



## فصل ۳۶ - الگوریتم‌های ژنتیک

### تکامل بیولوژیکی

در حدود سال‌های ۱۸۵۰ گریگور مندل<sup>۱</sup> تئوری خویش مبنی بر تعریف ژن‌ها<sup>۲</sup> بنا نهاد. ژنها عملاً کدهای اطلاعاتی هستند که در بدن موجودات زنده بطور لایتنی وجود دارند. هر ژن یک عامل تعیین‌خصوصیت ویژه‌ای از موجود زنده می‌باشد. مجموعه کامل ژن‌ها توصیف‌کننده مشخصات و عوارض بدن موجود زنده می‌باشد. این فرضیه موسوم به تئوری ژنتیک<sup>۳</sup> می‌باشد. ژن‌ها به‌طور عملی توسط ملکول‌های بسیار پیچیده‌ای به نام DNA و یا کروموزم<sup>۴</sup> کد شده‌اند. هر سلول در بدن یک ارگانسیم زنده یک کپی از همه کروموزم‌های مختلف را در خود دارد. در نتیجه هر سلول یک نمونه کامل اطلاعاتی از کل ارگانیزم را با خود حمل می‌کند. در طول رشد یا تکامل یک ارگانسیم، ملکول‌های DNA برای کپی‌برداری (توارث) و انتقال اطلاعات از سلول والد یا سلول‌های والدین به سلول‌های جدیدالولاده استفاده می‌شوند. چند سال بعد از ارائه تئوری ژنتیک، چارلز داروین<sup>۵</sup> در سال ۱۸۵۹، نظریه "منشاء انواع"<sup>۶</sup> را منتشر نمود. در این تئوری او به شرح و بسط نحوه تکامل موجودات زنده در قالب یک پدیده طبیعی می‌پردازد. تئوری ژنتیک مندل می‌توانست کمک بزرگی به داروین بنماید، ولی متأسفانه داروین از مفاد آن بی‌اطلاع بود. به هر حال، یک مشخصه مهم تئوری، تفوق بیشتر و شانس بقای انواع موجودات زنده قویتر یا سازگارتر با محیط، در طول زندگی و حتی نسل‌های بعدی می‌باشند. به عبارت ساده، قوی‌بینه‌ها و سازگارترها زنده می‌مانند و این ویژگی را به فرزندان خود منتقل می‌کنند. داروین به این مسئله، عبارت و اصطلاح "انتخاب طبیعی"<sup>۷</sup> اطلاق می‌کند. بدین ترتیب، یک رشد تکاملی سریع از موجوداتی خواهیم داشت که بهتر از والدین و نسل‌های قبل ترشان با محیط خودشان تعامل داشته و خو می‌گیرند [۱، ۲].

### تناظر مسائل بهینه‌سازی با پدیده انتخاب طبیعی

در بسیاری از راه‌حل‌های مهندسی برای مسائل علمی و عملی، استفاده از سینتریزم و نوعی سایبرنتیک متداول گردیده است. از بخش سخت‌افزاری می‌توان از پرواز سنجاقک برای پرواز هلی‌کوپتر ایده گرفت یا بر اثر مشاهده و آزمایشات تجربی روی پرواز کور (!) خفاش‌ها به سنتز و طراحی و ساخت رادار پرداخت. در بخش نرم‌افزاری نیز می‌توان به نوعی از تناظر و آنالوژی شعور جاری در طبیعت بهره گرفت. یک مورد از استفاده هوشمندانه از این دست، طرح و حل مسائل بهینه‌سازی مهندسی با آنالوژی انتخاب طبیعی می‌باشد. معمولاً در اثر مشاهده قوانین طبیعی، دو دیدگاه متصور و سپس متصدق می‌شود. یکی فرضیه‌سازی (در باره عملکرد، منشاء پیدایش و کشف راز آفرینش) و دیگری تعمیم‌دادن به عوالم و افکار دیگر از کانال برقراری آنالوژی و تناظر مفهومی بین دو سیستم فکری جاری متناظر. به‌طور مثال تنوع و تکرار ارگانسیم‌های مختلف بسیار اعجاب‌انگیز و قطعاً سوال‌برانگیز است.

<sup>1</sup> Gregur Mendel

<sup>2</sup> genes

<sup>3</sup> genetics

<sup>4</sup> Chromosomes

<sup>5</sup> Charles Darwin

<sup>6</sup> Origin of Species

<sup>7</sup> Natural Selection



در یک نگاه دیگر، آگاهی از سطح و میزان پیچیدگی متفاوت در خود افراد آن جامعه نباتی یا حیوانی می‌باشد. حال سوال اینجاست، اینها چگونه بوجود آمده‌اند، اصلا چرا اینطور است؟ شایان ذکر است که بخش بزرگی از علوم مهندسی شارح و مقلد «چگونگی» کارکرد این سیستم‌های زنده می‌باشد، در حالیکه حوزه بحث ما در این بخش، «دانش چرایی» است. این امید را داریم که با فهم و تحلیل این «چرایی»ها، به کپی برداری انتزاعی و سپس به تصرف مبادی و ارکان آن برای تامین آبجکتیوهای مهندسی مسئله خودمان (بهینه‌سازی) پردازیم. به بیان روشن‌تر، وضع موجود را حاصل تکرارها، اصطکاکات و تعامل انواع و اقسام نیروهای معلوم و مجهول بدانیم ولی آن را در قالب یک نبرد و تنازع بقا بدانیم. تابع هدف نیز نوعی خودخواهی فردی و/یا جمعی می‌باشد، یعنی (به زبان کیفی) «زنده ماندن». هر که برزنده‌تر، سازگارتر و قوی‌تر باشد، از اقبال بیشتری برای بقا و زنده ماندن برخوردار است. مسئله کمی کردن این درجه برزندگی که از خواص و مشخصه‌های علوم جدید مهندسی است، یک امر پسینی است و بعدا اتفاق می‌افتد. عجلتا در مقام برقراری یک ساختار ذهنی و تناظری پایه‌ای هستیم. فرآیند تکامل نیز متکی به موتور و مکانیسمی است که با تقریب مشخصه‌های خاصی از تیپ افراد، آنها را تطبیقی‌تر، سازگارتر و جورتر می‌سازد. خود محیط و اصطکاکات موجود اعم از عامل حرکت و مانع پیشرفت به منزله همان قیود در مسائل بهینه‌سازی هستند.

### ترمینولوژی فرآیند تکامل بیولوژیکی

برای شروع بحث راجع به نحوه جمع شدن این همه موجود زنده در حال تعامل و به خصوص نحوه تکامل آن باید دو جزء اصلی و مفهومی را مورد مطالعه قرار دهیم: علم ژنتیک و مفهوم تکامل. بیولوژیست‌های مدرن فرضیه‌ای دارند مبنی بر اینکه چگونه انتخاب طبیعی برگزار یا برقرار می‌گردد! و آن به طور خلاصه و ساده اینست که «تکامل از کانال سنتز ژنتیک می‌گذرد». قبل از جراحی این مفهوم لازمست موضع خودمان را در برابر دو دیدگاه تکامل ماکروسکوپی و میکروسکوپی بیان کنیم. مفاهیم تکامل کلان یا ماکروسکوپی که توضیح و تبیین نظریه انقسام گروه‌ها و جمعیت‌های موجودات و ارگانیسم‌های زنده می‌پردازد، حال آنکه تکامل خرد یا میکروسکوپی، به خصوصیات داخلی و ویژگی‌های افراد فقط یک گروه خاص می‌پردازد. آنالوژی پیش گفته (بهینه‌سازی با تکامل انواع) در مقام تکامل خرد می‌باشد و در این مقال، فقط به همان می‌پردازیم. بدین ترتیب، باید به اصطلاحات و مفاهیم بیولوژیکی خرد، یعنی وراثت (حفظ ویژگی‌ها) در سطح سلول پردازیم. ژن‌های یک موجود زنده همیشه روی یک جفت کروموزوم به فرم (مادی) شیمیایی دی‌اکسی‌ریبونوکلئیک اسید<sup>8</sup> سوار است. این ملکول پیچیده (یعنی DNA) به فرم یک مارپیچ دوبله بوده و الگوی توالی ملکولی آن را می‌توان حمل بر نوعی بار اطلاعاتی یا کُدگذاری نمود که تعیین کننده توالی آنزیم‌ها و سایر پروتئین‌های آن موجود زنده می‌باشد. این توالی لایتنی است و موسوم به کد ژنتیک<sup>9</sup> می‌باشد. هر سلول از موجود زنده شامل همان تعداد جفت کروموزوم است. به طور مثال برای سلول‌های یک پشه این تعداد ۶ تا می‌باشد، در حالی که ۲۶ تا برای قورباغه، ۴۶ تا برای نوع انسان و ۹۴ تا برای ماهی حوض (ماهی قرمز) می‌باشد. ژن‌ها از نظر فانکشنال به دو شکل متفاوت ظاهر می‌شوند. هر کدام از این دو نوع مود موسوم به آلل<sup>10</sup> می‌باشد. به طور مثال، یک نفر آدم ممکنست دارای آلل چشم قهوه‌ای باشد و آلل دیگر مربوط به چشم آبی‌بودن. ترکیب این آلل‌ها روی کروموزوم‌ها، ویژگی‌ها و مشخصه‌های فرد را معلوم می‌کنند. معمولا یکی از آلل‌ها غالب و دیگری مغلوب است. به همین خاطر برای فرد چشم آبی مزبور معلوم می‌شود که آلل چشم آبی‌بودن غالب بوده‌است و دیگری مغلوب. شایان ذکر است که هنگام

