورد بررسی قرار می‌گردد. بخش‌نهایی مقاله نتیجه گیری می‌باشد.

## ۲- اتوماتای سلولی ژنتیکی

در این قسمت ابتدا الگوریتمهای ژنتیکی و اتوماتای سلولی بطور مختصر شرح داده میشود و سپس اتوماتای سلولی ژنتیکی و مکانیزمهای مختلف باز چینی برای آن ارائه می‌گردد.

**الگوریتم‌های ژنتیکی:** الگوریتمهای ژنتیکی که بر مبنای ایده تکامل در طبیعت عمل نمایند، بر روی جمعیتی از راه‌حل‌های بالقوه به جستجوی راه حل نهایی می‌پردازد. در هر نسل، بهترین‌های آن نسل انتخاب می‌شوند، و پس از زاد و ولد، مجموعه جدیدی از فرزندان را تولید می‌کنند. در این فرایند افراد مناسبتر با احتمال بیشتری در نسلهای بعد باقی خواهند ماند. در آغاز الگوریتم، تعدادی از افراد<sup>۱</sup> - جمعیت اولیه<sup>۲</sup> - به صورت تصادفی ساخته شده و تابع هدف برای تک‌تک آنها ارزیابی می‌شود. اگر شرط رسیدن به جواب برقرار نباشد (به جواب بهینه نرسیده باشیم)، نسل بعدی با انتخاب والدین بر اساس میزان تناسبشان تولید می‌شوند و فرزندان با احتمالی ثابت دچار جهش می‌شوند. سپس میزان تناسب فرزندان جدید محاسبه شده و جمعیت جدید، از جایگزینی فرزندان با والدین ایجاد می‌شود و این فرآیند تا برقرار شدن شرط خاتمه تکرار می‌شود. الگوریتم‌های ژنتیکی از عملگرهای متفاوتی استفاده میکند. تعدادی از این عملگرها که در این مقاله به آنها اشاره شده است در ادامه بطور خلاصه توضیح داده میشود.

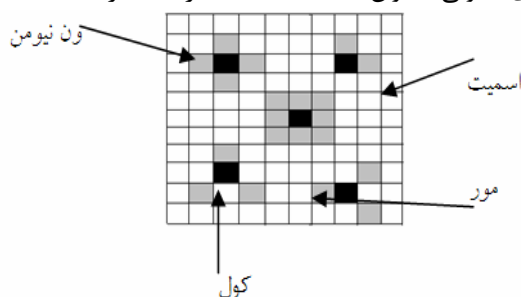
الگوریتمهای تکاملی گروهی از الگوریتمهای بهینه سازی تصادفی می‌باشند که در آنها از قوانین تکاملی موجود در طبیعت بمنظور بهینه سازی استفاده می‌شود. این الگوریتمها معمولاً برای حل مسائل بهینه سازی پارامتری که سایر روشهای رسمی از حل آنها عاجزند مورد استفاده قرار می‌گیرند. دسته بزرگی از این الگوریتمها را الگوریتمهای ژنتیکی تشکیل می‌دهد. الگوریتمهای ژنتیکی کلاسیک به دلیل سادگی و عدم نیاز به معادلات دیفرانسیل پیچیده در حل مسائل پیچیده با فضای جستجوی غیر هموار مورد استفاده قرار می‌گیرند. این الگوریتمها بر پایه انتخاب و ترکیب مجدد جوابهای مجاز مساله کار می‌کنند. مجموعه جوابهای تولید شده در هر دوره الگوریتم را یک نسل و هر کدام از جوابها را یک کروموزوم می‌نامند. هر کروموزوم ترکیبی از متغیرهای مساله است. در بعضی مسائل متغیرهای مساله به هم وابسته و در بعضی دیگر از هم مستقل هستند. ولی همواره ارتباط و تبادل اطلاعات بین کروموزومها از طریق انتخاب و ترکیب مجدد کروموزومها در یک نسل صورت می‌پذیرد. این جابجایی اطلاعات سبب می‌شود تا جوابهای جزئی با یکدیگر ترکیب و احتمالاً جوابهایی با کیفیت بالاتر بدست آیند. اما با وجود ویژگیهای مثبت الگوریتم ژنتیکی استاندارد، این الگوریتم تنها در مواقعی که متغیرها از هم مستقل و یا در فاصله کمی از هم در کروموزومها قرار گرفته باشند، کارایی مناسبی دارد [۳۶]. به عبارت دیگر رفتار الگوریتم ژنتیکی وابستگی شدیدی به پارامترهایی از جمله نحوه تعریف عملگرهای جهش و تولید نسل، احتمال جهش و تولید نسل، اندازه جمعیتها و تعداد نسلهای تولید شده دارد. به همین دلیل گاهی در ترکیب کروموزومها با یکدیگر نه تنها بهبودی در کیفیت در جوابها حاصل نمی‌شود، بلکه الگوریتم در نقاط بهینه محلی به دام می‌افتد. به منظور رفع این مشکل نسخه های متعددی از الگوریتمهای ژنتیکی بوجود آمده اند، که می‌توانیم آنها را به سه دسته تقسیم کنیم. دسته اول الگوریتمهایی هستند که در آنها عملگرهای ژنتیکی همزمان با فرایند تکامل به صورت خودکار بهبود می‌یابند [۳۸] در دسته دوم به طور مشابه نحوه بازنمایی مساله همزمان با تکامل متحول می‌شود [۲۵] دسته سوم الگوریتمها نیز با ساخت مدل‌های احتمالاتی از متغیرها سعی در افزایش سرعت همگرایی به سمت جواب مناسب می‌کنند [۲۹-۳۲] [۲۵] [۲۰-۲۲].