<sup>8</sup> DeoxyriboNucleic Acid - DNA

<sup>9</sup> Genetic Code

<sup>10</sup> Allele



وراثت هر دو آلل منتقل می‌شوند ولی الزاما آلل غالب در والدین، همچنان در فرزند(ان) غالب باقی نمی‌ماند! (البته مگر اینکه آن والد(ه) دیگر نیز دارای آلل غالب چشم آبی باشد.)

به‌هر حال انتقال ویژگی‌های والدین به فرزندان (مساله وراثت) از طریق ژن‌ها (نظریه اول مندل) و آن‌ها نیز به‌نوبه خود از طریق آلل‌ها صورت می‌گیرد. اگر آلل‌های جفت ژن‌های والدین مثل هم باشند، آنها هموزیگوس<sup>۱۱</sup> و در صورت مغایرت هتروزیگوس<sup>۱۲</sup> هستند. در مورد رنگ چشم، ترکیب آلل‌های قهوه‌ای-آبی یا آبی-قهوه‌ای هتروزیگوس و آبی-آبی یا قهوه‌ای-قهوه‌ای هموزیگوس هستند. ویژگی مشاهده شده (واقعیت) از فرزند مولود موسوم به فنوتایپ<sup>۱۳</sup> بوده در حالیکه ترکیب محتمل و ممکن آلل‌ها موسوم به ژنوتایپ<sup>۱۴</sup> می‌باشد. یک تاس معمولی دارای ژنوتایپ شش وجهی (شش شماره‌ای) است در حالیکه برای تشخیص فنوتایپ (مصدق) آن باید تاس را پرتاب کنیم و ببینیم چه فنوتایپی می‌آید! برای مثال رنگ چشم، ممکنست والدین دارای فنوتایپ‌های چشم آبی و چشم‌قهوه‌ای باشند ولی دارای ژنوتایپ قهوه‌ای (فرم غالب) باشند. ژنوتایپ را می‌توان از سهم یا درصد فنوتایپ‌های فرزندان (نسل‌های) بعدی (و حتی خود والدین) حدس زد! به این شکل که اگر فرزندی چشمان آبی داشت حتما والدین او دارای آلل آبی (نه چشم آبی الزاما) بوده‌اند. نکته جالب اینست که ممکنست خود والدین هیچکدام چشمان آبی نداشته‌اند ولی در داشتن آلل آبی آنها مطمئنیم. به‌هر حال از آنجایی که فرزند مزبور یک هموزیگوس بوده است (چون دارای دو آلل آبی بوده است یا دارای آلل غالب آبی بوده است که در اینصورت باید چشم یکی از والدین آبی بوده باشد باید والدین او هتروزیگوس بوده باشند یعنی هر کدام واجد حداقل دارای یک آلل آبی بوده باشند. این نظریه دوم مندل موسوم به جور کردن یا جور شدن مستقل<sup>۱۵</sup> می‌باشد. بیان خلاصه آن بدین شرح است: وراثت یا انتقال هر آلل (برای هر ویژگی) والد به مولود مستقل از نوع یا مقدار آلل‌های خصایص (ویژگی‌های) دیگر می‌باشد. به‌طور مثال رنگ چشم ربطی به چاقی یا لاغری فرد ندارد. برای فهم بیشتر و تبیین بهتر ترکیب ژن‌ها برای تولید فنوتایپ‌ها بهترست کمی راجع به تقسیم سلولی بحث کنیم. توالد، تکاثر یا تناسل در ارگانیسم‌های تک سلولی به صورت تقسیم سلولی (موسوم به میتوز<sup>۱۶</sup>) انجام می‌شود. در حین عمل تقسیم میتوز که کروموزم به شکل مادی خود دقیقا کپی شده و به مولود منتقل می‌شود. در یک چنین ارگانیسم ساده‌ای فرزندان (دختران!) دقیقا مثل والده (مادرشان) و نه والدین خود هستند و در نتیجه شانس بسیار کمی برای تکامل دارند. مساله تکامل در این نوع ارگانیسم‌های ساده فقط به شکل جهش<sup>۱۷</sup> ظاهر می‌شوند و بروز می‌کنند. ارگانیسم‌های پیچیده‌تر روش مدرن‌تری برای انتقال ویژگی‌ها دارند و آن تناسل جنسیتی یا دو جنسی می‌باشد. از این رو به این نوع تقسیم سلولی (رشد یا تکامل) می‌گویند تقسیم میوز<sup>۱۸</sup>. سلول جنسی تناسلی (معروف به گامت<sup>۱۹</sup>) نصف تعداد کروموزم‌های سلول را دارد. به همین خاطر به گامت‌ها می‌گویند هاپلوئید<sup>۲۰</sup> یا نیم‌دار، در حالی که به خود سلول‌های بدن (اندام) می‌گویند دیپلوئید<sup>۲۱</sup>. فقط دیپلوئیدها کپی یا پازل کامل کد ژنتیکی را در اختیار دارند. موقع تقسیم میوز، دیپلوئیدها کروموزم‌های خود را نصف می‌کنند تا تولید گامت کنند. موقع تکثیر یا تناسل این گامت‌ها هستند که خود را تکثیر می‌کنند. سپس گامت‌های سلول مادر به

<sup>11</sup> Homozygous

<sup>12</sup> Heterozygous

<sup>13</sup> Phenotype

<sup>14</sup> Genotype

<sup>15</sup> Independent Assortment

<sup>16</sup> Mitosis

<sup>17</sup> Mutation

<sup>18</sup> Meiosis

<sup>19</sup> Gamete

<sup>20</sup> Haploid

<sup>21</sup> Diploid



گامت‌های سلول پدر وصل می‌شوند (بیان نحوه‌ی اتصال و نقطه اتصال در حوصله این بحث نیست). بدین ترتیب گامت‌های والدین بعد از تکثیر و اتصال از خود یک آرایش جفتی معروف به همولوگ<sup>۲۲</sup> می‌گیرند. چون هر کروموزم یک همزاد از نظر شکل و طول خواهد داشت. محل اتصال همزادان یک نقطه رندام موسوم به کینتوکور<sup>۲۳</sup> می‌باشد. به هر حال، همانطور که پروسه تقسیم میوز پیش می‌رود نیمه سمت چپ کینتوکورهای کروموزم مادر به نیمه سمت راست کینتوکورهای کروموزم پدر متصل می‌شود و بالعکس. این فرآیند موسوم به تقاطع یا اشتراک<sup>۲۴</sup> می‌باشد. سلول مولود دقیقاً همان تعداد کروموزم دیپلوئید را دارد و عملاً اجازه می‌دهد ویژگی‌ها سلول پدر و مادر به سلول فرزند منتقل شده و مستعد بروز دادن تفاوت‌های ظاهر با پدر مادرش شود. به هر حال، اگر به دومین محور مفهومی پدیده انتخاب طبیعی، یعنی مسئله تکامل برگردیم، باید با پیشگام نظریه معروف تکامل، یعنی چارلز داروین شروع کنیم. او که به عنوان یک طبیعی‌دان به سفری در جزایر گالاپاگوس<sup>۲۵</sup> رفته بود، نظریات خود را (نظریه تکامل داروین) در چهار گروه خلاصه کرد:

- ۱- عاقبت گرگ‌زاده گرگ شود، یعنی فرزندان در بسیاری از خصوصیات فردی با والدیشان شریک یا مساوی هستند. بدین ترتیب یک جمعیت (جامعه) پایدار می‌ماند.
  - ۲- هنگام گذران عمر یا انتقال نسلی به نسل دیگر، شاهد مغایرت‌ها و تفاوت‌ها در ویژگی‌های افراد آن جامعه هستیم.
  - ۳- تنها کسر کوچکی از مولودین می‌توانند به سن کامل رشد یا بلوغ برسند.
  - ۴- اینکه کدامیک از مولودین بقای طولانی‌تر خواهند داشت، وابسته به ویژگی‌های موروثی آنان می‌باشد.
- این چهار اصل موضوعه داروین، تشکیل نظریه تکامل را می‌دهند. دانشمندان بعدی، سعی کردند در قالب تئوری مدرن تکامل با زبان علوم ژنتیک، مبانی نظری این چهار اصل را تبیین کرده، بهبود داده یا تعمیم دهند.
- به یک گروه که افراد تشکیل‌دهنده آن زوج خود را از همان مجموعه برای تناسل انتخاب می‌کنند، مصطلحاً یک جمعیت<sup>۲۶</sup> می‌گویند. تحت شرایط استاتیکی، ویژگی‌ها و مشخصه‌های جمعیت توسط قانون هاردی - وینبرگ<sup>۲۷</sup> بیان می‌شود. این اصل می‌گوید فرکانس یا فراوانی وقوع ترکیب‌های مختلف آلل‌ها در جمعیت مزبور ثابت می‌ماند مگر اینکه اغتشاشی یا تغییری (به مفهوم فلسفی) رخ دهد. به عبارتی گرچه افراد (نگاه خُرد) از خود ویژگی‌های متفاوت و حتی مغایر نشان می‌دهند اما ویژگی‌های روح جمعی، به مفهوم آماری (نگاه کلان) ثابت می‌ماند. به هر حال، در نظام‌های طبیعی کمتر شاهد جمعیت‌های استاتیکی هستیم. در نتیجه فرکانس یا وقوع ترکیب‌های آلل‌ها ثابت (استاتیک) نمانده و از یک خصیصه دینامیکی در حین تولید نسل‌های متوالی برخوردار است. این خصیصه دینامیکی مسمّا به اصطلاح تکامل است و موتور و نیروی محرکه این تکامل (خصیصه)، دارای چهار خاستگاه زیر می‌باشد:

- ۱- ممکنست جهش رخ دهد، یعنی احتمال (غیرصفر) دارد که تغییری در مشخصه‌های یک ژن رخ دهد. جهش‌ها ممکنست منشاء داخلی یا خارجی (در تعامل با محیط) داشته‌باشند.
- ۲- ممکنست جریان یا انتقال ژن<sup>۲۸</sup> به واسطه معرفی افراد جدید برقرار شود.

<sup>22</sup> Homologous

<sup>23</sup> Kinetochore

<sup>24</sup> Cross-over

<sup>25</sup> Galapagos

<sup>26</sup> Population

<sup>27</sup> Hardy-Weinberg Law

<sup>28</sup> Gene Flow



۳- احتمال دارد نشت یا تلفات ژنتیکی<sup>۲۹</sup> به‌طور تصادفی رخ دهد. این بدان معنیست که در جمعیت‌های کوچک احتمال دارد (کاملاً تصادفی) ترکیب آلل‌های خاصی از چرخه تولد و تناسل خارج شوند (منقرض شوند).  
۴- انتخاب طبیعی<sup>۳۰</sup> باعث برجسته کردن برخی خصوصیات می‌شود. این خصوصیات برجسته عامل و فاکتور مهمی در بقاء یا اخذ بیشترین برزندگی افراد واجد آنها می‌باشند. به‌طور مثال، حیوانات چابک‌تر، در شکار کردن یا فرار از دست شکارچی، ورزیده‌تر و آماده‌ترند. در نتیجه بیشتر عمر (انتخاب طبیعی) می‌کنند و موقع تولد، فرزندان چابک بدنیا می‌آورند، چون دارای آلل‌های چابکی و ورزیدگی نظیر بال‌های بلند، پاهای بادپیما و پنجه‌های قوی هستند.

## الگوریتم ژنتیک

جان هلند<sup>۳۱</sup>، دانشمند علوم کامپیوتر و روانشناس، مبدع شاخه‌ای از علوم کامپیوتر به نام «سیستم‌های تطبیقی پیچیده»<sup>۳۲</sup> می‌باشد [۳]. او در کتاب خود یک سیستم تطبیقی یا وفقی را چنین شرح می‌دهد که سیستم مربوطه به طور یکنواخت و پیوسته خودش را تغییر می‌دهد تا از محیط اطراف خود بهتر استفاده کند. هلند در خلال توسعه تئوری خود برای سیستم‌های تطبیقی به شرح اپراتورهای ژنتیک<sup>۳۳</sup> برای تغییر حالت سیستم می‌پردازد. گرچه کتاب هلند، اختصاصاً برای سیستم‌های تطبیقی نگاشته شده‌است ولی یک مشخصه بسیار مهم دارد و آن ابداع و معرفی الگوریتم ژنتیک می‌باشد.

### ژنتیک بیولوژیکی - بسیاری از اصطلاحات و ترمینولوژی الگوریتم ژنتیک برخاسته از پدیده‌های بیولوژیکی

می‌باشد. فهم بسیاری از این پدیده‌های دیگر، می‌تواند کمک بزرگی به فهم، تعمیم یا بهبود الگوریتم‌های موجود ژنتیک نماید. به هر موجودی که قابلیت تکثیر، ترمیم و مرگ دارد، موجود زنده<sup>۳۴</sup> اطلاق می‌کنیم. به مجموعه‌ای از موجودات زنده از یک نژاد<sup>۳۵</sup> خاص در یک اقلیم<sup>۳۶</sup> خاص را جمعیت می‌نامیم. هر موجود زنده در یک جمعیت، موسوم به فرد<sup>۳۷</sup> می‌باشد. هر فرد بطور مقتضی با کدهای مدفون در آن، موسوم به کروموزوم‌ها رشد می‌کند و بقاء دارد یا زندگی می‌کند. کروموزوم‌ها معرف مشخصه‌های طبیعی یک فرد هستند. به مجموعه کروموزوم‌های یک فرد، ژنوم یا ژنوتایپ می‌گویند، چون معرفه ذات<sup>۳۸</sup> و نوع<sup>۳۹</sup> فرد هستند. در حالیکه به شیوه رشد یا بقاء، فنوتایپ می‌گویند، چون مفهومی اکتسابی و از جنس پدیده‌شناختی<sup>۴۰</sup> و وقوعی می‌باشد.

هر کروموزوم شامل بیت<sup>۴۱</sup>‌های اطلاعاتی و تکه‌های رقمی هستند. هر کدام از این تکه‌ها موسوم به ژن می‌باشند. در یک بیان تناظری، نسبت مادی ژن به کروموزوم به فرد مثل نسبت معنوی حرف به کلمه به جمله می‌باشد.