ویژگی دیگر الگوریتم ژنتیکی استاندارد این است که هر کروموزوم می‌تواند با هر کروموزوم دیگری در جمعیت کروموزومها ارتباط داشته و ساختار ارتباطی به صورت یک گراف کامل می‌باشد. در سالهای اخیر تلاش محققان برای موازی سازی محاسبات در این حوزه سبب شده تا مساله ارتباطات محلی بین کروموزومها به صورت جدی مطرح شود. تحقیقات صورت گرفته نشان می‌دهد مساله محلی کردن ارتباط بین کروموزومها علاوه بر ساده سازی محاسبات موازی می‌تواند سبب

شوند. روشهای مختلفی برای این انتخاب وجود دارد که تحت عنوان جایگذاری شناخته می‌شود. تعیین روش جایگذاری معمولاً با توجه به روش انتخاب صورت می‌پذیرد.

برای اطلاعات بیشتر در باره الگوریتمهای ژنتیکی میتوان به [18][16][14][6-9][4][3] مراجعه کرد.

**اتوماتای سلولی:** اتوماتای سلولی در اواخر دهه ۱۹۴۰ توسط جان ون نیومن<sup>۱۱</sup> مطرح و پس از او توسط ریاضیدانی بنام استانیسلا اولم<sup>۱۱</sup> به عنوان مدلی برای بررسی رفتار سیستمهای پیچیده پیشنهاد شد. اتوماتای سلولی سیستمهای دینامیکی گسسته‌ای هستند که رفتارشان کاملاً بر اساس ارتباط محلی استوار است. در اتوماتای سلولی، فضا بصورت یک شبکه تعریف می‌گردد که به هر خانه آن یک سلول گفته می‌شود. زمان بصورت گسسته پیش می‌رود و قوانین آن بصورت سرتاسری است که از طریق آن در هر مرحله، هر سلول وضعیت جدید خود را با در نظر گرفتن وضعیت همسایه‌های مجاور خود بدست می‌آورد. اتوماتای سلولی با چهار تایی  $\{\Sigma, d, V, \phi\}$  تعریف می‌شود که در آن  $d$  تعداد ابعاد اتوماتای سلولی،  $V$  حالات همسایه‌ها، و  $\phi$  قانون اتوماتای سلولی است. چهار نمونه از همسایگی‌های معروف در اتوماتای سلولی دو بعدی به نامهای اسمیت، کول، مور و ون نیومن در شکل ۲ نمایش داده شده است. برای اطلاعات بیشتر در باره اتوماتای سلولی میتوان به [1][19][5] مراجعه کرد.



شکل ۲: چهار نمونه از همسایگی‌های معروف در اتوماتای سلولی دو بعدی

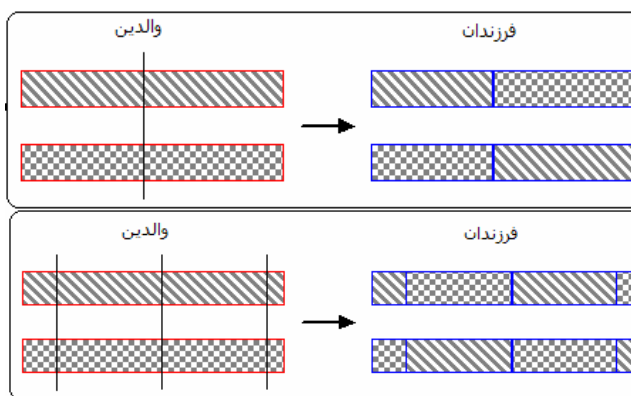
**اتوماتای سلولی ژنتیکی:** اتوماتای سلولی ژنتیکی از ترکیب الگوریتمهای ژنتیکی و اتوماتای سلولی حاصل شده است. در اتوماتای سلولی ژنتیکی جمعیت ژنومها بر روی یک شبکه سلولی قرار می‌گیرند، به نحوی که هر ژنوم در یک سلول قرار گیرد. ژنومها در این مدل محاسباتی به صورت همزمان و از طریق عملگرهای محلی با همسایگان خود تکامل می‌یابند. پژوهشهای صورت گرفته نشان می‌دهد مساله محلی کردن ارتباط بین ژنومها علاوه بر ساده کردن محاسبات موازی می‌تواند سبب افزایش کیفیت جواب بدست آمده گردد [37]. هر سلول در اتوماتای سلولی دارای تعدادی ژن در قالب کروموزوم است که نمایش‌دهنده یک جواب ممکن برای مساله مورد مطالعه می‌باشد. از طرف دیگر ژن‌ها معرف حالت سلول در اتوماتای سلولی هستند. حالت بعدی اتوماتای سلولی (نسل بعدی در این جمعیت) با کمک قوانین

**الف) انتخاب<sup>۴</sup>:** عملگر انتخاب افرادی که نسل جدید را تولید خواهند کرد (والدها) تعیین میکند. این عملگر افراد را با توجه به شایستگی آنها که متناسب با مقدار تابع هدف و یا متناسب با رتبه فرد در جمعیت میباشد انتخاب میکند. یکی از روشهای انتخاب روش انتخاب بهترین میباشد. در این روش، افراد دارای بالاترین رتبه‌ها انتخاب می‌شوند. ساده‌ترین مکانیزم انتخاب روش انتخاب توسط چرخ رولت<sup>۵</sup> است که به آن نمونه برداری تصادفی یا جایگزینی نیز گفته می‌شود.