<sup>29</sup> Genetic Draft

<sup>30</sup> Natural Selection

<sup>31</sup> John Holland

<sup>32</sup> Complex Adaptive Systems

<sup>33</sup> Genetic Operators

<sup>34</sup> Being

<sup>35</sup> Race

<sup>36</sup> Area

<sup>37</sup> Individual

<sup>38</sup> Gene

<sup>39</sup> Type

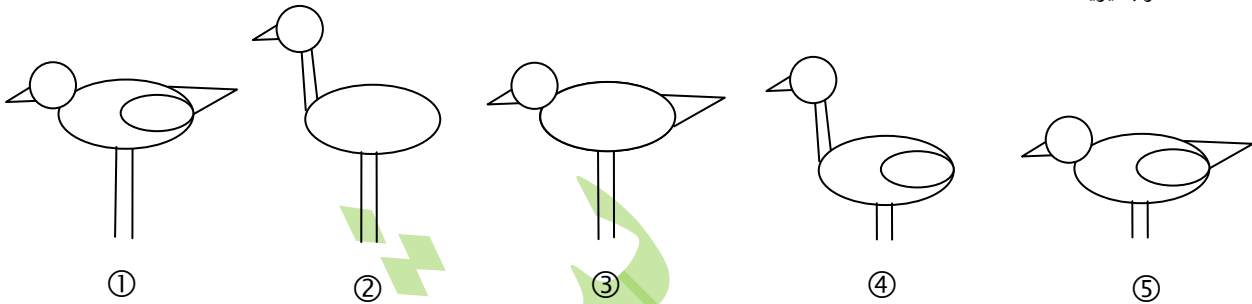
<sup>40</sup> Phenomenological

<sup>41</sup> Bit



هر ژن می‌تواند مقادیری را اختیار کند و هر مقدار ممکن موسوم به یک آلل می‌باشد. در صورتی که ژن کد باینری باشد، آنگاه دو آلل بیشتر نداریم، یکی مقدار صفر (۰) و دیگری مقدار (۱) و موقعیت یک ژن در کروموزوم مربوطه معروف به مکان یا موقعیت<sup>۴۲</sup> می‌باشد.

جهت تفهیم و تعمیق اصطلاحات یادشده، یک مجموعه ساده پنج عضوی از پرندگان یک نژاد خاص (مثلاً اردک‌ها) را در نظر بگیرید.



شکل ۱. یک نمونه از پرندگان نمونه هم نژاد

شکل ۱، جمعیت پنج نفره با خصوصیات مختلف را نشان می‌دهد. باید دقت نمود که محض سادگی فعلاً فنوتایپ (یعنی خواص اکتسابی و انتخابی طبیعی) پرندگان نشان داده شده است. به عبارتی گرچه پرندگان مورد نظر از یک نژاد هستند و به مفهوم نژادی با هم برابر هستند (تعداد ژن‌های کروموزوم موجد آنها با هم برابرند و دارای ژنوتایپ یا ژنوم یکسان هستند) ولی از نظر ظاهری با هم تفاوت دارند، یعنی دارای فنوتایپ‌های مختلف هستند. همین که یک پرنده دارای ساق‌های بلند است ولی دیگری از همان نژاد دارای ساق‌های کوتاه هست نشان از تکثر و تنوع فنوتایپ دارد. علت این تکثر و تنوع، خواه در راستای صدق نظریه داروین (انتخاب طبیعی) باشد یا هر نظریه دیگر، به هر حال یک مفهوم و معلول یا حتی مدلول پدیده‌شناختی می‌باشد، لذا می‌گوییم فنوتایپ‌های مختلف یا انواع مختلف یک جمعیت هم نژاد (یا هم ژنوم). به اختلاف مفهومی فنوتایپ و ژنوتایپ باز هم دقت کنید. فنوتایپ یک مفهوم اکتسابی و واقعیت در حالیکه ژنوتایپ یک مفهوم ذاتی و حقیقی می‌باشد. بطور مثال فنوتایپ ② و ④ را در نظر بگیرید. هر دو بدون دم هستند. شاید یک دُمش را در حین پرواز از دست داده است و دیگری در یک سانحه دام‌گذاری (!). به هر حال وقوعی و حادثه‌ای بوده است ولی از آن طرف در لوح محفوظ (حقیقت) ژنوم پرنده، «دم» در نظر گرفته شده‌است خواه در عمل (واقعیت) وجود داشته باشد یا نداشته باشد. بطور خلاصه، ژنوتایپ‌ها، معرف ساختار و تعداد ژن‌های کروموزوم هستند، در حالیکه فنوتایپ‌ها، معرف مقادیر عددی ژن‌ها (بیت‌ها) هستند، علت تنوع ژنوتایپ‌ها، تعداد و ساختار مختلف کروموزوم‌هاست در حالی که علت تنوع فنوتایپ‌ها، مقادیر مختلف آلل‌های یک ژنوتایپ است. برای مثال پرندگان، نژاد یا ژنوم یک پرنده نوعی، به صورت یک کروموزوم چهار ژنی (ژن‌های «گردن»، «ساق»، «دام» و «بال») نشان داده می‌شود. یک فنوتایپ نمونه (مثلاً فنوتایپ ④ در شکل ۱) به صورت «گردن‌دراز»-«ساق کوتاه»-«بدون دم»-«بالدار» نمایش داده می‌شود. به عبارتی اولاً همه پرندگان دارای کروموزوم و ژنوتایپ چهار ژنی یکسان هستند، ثانیاً ژن مربوط به ساق پا، می‌تواند فقط دو آلل اختیار کند، یکی «کوتاه» و دیگری «بلند». اگر آلل‌های ژن ساق پا می‌توانست سه مقدار «کوتاه»، «متوسط» و «بلند» را اختیار کند، آنگاه می‌توانستیم انتظار وجود سه فنوتایپ کاملاً مختلف (با مصدر صدور ژن ساق) را داشته باشیم و اگر بطور رقمی آن را بیان کنیم، باید ژن ساق را به صورت یک عدد تک رقمی در مبنای ۳ بیان کنیم یا برای یکپارچگی آن را به صورت باینری (مبنای ۲) و شامل دو بیت نشان دهیم. در شکل ۲، فنوتایپ شماره

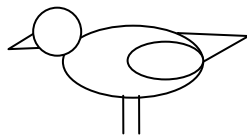
<sup>42</sup> Locus



۵ نشان داده شده است. فنوتایپ مربوطه دارای کروموزوم ۴ بیتی می‌باشد چون مقدار هر بیت شامل فقط دو حالت است (بله یا خیر، Y یا N). به تعریف ذوقی و سلیقه‌ای آل‌های هر ژن دقت کنید: بال دارد یا خیر؟، دم دارد یا خیر؟، آیا دارای ساق بلند است؟، آیا دارای گردن دراز است؟.

فنوتایپ: پرونده شماره ⑤

کروموزوم فنوتایپ یا فرد ⑤



ژن: بال دم ساق بلند گردن دراز

N	N	Y	Y
---	---	---	---

شکل ۲. فنوتایپ یا مصداق شماره ⑤ از ژنوتایپ پرنده

حال به نحوه کمی کردن یا کد کردن کروموزوم (ژنوتایپ) پرنده دقت کنید. «ژن در موقعیت ۱ (از سمت چپ) روی کروموزوم پرنده، سایز گردن را معلوم می‌کند». کمیت Y (یا ۱)، آلل گردن‌درازی است و کمیت N (یا عدد ۰) آلل گردن کوتاهی است. بیان ژنتیک فنوتایپ ⑤ در جدول ۱ نشان داده شده است.

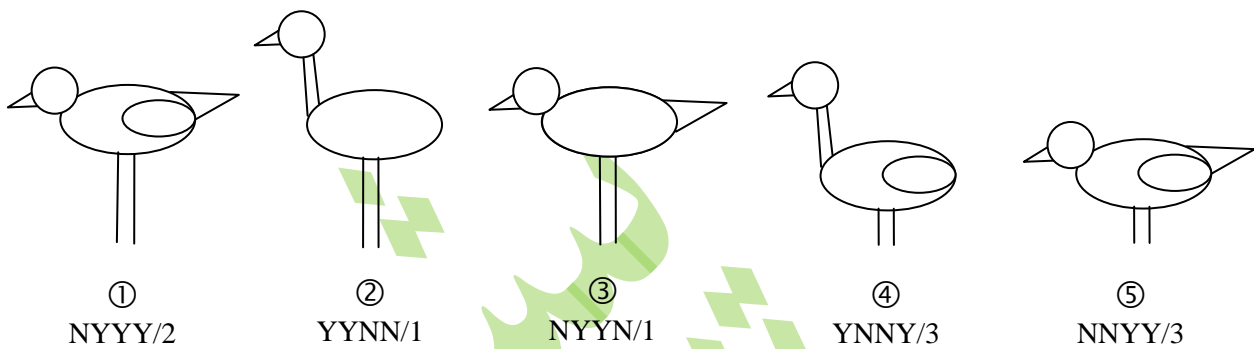
ژن	موقعیت	آلل	فنوتایپ
گردن درازی	۱	N	پرنده گردن کوتاه دارد
ساق بلندی	۲	N	پرنده ساق بلند نیست
دم	۳	Y	پرنده دم دارد
بال	۴	Y	پرنده بالدار است