**ب) باز ترکیبی:** عملگر باز ترکیبی، افراد جدیدی (فرزندان) را با استفاده از اطلاعات موجود در والدین تولید می‌کند. با توجه به نحوه نمایش ژنها، الگوریتمهایی برای باز ترکیبی مقادیر صحیح و گسسته وجود دارند. به عمل باز ترکیبی در حالت گسسته، Crossover گفته می‌شود.

**crossover تک نقطه‌ای<sup>۶</sup>:** در crossover تک نقطه‌ای، یک نقطه  $k$  از میان  $[1, 2, \dots, Nvar-1]$  به طور تصادفی و یکنواخت انتخاب می‌شود. ( $Nvar$  تعداد متغیرها در هر ژن است) عمل ترکیب با تعویض متغیرها در دو طرف این نقطه میان دو والد صورت می‌پذیرد. (شکل ۱- بالا)

**crossover چند نقطه‌ای<sup>۷</sup>:** در این روش،  $m$  نقطه از میان  $[1, \dots, Nvar-1]$  به طور تصادفی، بدون تکرار و به صورت صعودی انتخاب می‌شوند. سپس متغیرهای میان هر دو نقطه متوالی، یکی در میان جابجا می‌شوند. اولین بخش جابجا نخواهد شد. (شکل ۱- پایین)



شکل ۱: crossover تک نقطه‌ای (بالا) و چند نقطه‌ای (پایین)

**جهش<sup>۸</sup>:** پس از ایجاد هر فرزند، امکان جهش بر روی ژنهای آن وجود دارد، بدین صورت که متغیرها با احتمال کمی دچار تغییرات کوچکی می‌شوند. احتمال جهش در هر متغیر با معکوس تعداد متغیرهای موجود در هر کروموزوم متناسب است. هر چه تعداد متغیرها بیشتر باشد احتمال جهش هر متغیر کمتر خواهد شد.

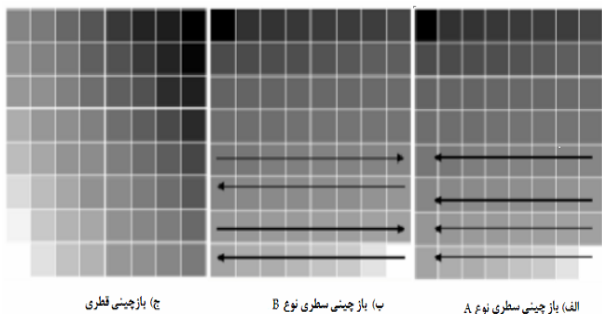
**جایگذاری<sup>۹</sup>:** پس از آنکه فرزندان جدید با استفاده از جمعیت قدیمی ساخته شدند و میزان شایستگی آنها نیز تعیین گردید، می‌بایست یک نسل جدید از میان فرزندان و والدین موجود انتخاب

- **چینش مرکزی (چینش حلزونی):** در چینش مرکزی بهترین فرد در وسط قرار می‌گیرد، و افراد دیگر به ترتیب نزولی شایستگی، به صورت مارپیچی، به دور آن چیده می‌شوند. (شکل ۲-د)

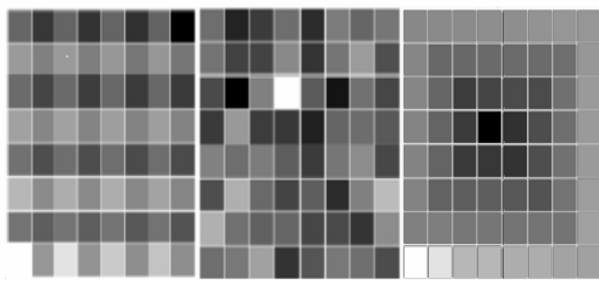
بازچینی حداکثر فاصله: در بازچینی حداکثر فاصله برخلاف چهار روش قبل، سعی شده افرادی که در مجاورت همدیگر قرار دارند دارای حداکثر اختلاف در شایستگی باشند (شکل ۲-و).

- **بازچینی تصادفی:** در بازچینی تصادفی موقعیت جدید افراد به صورت تصادفی تعیین می‌شود (شکل ۲-ه).

گرچه عمل باز چینی می‌تواند در حین اجرای اتوماتای سلولی ژنتیکی به هر تعداد دفعات تکرار شود ولی افزایش تعداد باز چینی ها باعث افزایش زمان اجرای الگوریتم میگردد.



الف) بازچینی سطری نوع A (ب) بازچینی سطری نوع B (ج) بازچینی سطری



د) بازچینی مرکزی (ه) بازچینی تصادفی (و) بازچینی حداکثر فاصله

شکل ۳- از چپ به راست، روشهای بازچینی سطری (الف و ب)، قطری، حداکثر فاصله، تصادفی و مرکزی

### ۳- نتایج آزمایشها

در این بخش ابتدا مسایل مورد آزمایش شرح داده میشود و سپس نتایج آزمایشها ارایه میگردد.

**الف) مساله کوله‌پشتی<sup>۱۳</sup>:** در این مساله، یک کوله‌پشتی و تعدادی بسته مفروضند. هر بسته دارای حجم و ارزش معینی می‌باشد. از طرفی کوله‌پشتی نیز ظرفیت معینی دارد، یعنی مجموع حجم بسته‌هایی که می‌تواند در آن قرار بگیرد می‌بایست از مقدار ثابتی تجاوز نکند. مساله از این قرار است که می‌خواهیم طوری بسته‌ها را برای قرار دادن در کوله‌پشتی انتخاب کنیم که ارزش بسته‌ها حداکثر شود [14].

**ب) مساله فروشنده دوره‌گرد:** در مساله فروشنده دوره‌گرد<sup>۱۴</sup> هدف پیدا کردن توری است با کمترین هزینه که از یک شهر شروع شده، کلیه شهرها را فقط یکبار بازدید نماید و سپس به شهر آغازین بر گردد. [20] [2].

اتوماتای سلولی که در واقع قوانین تولید نسل میباشند تولید می‌گردد. مدل اتوماتای سلولی ژنتیکی دارای دو تفاوت عمده با اتوماتای سلولی میباشد. اولاً مجموعه حالات یک سلول در اتوماتای سلولی ژنتیکی بسیار بزرگتر از مجموعه حالات در اتوماتای سلولی می‌باشد و ثانیاً در اتوماتای سلولی ژنتیکی قوانین مورد استفاده عملگرهای ژنتیکی غیر قطعی می‌باشند. جدول ۱ تناظر میان اجزای الگوریتم ژنتیکی و اتوماتای سلولی ژنتیکی را نشان میدهد.

جدول ۱- الگوریتم ژنتیکی سلولی و الگوریتم ژنتیکی کلاسیک

اتوماتای سلولی ژنتیکی	الگوریتم ژنتیکی کلاسیک
سلول	فرد
شبکه سلولها	جمعیت
حالت سلول	کروموزوم
قوانین	عملگرهای ژنتیکی
همسایگی	-

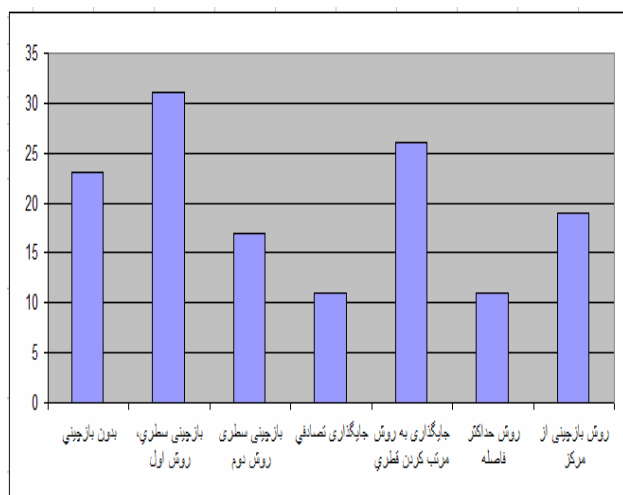
### مکانیزم بازچینی سلولها<sup>۱۲</sup>: بازچینی سلولها، در اتوماتای

سلولی ژنتیکی، که در این مقاله مطرح شده است، مکانیزمی است که از طریق آن میتوان نحوه قرار گرفتن کروموزومها در شبکه سلولهای اتوماتای سلولی ژنتیکی را تغییر داد. عمل باز چینی باعث ایجاد همسایگی‌های جدید برای سلولها می‌گردد. یکی از خصوصیات اتوماتای سلولی ژنتیکی این است که معمولاً پس از چند نسل خصوصیات مشترک مابین همسایه‌ها افزایش مییابد و منجر به تشکیل گونه‌های بزرگی در همسایگیهای محلی میشود. البته این امر تا حدی مطلوب است زیرا که این خاصیت سبب می‌شود به جای اینکه جستجو در تمام نقاط بطور مستقل دنبال شود (مانند الگوریتم ژنتیکی)، جستجوهای هدفمند در همسایگیها انجام گردد. ولی این پدیده ممکن است باعث ایجاد همگراییهای زود هنگام در همسایگی‌ها شده و باعث گردد که جستجو منحصر به چند ناحیه کوچک در فضای مساله شود. مکانیزم بازچینی از طریق تجدید نظر در همسایگی‌ها، علاوه بر جلوگیری از همگرایی زود هنگام، این فرصت را فراهم می‌آورد تا ژنهایی در مجاورت یکدیگر قرار گیرند که احتمالاً برای زاد و ولد مناسبتر هستند. چند مکانیزم بازچینی که در این مقاله مطرح و در آزمایشها مورد بررسی قرار گرفته‌اند به شرح زیر است. برای اطلاعات بیشتر در باره این بازچینی‌های می‌توان به [28] مراجعه کرد.

- **بازچینی سطری:** در بازچینی سطری افراد جمعیت در هر سطر توری توری به بر حسب شایستگی آنها مرتب می‌شوند. این روش بازچینی باعث میشود افراد با شایستگی مشابه در نزدیکی یکدیگر قرار گیرند. (شکل ۳)

- **بازچینی قطری:** در بازچینی قطری افراد جمعیت بر حسب شایستگی مرتب شده و به صورت پشت‌سرهم در قطره‌های توری چیده می‌شوند. همانند باز چینی سطری این روش بازچینی باعث میشود افراد با شایستگی مشابه در نزدیکی یکدیگر قرار گیرند (شکل ۲-ج).