جدول ۱. توصیف پرنده شماره ⑤ به بیان ژنتیک

پس از معرفی الفباء و قاموس ژنتیک، به شرح پروسه‌های ژنتیکی و تناظر تحولات بیولوژیکی با نظام مهندسی، جستجو و بهینه‌یابی می‌پردازیم. مطابق نظریه داروین، فنوتایپ یک پرنده، میزان اقبال یا شانس زنده ماندن او را تعیین می‌کند. به طور مثال اگر پرنده بالدار نباشد، در یافتن غذا برای خود و بچه‌هایش دچار مشکل می‌شود، چون شعاع مانور کمی دارد یا در هنگام خطر، محروم از شانس فرار از طریق پرواز است. همین‌طور دم پرنده که تعادل یا عملکرد پروازی او را معین می‌کند. لذا دو ژن اخیر دارای ساق مثبت هستند، یعنی وجود بال و دم هر کدام به نحوی شانس زنده ماندن را زیاد (ماگزیمم) می‌کنند. به طریق مشابه، ساق کوتاه نشان از آسیب‌پذیری کمتر دارد (به ویژه هنگام فرود) ولی از آنطرف ساق بلند و گردن بلند دستیابی به غذاهای دور از دسترس را آسان‌تر می‌کند. به هر حال، هر کدام از ژن‌ها به نوعی در شانس یا ماگزیمم‌سازی بقای نوع شرکت دارند، چه با ارزش مثبت و چه با ارزش منفی. برای مثال یاد شده، پرنده‌ای دارای بیشترین شانس بقاست که دارای گردن دراز، ساق کوتاه، دارای دم و بالدار باشد. به زبان ژنتیک کروموزوم آن به صورت YNYY باشد (این پرنده در شکل نشان داده نشده است).



برای ورود به عالم مهندسی که سیطره کمیت در آن جاریست، باید شانس بقاء را درجه‌بندی یا کمی کنیم. این کار با قریحه و ذوق مهندسی در ارتباط تنگاتنگ است. یک شیوه معمول و متداول درجه‌بندی، مقایسه یا میزان نزدیکی با حالت ایده‌آل است. مثلاً برای مثال یاد شده این بخش، به ازای هر آلل مشترک با حالت ایده‌آل، یک امتیاز به پرنده می‌دهیم تا میزان برازندگی<sup>۴۳</sup> برای بقاء را راقومی و عددی کرده باشیم. بدین ترتیب، پرنده ایده‌آل (پرنده نوح!) دارای برازندگی ۴ است. در شکل ۳، همان جمعیت قبلی ولی با کروموزوم و تابع برازندگی معلوم دو فرد، نشان داده شده است.



شکل ۳. جمعیت نمونه پرنده‌ها، همراه با اطلاعات کروموزوم و مقدار برازندگی

حال به نحوه تکثیر پرندگان پردازیم. اگر دو پرنده والدین یک پرنده جدید باشند، مطابق نظریه مندل آنگاه آلل‌های فرزند، مخلوطی از آلل‌های والدین خواهد بود. اختلاط آلل‌های والدین به اصطلاح الگوریتم ژنتیک؛ «اپراتورهای ژنتیک» نامیده می‌شود. یک اپراتور ژنتیک از کروموزوم‌های هر دوی والدین استفاده می‌کند تا کروموزوم فرزند را حاصل کند. از آنجایی که مطابق نظریه داروین، تنها برازنده‌ترین افراد شانس بقاء و تکثیر دارند، لذا انتظار می‌رود با ترکیب و به کارگیری فرضیه توارث مندل، فرزندان یا افراد نسل بعدی، اگر برازنده‌تر نیستند، حداقل به برازندگی نسل قبلی باشند.

فرض کنید پرنده‌های ④ و ⑤ که برازنده‌ترین هستند (پس مُعمَرترین هستند و شانس توالد دارند)، با هم جفت شوند. از آنجایی که هر دوی والدین بالدار و پا کوتاه هستند، لذا فرزند آنها نیز بالدار و پا کوتاه می‌باشد به شرطی که جهش رخ ندهد. به عبارتی فرزند خصائل (ژن) والدین خود را به طور عمده کسب می‌کند. به عبارت دقیق‌تر، مقدار برازندگی فرزند حداقل ۲ می‌باشد. تمامی حالات ممکن توارث برای فرزند نسل بعدی (از فنوتایپ‌های ④ و ⑤) در جدول ۲ آمده است. اگر هر ترکیب ممکن آلل‌ها را با شانس مساوی در نظر بگیریم، ۵۰٪ احتمال آن می‌رود که فرزند مولود (فنوتایپ نسل بعدی، متولد از والدین برتر) به برازندگی هر کدام از والدین باشد، ۲۵٪ احتمال اینکه پرنده جدید، برازنده‌تر از هر کدام از والدین باشد و ۲۵٪ احتمال آن هست پرنده جدید، کمتر از هر کدام از والدین برازنده باشد. همانطور که معلومست، نسل بعدی بطور متوسط برازنده‌تر از نسل قبل خواهد بود.

<sup>43</sup> Fitness Function





کروموزوم	منشاء	برازندگی
YNNY	گردن از پرنده ④، دم از پرنده ④	۳
YNYN	گردن از پرنده ④، دم از پرنده ⑤	۴
NNNY	گردن از پرنده ⑤، دم از پرنده ④	۲
NNYY	گردن از پرنده ③، دم از پرنده ⑤	۳

جدول ۲ - حالات و ترکیب‌های محتمل برای فرزند پرندگان ④ و ③

### الگوریتم‌های ژنتیک - اساس الگوریتم‌های ژنتیک مجموعه‌ای از جواب‌ها یا راه‌حل‌های ممکن می‌باشد.

این مجموعه موسوم به جمعیت و هر حل ممکن معروف به فرد می‌باشد. در بسیاری از حالات، سائز جمعیت ثابت و فیکس می‌باشد.

هر فرد توسط یک ساختار<sup>۴۴</sup> متشکل از چند استرینگ<sup>۴۵</sup> بیان می‌شود. ساختار مربوطه، ژنوتایپ یا ژنوم عضو یا فرد نمونه از جمعیت می‌باشد، در حالیکه متناظراً نیز هر استرینگ در ژنوتایپ یک کروموزم نامیده می‌شود. غالباً و رایجاً ژنوتایپ مربوطه شامل فقط یک کروموزم (استرینگ) می‌باشد و در نتیجه کروموزم همان ژنوتایپ است. اگر کروموزم را هجا<sup>۴۶</sup> کنیم، عملاً بیان کمی کروموزم یا همان راه‌حل را معرفی کرده‌ایم. به عبارتی به فنوتایپ رسیده‌ایم. مجموعه تمامی راه‌حل‌های ممکن را فضای حل<sup>۴۷</sup> می‌نامند.

هر کروموزم (یا فرد یا جواب ممکن) شامل آرایه‌ای (استرینگ) از کاراکترهاست، هر کاراکتر بسته به موقعیتش در الگوی بیتی کروموزم و مقدار آلل آن معنی خاصی دارد که هنگام فرمولاسیون مسأله تبیین می‌شود. ژن‌ها که سازنده کروموزم هستند، ممکنست تک کاراکتری (یا تک بیتی) باشند یا به صورت ترکیبی معنا و هجا شوند.

در کنار شاکله یک کروموزم، مقداری به نام برازندگی به آن تخصیص می‌دهیم که بتوانیم به طور تمثیلی با قانون بقای انواع، عملکرد فرد (کروموزم) را نسبت به بقیه تمیز دهیم. مقدار برازندگی توسط ارزیابی یک تابع موسوم به تابع برازندگی (شبه تابع هدف در مسائل بهینه‌یابی) تعیین می‌شود. برای فراخوانی تابع برازندگی از فنوتایپ فرد (به عنوان ورودی یا متغیر مستقل) استفاده می‌کنیم.

بر اساس برازندگی افراد جمعیت و استفاده از چند اپراتور ژنتیک، به طور مصنوعی جمعیت جدید یا نسل جدید<sup>۴۸</sup> را تولید می‌کنیم. چون نسل جدید، بطور متوسط دارای برازندگی بیشتریست، لذا انتظار داریم که نسل بعدی بهتر یا برازنده‌تر از نسل قبلی باشد. یک الگوریتم ژنتیک مرتباً و مکرراً نسل‌های بهتر را تولید می‌کند تا با محک یک معیار اختتام، عملیات خاتمه یابد.

در شکل ۴ یک فلوچارت نوعی و متداول برای الگوریتم GA آمده‌است.

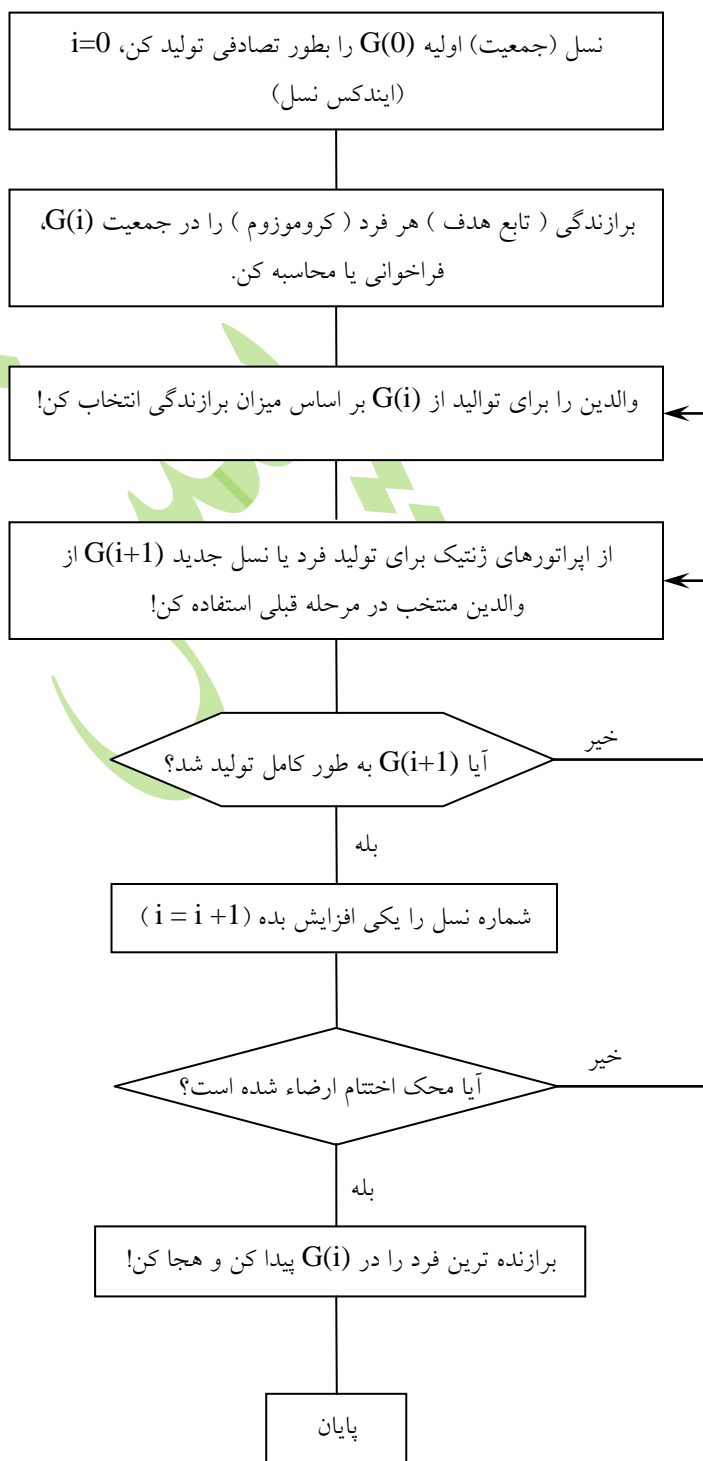
<sup>44</sup> Structure

<sup>45</sup> String

<sup>46</sup> Decode

<sup>47</sup> Solution Space

<sup>48</sup> Next Generation



شکل ۴. فلوچارت الگوریتم متداول و پایه GA.



**اُپراتورهای ژنتیک** - سه اُپراتور متداول ژنتیک عبارتند از بازتولید<sup>۴۹</sup>، قطع یا فصل<sup>۵۰</sup> و جهشی<sup>۵۱</sup>. بازتولید معادل مجازی یا متناظر نرم‌افزاری قانون بقای بهترین است. با این اُپراتور یک فرد در نسل جاری به سادگی در نسل بعدی کپی می‌شود. در پروسه انتخاب والدین، معیار بالاترین یا بیشترین برازندگی می‌باشد، یعنی یک فرد با برازندگی بالا شانس بیشتری برای بقاء یا حضور در نسل بعدی را نسبت به فرد دیگری اما با برازندگی پایین دارد. لذا، اُپراتور بازتولید یا کپی، این موضوع را تضمین یا این قانون را تأیید می‌کند.

اُپراتور فصل، معادل مجازی یا متناظر نرم‌افزاری تقسیم یا تکثیر دو جنسیتی می‌باشد. دو فرد از نسل قبلی به اقتضای برازندگی شان برای تکثیر یا تولید دو فرد در نسل بعدی انتخاب می‌شوند. دو فرد قبلی موسوم به والدین و دو فرد نسل جدید موسوم به فرزندان می‌باشند. برای تکثیر یک نقطه قطع<sup>۵۲</sup> به‌طور تصادفی در یکی از محل‌های کروموزوم انتخاب می‌شود. کروموزوم والدین در این نقطه، به دو تکه تقسیم می‌شود. سپس اولین تکه اولین کروموزوم به دومین تکه کروموزوم دومین والد یا والده اضافه می‌شود تا کروموزوم اولین فرزند درست شود. تکه‌های باقیمانده نیز به هم اضافه می‌شوند تا دومین فرزند به دنیای نسل جدید اضافه شود. حال اگر نیاز به فقط یک فرد جدید باشد (کاهش جمعیت)، آنگاه فقط یکی از فرزندان به نسل جدید اضافه می‌شود.

به طور مثال اگر کروموزوم‌های والدین به ترتیب به صورت "ABCDE" و "abcde" باشند و نقطه قطع یا فصل بین ژن سوم و چهارم باشد، آنگاه کروموزوم فرزندان به صورت "ABCDe" و "abcDE" می‌باشند. نکته قابل توجه آنست که تقسیم دو جنسیتی بیولوژیکی یا طبیعی با این نوع تقسیم ریاضی تفاوت ماهوی و کیفی دارد. چون در اُپراتور اخیرالذکر نه مساله نرینگی - مادینگی مطرح است و نه نحوه ترکیب کروموزوم‌ها بدین صورت می‌باشد، اُپراتور جهش نیز معادل مجازی یا متناظر نرم‌افزاری موتاسیون طبیعی می‌باشد. بدین معنی که هر آلت شانس این را دارد که جهش کند یا به طور تصادفی مقدارش را عوض کند.

### الگوریتم ژنتیک پایه ( Simple Genetic Algorithm-SGA )

الگوریتم‌های ساده ژنتیک رایج و متداول نوعاً دارای سائز جمعیتی ثابت، طول ثابت کروموزوم، تعداد تولید نسل معین و ثابت هستند و فقط از اُپراتورهای بازتولید، قطع و جهش استفاده می‌کنند. این نوع الگوریتم‌ها معروف به الگوریتم‌های ژنتیک پایه (SGA) هستند. الگوریتم‌های SGA بیشتر مصرف آموزشی و انتقال مفهوم دارند تا یک کارکرد یا الگوریتم حرفه‌ای [4]. این الگوریتم‌ها در عمل نقاط ضعف زیادی دارند و لذا برای مقاصد حرفه‌ای باید از واریانت‌های بهبودیافته آنها استفاده کرد.