همانطور که در نمودارها ( نمودار ۱) مشاهده می‌شود؛ از لحاظ سرعت رسیدن به جواب ( تعداد نسلهها ) روشهای سوم و چهارم سریعتر هستند، در حالیکه الگوریتم ژنتیکی کلاسیک، مانند روش دوم با سرعتی بسیار پایین به جواب بهینه میرسد. بدین ترتیب، الگوریتم ژنتیکی کلاسیک، آخرین روشی است که به جواب می‌رسد. همچنین مشاهده شده است که الگوریتم ژنتیکی کلاسیک و روش محلی با انتخاب چرخ‌رولت، در مقایسه با سایر روشها دارای سرعت همگرایی پایین تری میباشد. همچنین زمان لازم برای تولید هر نسل در الگوریتم ژنتیکی کلاسیک نسبت به تمامی روشهای اتوماتای سلولی ژنتیکی به طور معنی‌داری بیشتر است.

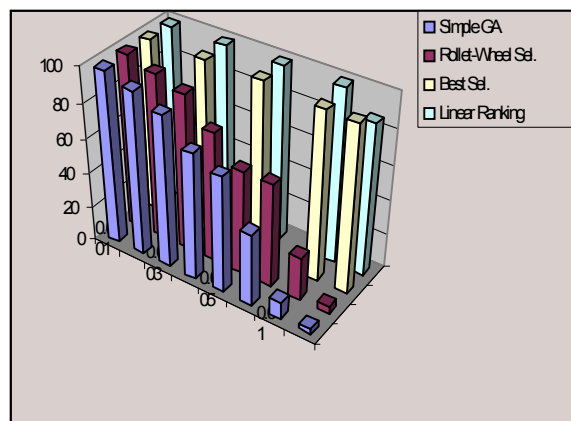
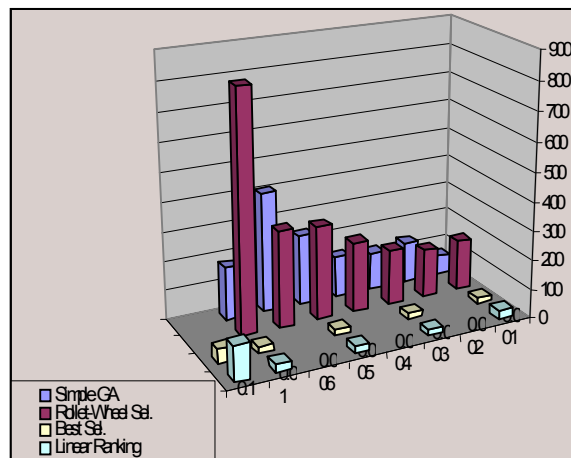


نمودار ۲- مقایسه زمان دست‌یابی به حداقل یک جواب بهینه در حالات مختلف بازچینی (مسأله کوله‌پشتی، مدت انتخاب: انتخاب بهترین، نرخ جهش ۰.۰۱)

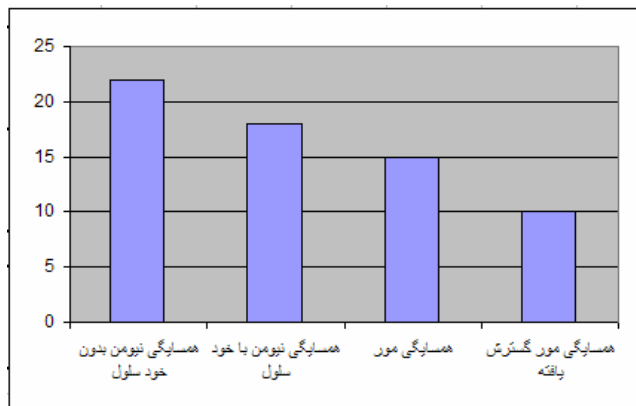
در ادامه آزمایشها، تاثیر پارامترهای مختلف اتوماتای سلولی ژنتیکی در عملکرد آن مورد مطالعه قرار میگیرد. یکی از این پارامترها نوع بازچینی و فواصل زمانی میان انجام بازچینی‌ها می‌باشد. همانطور که در نمودار ۲ مشاهده می‌شود، سرعت دستیابی به جواب زمانیکه بازچینی استفاده میشود در مقایسه با حالت بدون بازچینی بهبود می‌یابد. در آزمایشها مشاهده شد که بازچینی تصادفی و بازچینی حداکثر فاصله از نتایج مطلوب‌تری برخوردار بودند. پس از این دو بازچینی به ترتیب بازچینی سطری ب، بازچینی از مرکز، بازچینی قطری و سطری الف قرار می‌گیرند. آخرین آزمایش به منظور تاثیر سه نوع همسایگی نیومن، مور و مور گسترش‌یافته بر چگونگی رسیدن به جواب انجام گرفته است. نتایج این آزمایش نشان داد که هر چه تعداد همسایگی‌ها بیشتر باشد همگرایی جمعیت (تعداد سلولهای همگرا شده به جواب) بیشتر و زمان رسیدن الگوریتم به جواب بهینه نیز کمتر می‌شود. (نمودار ۵)