**مثال انگیزی** - برای ورود به مطلب، ماکزیمم‌سازی تابع هدف ساده (تک متغیره، یونیمودال و نامقید) زیر را در نظر بگیرید:

$$(1) \quad f(x) = (4\sqrt{x} - x)^4, \quad x \in [0,16]$$

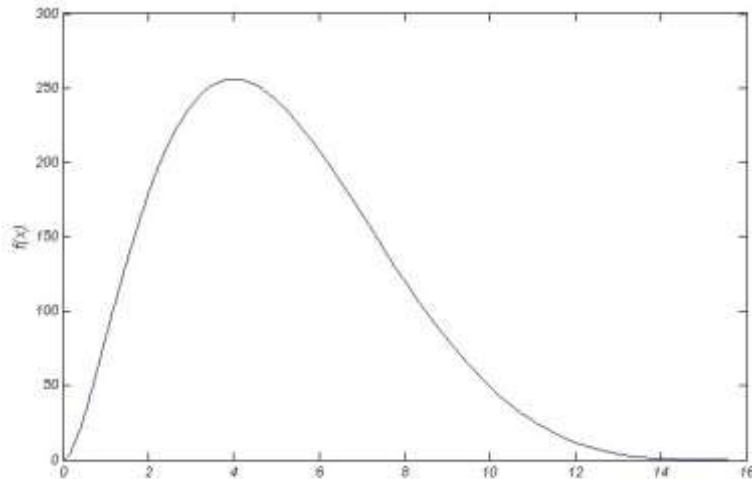
نمایش گرافیکی تابع مزبور در شکل ۵ آمده است. جواب واقعی در  $x^* = 4$  اتفاق می‌افتد و مقدار تابع هدف  $f(x^*) = 256$  می‌باشد.

<sup>49</sup> Reproduction

<sup>50</sup> Crossover

<sup>51</sup> Mutation

<sup>52</sup> Crossover point



شکل ۵. تابع هدف مثال انگیزشی

**مسأله کدینگ** - برای ماکزیمم یابی  $f(x)$  با استفاده از SGA، نیازمند نوعی کدینگ یا معادل یابی برای نمایش مقادیر مختلف  $x$  داریم. در SGA نمایش به صورت باینری یا به اصطلاح کامپیوتری نمایش بیتی<sup>۵۳</sup> یا به اصطلاح ریاضی، نمایش عددی در مبنای ۲ را انتخاب می‌کنیم. یک مشکل مبنای ۲ یا اعداد باینری، عدم توانایی آنها در نمایش صریح اعداد حقیقی<sup>۵۴</sup> می‌باشد.

در جبر اعداد باینری فقط می‌توان با شگرد خاصی، اعداد کسری و متجانس را نشان داد. در نتیجه مفهوم دقت<sup>۵۵</sup> و نمایش ماشینی اعداد مطرح شده است. به عبارت دقیق‌تر اگر عدد (کروموزوم) مورد نظر دارای  $L$  بیت یا رقم (در مبنای ۲) یا طول  $L$  باشد، آنگاه کروموزوم (عدد باینری) مربوطه می‌تواند اعداد صحیح ۰ تا  $2^L - 1$  را نمایش دهد و برای نمایش کسری (استفاده از resolution) باید گستره عدد مورد نظر را عا د کند:

$$(2) \quad x = \frac{R \cdot B}{2^L}$$

به طوری که  $x$ ، نمایش عدد اعشاری (البته به صورت کسری<sup>۵۶</sup>)،  $R$  گستره مورد نظر (برای مثال مربوطه، معادل ۱۶) و  $B$  همان نمایش باینری یا عدد در مبنای ۲ می‌باشد.

بدین ترتیب اگر بخواهیم یک عدد صحیح ۶ رقمی ( $L = 6$ ) در مبنای ۲ را نمایش دهیم، حداکثر تا عدد  $2^6 - 1$  (یا ۶۳) می‌توان پیش رفت ولی اگر گستره نمایش اعداد را ۱۶ - ۰ در نظر بگیریم آنگاه می‌توان با دقت  $\frac{16-0}{64}$  (تقسیم گستره به ۶۴ قسمت) این فاصله را ریز کرد: یعنی اعداد ۰، ۱/۴، ۱/۲، ۳/۴ و ۱ و همینطور تا ۱۵۱/۲ و ۱۵۳/۴ را نمایش داد. به عبارت ساده، با تغییر دادن طول کروموزوم ( $L$  یعنی  $L$ ) می‌توان تولرانس یا دقت خط کش مساله را عوض کرد.

### پارامترهای عملکرد - برای مثال مورد نظر پارامترهای عملکرد زیر را لحاظ یا طراحی می‌کنیم.

سایز جمعیت را معادل ۶ در نظر می‌گیریم. این عدد، مقدار کوچکی است. اصولاً برای مساله یک متغیره توصیه می‌شود سایزهای بالای ۱۰۰ انتخاب کنیم ولی برای سهولت تعقیب الگوریتم SGA، با همین عدد کوچک ادامه می‌دهیم. طول

<sup>53</sup> bit wise

<sup>54</sup> Floating point or Real numbers

<sup>55</sup> Resolution

<sup>56</sup> Rational or Fractional



کروموزوم را معادل ۸ (یک بایت) در نظر گرفته و احتمال قطع را ۰/۷ در نظر می‌گیریم. این بدان معنیست که شانس تولد یک فرد جدید (در نسل بعدی) از مکانیسم قطع، ۷۰٪ می‌باشد. از طرفی چون فقط دو مکانیسم تکثیر یا تولد داریم، لذا شانس تولد یک فرد جدید از طریق باز تولید معادل ۳۰٪ خواهد بود. به اصطلاح مرسوم، نرخ جهش<sup>۵۷</sup> یا همان احتمال جهش را معادل ۰/۰۱ در نظر می‌گیریم. برای تابع هدف یا برازندگی مقدار  $\frac{f(x)}{256}$  (یعنی همان  $f(x)$  ولی نرمالیزه شده) را در نظر می‌گیریم. لازم به ذکرست این نحوه نرمالیزاسیون همیشه میسر نیست، چون مقدار ماگزیمم  $f(x^*) = 256$  را از قبل نمی‌دانیم. به هر حال، این کار محض سهولت انجام شده و به کلیت مساله لطمه‌ای نمی‌زند، دقت کنید مقدار ماگزیمم برازندگی همان ۱ است و مقدار متغیر مستقل که تابع هدف ماگزیمم را می‌دهد  $x^* = 4$  یا به زبان SGA، کروموزوم 01000000 یا عدد باینری ۶۴ می‌باشد. دقت شود چون L را معادل 8 و گستره را 0-16 در نظر گرفته‌ایم، لذا دقت نمایش عدد حقیقی یا کوانتاهای خط کش متغیر مستقل (یعنی دامنه x)، معادل  $\frac{16}{2^8}$  یا 0.0625 می‌باشد، یعنی می‌توانیم دنباله زیر را تولید کنیم:

در نتیجه ۶۴ مین تیک<sup>۵۸</sup> (tick) از این خط کش همان عدد  $\frac{16}{2^8}$  یا 4 می‌باشد.

$0, \frac{16}{256} \left( \equiv \frac{1}{16} \right), \frac{2}{16} \left( \equiv \frac{1}{8} \right), \frac{3}{16}, \frac{4}{16} \left( \equiv \frac{1}{4} \right), \dots, 15 \frac{14}{16} \left( \equiv 15 \frac{7}{8} \right), 15 \frac{15}{16}$

جدول ۳ - نسل اولیه مثال انگیزشی

ایندکس	کروموزوم	فنتوتایپ	برازندگی
1	00010101	1.3125	0.4467
2	00001001	0.5625	0.1379
3	10111101	11.8125	0.0548
4	11010111	13.4375	0.0088
5	11010000	13.0000	0.0160
6	00000100	0.2500	0.0366
F <sub>sum</sub> = 0.7008		0.0088	مینیمم برازندگی :
		0.4467	ماکزیمم برازندگی :
		0.1168	متوسط برازندگی :

<sup>57</sup> Mutation Rate

<sup>58</sup> tick



**اولین نسل** - جمعیت یا نسل اول بطور تصادفی انتخاب می‌شود، یعنی دو آلل در کروموزوم توسط پرتاب سکه ( شیر یا خط )! معلوم می‌شود. برای این مثال خاص، فرض کنید به طور تصادفی ۶ فرد جدید تولید کرده‌ایم. مقادیر نمونه در جدول ۳، همراه با شاخص‌های مدیریت و تعقیب مسأله شامل مینی‌م، ماگزیم و متوسط برازندگی، نشان داده شده‌اند.