**ج) مسأله مینیمم کردن تابع:** در این مسأله هدف پیدا کردن مقدار مینیمم سراسری یک تابع در یک بازه‌ای مفروض میباشد. [3]

برای حل مسایل فوق از دو روش الگوریتم ژنتیکی کلاسیک و اتوماتای سلولی ژنتیکی استفاده و نتایج بدست آمده با یکدیگر مقایسه گردیده است. تاثیر بعضی از پارامترهای اساسی (نظیر روش انتخاب و احتمال جهش) در الگوریتم ژنتیکی کلاسیک و پارامتر همسایگی، روشهای باز چینی و روشهای جایگذاری بر عملکرد اتوماتای ژنتیکی سلولی نیز مورد بررسی قرار گرفته است. آزمایشها برای اتوماتای سلولی ژنتیکی با سه اندازه ۲۰ × ۲۰، ۴۰ × ۴۰ و ۶۰ × ۶۰ انجام شده است. نرخ جهش بین ۰.۰۱ تا ۰.۱ تغییر میکند. نتایج آزمایشها با انتخاب جمعیت اولیه متفاوت چندین بار تکرار شده و مقادیر نهایی، پس از حذف داده‌های غیرقابل قبول، با میانگین‌گیری از نتایج بدست آمده است. در آزمایشها چهار الگوریتم، ژنتیکی ساده ( مکانیزم انتخاب سراسری، چرخ رولت )، اتوماتای سلولی ژنتیکی ( مکانیزم انتخاب محلی چرخ رولت )، اتوماتای سلولی ژنتیکی ( مکانیزم انتخاب بر اساس بهترین همسایه ) و اتوماتای سلولی ژنتیکی ( مکانیزم انتخاب محلی براساس رتبه توسط چرخ رولت ) مورد مقایسه قرار گرفته اند.



نمودار ۱- بالا: زمان رسیدن به جواب بهینه در چهار الگوریتم، با تغییر نرخ جهش در مسأله کوله‌پشتی  
پایین: میزان همگرایی در چهار الگوریتم، با تغییر نرخ جهش در مسأله کوله‌پشتی



نمودار ۵- زمان رسیدن به جواب بهینه بر حسب مدل همسایگی برای

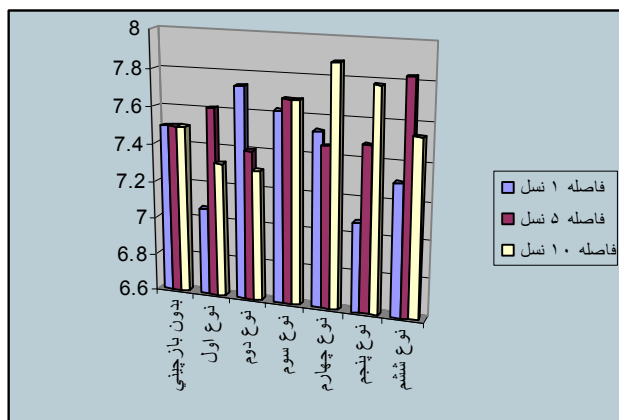
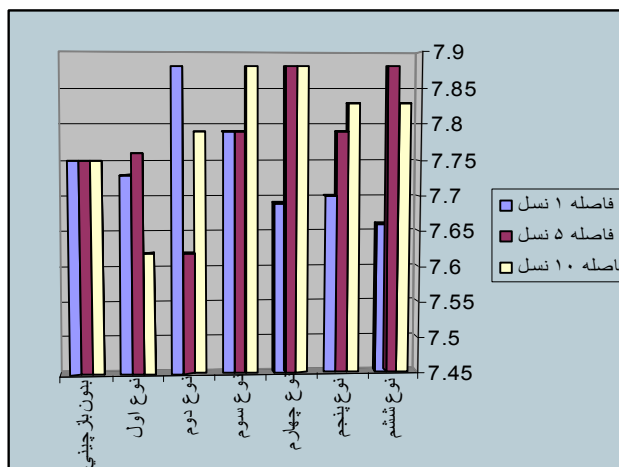
مسأله کوله‌پشتی و نرخ جهش ۰.۰۱

#### ۴- نتیجه گیری

در این مقاله مکانیزم بازچینی به منظور بهبود عملکرد اتوماتای سلولی ژنتیکی پیشنهاد گردید. مکانیزم بازچینی باعث کاهش تعداد همگراییهای زودرس و نامطلوب در همسایگی‌ها و ایجاد فرصت‌های بهتر برای افراد جمعیت به منظور تولید نسل میشود. روشهای باز چینی مختلفی مورد آزمایش قرار گرفت و کارایی آنها برای مسایل متنوعی مانند مسایل کوله‌پشتی، فروشنده دوره‌گرد و مینیم کردن تابع نشان داده شد. نتایج حاکی از این امر بود که تقریباً در اکثر موارد روش اتوماتای سلولی ژنتیکی با مکانیزم بازچینی انتخاب بهترین همسایه، از الگوریتم ژنتیکی کلاسیک، در زمان رسیدن به جواب و تعداد همگراییها بهتر از الگوریتم ژنتیکی کلاسیک عمل می‌کند. این اختلاف در مساله کوله‌پشتی بسیار چشمگیرتر از مسایل فروشنده دوره‌گرد و مینیم کردن تابع می‌باشد. آزمایشها نشان دادند که استفاده از اتوماتای سلولی ژنتیکی احتمال گیرافتادن در مینیم‌های محلی را در مقایسه با الگوریتم ژنتیکی کلاسیک کاهش میدهد. همچنین زمان اجرا در تمامی روشهای بازچینی بخصوص روش انتخاب بهترین همسایه، به طور معنی‌داری کمتر از الگوریتم ژنتیکی کلاسیک می‌باشد. در ادامه تاثیر مکانیزم بازچینی در نتایج حاصل از اتوماتای سلولی ژنتیکی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج آزمایشها نشان داد که روشهای چینش تصادفی و چینش حداکثر فاصله، جوابهای بهتری در مقایسه با سایر چینشها تولید میکنند.

#### مراجع

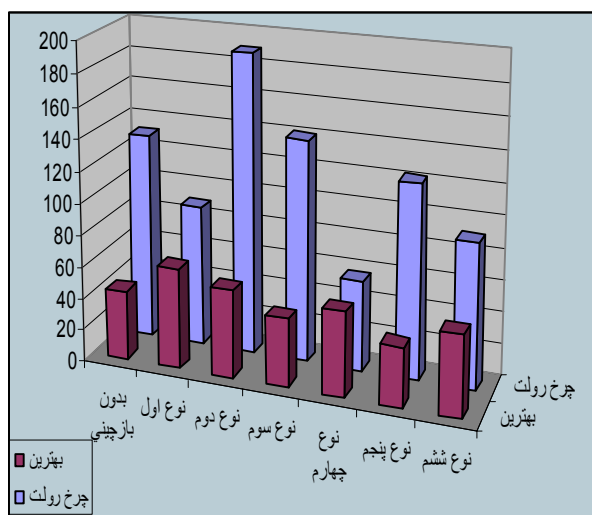
- [1] Alba, E. and Troya, J., "Cellular Evolutionary Algorithms: Evaluating the Influence of Ratio", Proceedings of the Parallel Problem Solving from Nature VI, Schoenauer, M. et al. (eds.) Springer-Verlag, pp. 29-38, 2000.
- [2] K. Bryant, Genetic Algorithms and the Traveling Salesman Problem, Thesis, Harvey Mudd College, Dept. of Mathematics, 2000.



نمودار ۳- نمودارهای بهترین شایستگی و مقدار همگرایی جمعیت در

انواع بازچینی، مساله فروشنده دوره گرد ( نرخ جهش ۰.۰۱ در هر

کروموزوم، ابعاد ۲۰×۲۰)



نمودار ۴- تعداد نسلهای لازم برای رسیدن به جواب بهینه با

مکانیزمهای مختلف انتخاب در مساله مینیم کردن تابع

- Learning”, Technical Report CMU-CS-94-163, Carnegie Mellon University, Pittsburgh, Pennsylvania, 1994.
- [21] Baluja, S., and Caruana, R., "Removing The Genetics from The Standard Genetic Algorithm", In Proceedings of ICML'95, pp. 38-46, Morgan Kaufmann Publishers, Palo Alto, CA, 1995.
- [22] De Bonet, J. S., Isbell, C. L., and Viola, P., "MIMIC: Finding Optima by Estimating Probability Densities", In Proceedings of NIPS'97, pp. 424-431, MIT Press, Cambridge, MA, 1997.
- [23] Goldberg, D. E., Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley, New York, 1989.
- [24] Smith, J., and Fogarty, T. C., "Self Adaptation of Mutation Rates in a Steady State Genetic Algorithm”, Proceedings of 3rd IEEE Conf. on Evolutionary Comp. IEEE Press, 1996.
- [25] Harik, G. R., Lobo, F. G., and Goldberg, D. E., "The Compact Genetic Algorithm", IEEE Transaction on Evolutionary Computing, vol. 3, no. 4, pp. 287-297, 1999.
- [26] Howell, M. N., Gordon, T. J., and Brandao, F. V., "Genetic Learning Automata for Function Optimization”, IEEE Transaction on Systems, Man, and Cybernetics-Part B: Cybernetics, Vol 32, No. 6, PP. 804-815, 2002.
- [27] Mühlenbein, H., and Mahnig, T., "Evolutionary Algorithms: From Recombination to Search Distributions”, Theoretical Aspects of Evolutionary Computing, Springer Publication, 2001.
- [28] Lessani, M. and Meybodi, M. R. "Genetic Cellular Automata", Technical Report, Computer Engineering Department, Amirkabir University, 2004.
- [29] Tomassini, M., "The Parallel Genetic Cellular Automata: Application to Global function Optimization”, Proceedings of International Artificial Neural Nets and Genetic Algorithms Conference, Austria, pp. 385-391, Springer, Wein, 1993.
- [30] Mühlenbein, H., and Pelikan, M., "The Bivariate Marginal Distribution Algorithm”, Advances in Soft Computing-Engineering Design and Manufacturing, pp. 521-535, 1999.
- [31] Munetomi, M., Takai, Y., and Sato, Y., "StGA: An Application of Genetic Algorithm to Stochastic Learning Automata”, Syst. Comput. Jpn., vol. 27, pp. 68-78, 1996.
- [32] Pelikan, M., Goldberg, D. E., and Cant-Paz, E., "Linkage Problem, Distribution Estimation and Bayesian Networks”, Evolutionary Computation, vol. 8, no. 3, pp. 311-340, 2000.
- [33] Pelikan, M., Goldberg, D. E., and Lobo, F., "A Survey of Optimization by Building and Using Probabilistic Model”, Illinois Genetic Algorithm Report, no. 99018, Illinois University, Illinois, USA, September 1999.
- [34] Rastegar, R. and Meybodi, M. R., "A New Estimation of Distribution based on Learning
- [3] Burke, E. K. and Varley, D. B., A Genetic Algorithms Tutorial Tool for Numerical Function Optimisation, SIGCSE Bulletin, USA, 1997.
- [4] Cantu-Paz, E., A Survey of Parallel Genetic Algorithms, IlliGAL Reprint No. 97003, May 1997.
- [5] Cellular Automata Links, <http://www.soc.surrey.ac.uk/research/simsoc/ca.html>.
- [6] Pohlheim, H., Genetic and Evolutionary Algorithm Toolbox for use with Matlab (GEATbx), [http://www.systemtechnik.tu-ilmeneau.de/~pohlheim/GA\\_Toolbox](http://www.systemtechnik.tu-ilmeneau.de/~pohlheim/GA_Toolbox).
- [7] Genetic Algorithms Archive, Repository for GA related information., <http://www.aic.nrl.navy.mil/galist>.
- [8] Genetic Algorithms Tutorials, <http://geneticalgorithms.ai-depot.com/Tutorials.html>, July 2002.
- [9] Genetic Programming Notebook, <http://www.geneticprogramming.com>.
- [10] Kohlmorgen, U., Schmeck, H. and Haase, K., Experiences with Fine-Grained Parallel Genetic Algorithms, Annals of Operations Research, Vol.90, S.203-219, 1999.
- [11] Mitchell, M., Crutchfield, J. and Das, R., "Evolving Cellular Automata with Genetic Algorithms: A Review of Recent Work”, Proceeding of First International Conference on Evolutionary Computation and Its Applications, EvCA'96, Moscow, Russian Academy of Sciences, 1996.
- [12] Rudolph, G. and Sprave, J., "A Cellular Genetic Algorithm with Self-Adjusting Acceptance Threshold”, Proceedings of the First International Conference on Evolutionary Computation and Its Applications, Russian Academy of Sciences, 1996.
- [13] Spillman, R., Cryptanalyst of Knapsack Ciphers Using Genetic Algorithms, Cryptologia, Volume XVII, No. 4, pp. 367 - 377, October 1993.
- [14] Rennard, J., Introduction to Cellular Automata, [www.rennard.org/alife/english/acgb.html](http://www.rennard.org/alife/english/acgb.html), 2000.
- [15] Veetil, S., "A Genetic Algorithm for 0/1 Knapsack Problem", Lecture Notes on Analysis of Algorithms, [www.cs.uwm.edu/sandhya/reports/GA401Knapsack.pdf](http://www.cs.uwm.edu/sandhya/reports/GA401Knapsack.pdf).
- [16] Wolfram, S., "Cellular Automata as Models of Complexity", Nature, 311, pp. 419-424, 1984.
- [17] Lawler, E. and Lenstra, J. K., The Traveling Salesman, John Wiley and Sons, 1986.
- [18] A. Schatten, Cellular Automata Digital Worlds, <http://www.ifs.tuwien.ac.at/~aschatt/info/ca/ca.html>, 1999.
- [19] Cantú-Paz, E. "A Survey of Parallel Genetic Algorithms, A Survey of Parallel Genetic Algorithms", Calculateurs Paralleles, Reseaux et Systems Repartis. Vol. 10, No. 2, pp. 141-171., 2002.
- [20] Baluja, S., "Population Based Incremental Learning: A Method for Integrating Genetic Search Based Function Optimization and Competitive

- Automata ", Journal of Electrical and Computer Engineering of Iran, Vol. 2, No. 2, Fall/Winter 2005.
- [35] Rastegar, R., and Meybodi, M. R., "A New Estimation of Distribution Algorithm based on Learning Automata", Proceedings of IEEE Conference in Advances Artificial Intelligence: Theory and Application (AISTA 2004), Luxemburg, October 2004.
- [36] Rastegar, R., and Meybodi, M. R., "A New Evolutionary Computing Model based on Cellular Learning Automata", Proceedings of IEEE conference on Cybernetics and Intelligent Systems 2004 (CIS2004), Singapore, December 2004.
- [37] Rastegar, R., and Meybodi, M. R., "LAEDA: A New Evolutionary Algorithm using Learning Automata", Proceedings of 10th Annual International Computer Society of Iran Computer Conference CSICC2004, Sharif university, Tehran, Iran, 2004.
- [38] Riopka, T. P., and Bock, P., "Intelligent Recombination Using Individual Learning in a Collective Learning Genetic Algorithm", Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conf. (GECCO-2000), pp. 104-111, Morgan Kaufmann, 2000.
- [39] Rudolph, G., and Joachim, S., "A Cellular Genetic Algorithm with Self-Adjusting Acceptance Threshold", Genetic Algorithms in Engineering Systems: Innovations and Applications, Conference Publication, no. 414, pp. 365-372, 1995.

## زیر نویس ها

- 
- <sup>1</sup> Genetic Cellular Automata ( GCA )
  - <sup>2</sup> Individuals
  - <sup>3</sup> Initial Population
  - <sup>4</sup> Selection
  - <sup>5</sup> Roulette-wheel Selection
  - <sup>6</sup> Single-Point Crossover
  - <sup>7</sup> Multipoint Crossover
  - <sup>8</sup> Mutation
  - <sup>9</sup> Reinsertion
  - <sup>10</sup> John von Neumann
  - <sup>11</sup> Stanislaw Ulam
  - <sup>12</sup> Rearrangement
  - <sup>13</sup> Knapsack
  - <sup>14</sup> TSP