**دومین نسل** - جمعیت و نسل دوم، مثل نسل اول بطور صریح تصادفاً تولید نمی‌شود، بلکه بطور ضمنی و البته هدفمند ولی تصادفی (!) تولید می‌شود. این نوع نظم تصادفی (!) را به نوعی یک نظم عالی تصور کرده و با الگوریتم تکاملی ژنتیک آن را تصدیق می‌کنیم. به هر حال با روش SGA، الگوریتم تولید نسل دوم را به شکل متعاقب زیر ادامه می‌دهیم. دو فرد متفاوت از نسل قبلی ( نسل اول ) انتخاب می‌کنیم. این انتخاب کاملاً تصادفی نیست بلکه بر اساس احتمال می‌باشد. احتمال شمارش شده (!) یا آماری باید با توجه به برازندگی بنا شود. در الگوریتم SGA این طور عمل می‌شود که اگر جمع مقادیر برازندگی افراد جمعیت حاضر را  $F_{sum}$  بنامیم آنگاه  $F_i / F_{sum}$  را مبنای شانس انتخاب برای والد بودن فرد  $i$  با برازندگی  $F_i$  انتخاب کرده یا تخصیص داده ایم. بدین ترتیب فرد  $i$  ( کروموزوم با ایندکس  $i$  ) دارای احتمال والد بودن  $( 0.0366 + \dots + 0.4467 ) / 0.4467$  یا  $0.6374$  خواهد بود. فرد دوم باید متفاوت از فرد اول باشد ولو اینکه دارای کروموزوم مساوی باشد.

در جدول ۴ مقادیر شانس انتخاب والدین برای تکثیر و گذر از نسل اول به نسل دوم نمایش داده شده است.

جدول ۴ - شانس انتخاب ( Selection ) والدین

Index ( i )	$P_{sel} = F_i / F_{sum}$
1	0.6374
2	0.1968
3	0.0782
4	0.0126
5	0.0228
6	0.0522

لازم به ذکر است که انتخاب والدین به صورت قرعه‌کشی و تخصیص امتیاز به هر کروموزوم متناسب با توزیع احتمال آنها (جدول ۴) انجام می‌شود. برای پیاده‌سازی می‌توان از قانون قرعه‌کشی که با احتمال و امتیاز وزن داده می‌شوند استفاده کرد. مثلاً برای مورد نمونه در جدول ۴، می‌توان یک آرایه  $10000$  تایی از اعداد صحیح در نظر گرفت، سپس  $6374$  تا عناصر این آرایه را بطور تصادفی با عدد  $1$  پر کرد،  $1968$  تا از عناصر اشغال نشده را با عدد  $2$  همین طور به ترتیب تا تمامی  $10000$  عنصر آن پر شود، حال می‌توان یک عدد کاملاً تصادفی صحیح بین  $1$  و  $10000$  را در نظر گرفته و در محل ایندکس تصادفی، مقدار عنصر آرایه را بازخوانی کرد. هر مقدار خوانده شده می‌شود ایندکس والد اول و بدیهیست با تجدید این کار، والد دوم نیز بدست می‌آید.

پس از انتخاب، نوبت به عملکرد اپراتورهای ژنتیک می‌رسد. انتخاب اپراتورها ( اپراتور بازتولید یا قطع ) نیز تصادفی می‌باشد، البته به صورت قرعه یا همان توزیع احتمال. از آنجایی احتمال قطع در مثال نمونه معادل  $0.7$  است، لذا شانس انتخاب اپراتور قطع  $70\%$  و اپراتور بازتولید  $30\%$  است. برای پیاده‌سازی نیز شیبه انتخاب والدین که در بالا ذکر شد، عمل می‌کنیم. دقت کنید بحث شیر یا خط ( شانس  $50:50$  ) نیست بلکه مجدداً یک آرایه مثلاً  $100$  تایی در نظر گرفته و  $70$  تای آن را با عدد یا



سمبل متناظر قطع پر می‌کنیم و ۳۰ تای آن را با کاراکتر باز تولید. اگر باز تولید در این قرعه برنده شد، آنگاه با استفاده از نقطه قطع، دو فرزند جدید متولد می‌شوند و به جمعیت نسل دوم اضافه می‌گردند. لازم به ذکر است که نقطه قطع بطور تصادفی تولید می‌شود ولی نه با توزیع احتمال، بلکه هر محل قطع (در اینجا ۷ محل، چون کروموزوم ۸ بیتی است) از شانس مساوی  $1/7$  برای برنده شدن برخوردار است.

پروسه اخیرالذکر آنقدر تکرار می‌شود تا جمعیت نسل دوم (بعدی)، هم اندازه جمعیت نسل اول (قبلی) شود. برای مثال انگیزشی این کار سه بار (برای تولید فرد، هر بار دو کروموزوم) تکرار می‌شود. بعد از تکمیل نسل، شانس جهش را برای جمعیت جوان (نسل دوم) امتحان می‌کنیم. برای این کار هر آل را در هر کروموزوم با شانس جهش تعیین شده (در اینجا  $0/001$ ) امتحان می‌کنیم. اگر در قرعه کشی  $0/001$  امتیازی، هر آل برنده شد، آنگاه مقدار آل به مقدار متضاد آن (در اینجا به مقدار متناقض آن) عوض می‌شود. مثلاً اگر مقدار ۰ دارد به ۱ تعویض می‌شود و بالعکس.

در جدول ۵، نتیجه گذر از نسل اول به دوم نشان داده شده است. برای تعقیب بهتر آزمایش انجام شده، ۴ ستون دیگر به جدول اصلی (جدول ۳، مشخصات جمعیت نسل اول) اضافه شده است، ستون  $P_1$  و  $P_2$  ایندکس والدین فرد یا کروموزوم را نشان می‌دهند. در صورتی که خانه مربوط به ستون  $P_2$  خالی باشد بدین معنی است که اپراتور یوناری (غیر جفت یا تکی) بوده است که در اینجا تنها اپراتور تک آرکومان، همان اپراتور باز تولید است و ستون  $C_p$  محل تقاطع برای استفاده در اپراتور قطع می‌باشد، بدیهیست در صورت خالی بودن دو خانه در این ستون، بدین معنیست که اپراتور دیگر، یعنی اپراتور باز تولید برای تکثیر انتخاب شده است. ستون  $M$  نیز شانس یا اکتیو شدن عمل جهش می‌باشد. عدد صفر به معنی غیر فعال بودن یا صورت نگرفتن جهش می‌باشد.

یک نکته ظریف و قابل توجه این است که کروموزوم اول (ایندکس ۱) در اکثر تولدها حضور داشته است. علت این است که شانس انتخاب کروموزوم ۱ (مقدار  $63/74\%$  در جدول ۴) برای والد بودن بسیار بالاست. مقام بعدی که دارای ثلث امتیاز یا شانس است، کروموزوم شماره (ایندکس) ۲ می‌باشد. در طرف مقابل کروموزوم‌های ۴ و ۵ دارای کمترین احتمال (به ترتیب  $1/26\%$  و  $2/28\%$ ) هستند، لذا اصلاً تأثیری در تولید نسل دوم نداشته‌اند.

نکته قابل توجه دیگر که البته قابل پیش بینی نیز بوده، بهتر شدن تابع برازندگی است (به مقادیر مینیمم، ماگزیمم و متوسط آن توجه کنید) این بدان معنیست که نسل دوم بسیار بهتر و سازگارتر با محیط شده است! یا به مفهوم دنباله‌های ریاضی، نوعی همگرایی احساس یا استشمام می‌شود.

جدول ۵ - نسل دوم مثال انگیزشی.

ایندکس	کروموزوم	فنونایپ	برازندگی	$P_1$	$P_2$	$C_p$	$M$
1	00001001	0.5625	0.1379	2	1	7	0
2	00010101	1.3125	0.4467	2	1	7	0
3	00010101	1.3125	0.4467	1	-	-	0
4	10111101	11.8125	0.0548	3	-	-	0
5	00011101	1.8125	0.6364	1	3	4	0
6	10110101	11.3125	0.0821	1	3	4	0

$F_{sum} = 1.8046$  مینیمم برازندگی : 0.0548  
 ماکزیمم برازندگی : 0.6364  
 متوسط برازندگی : 0.0308



نکته قابل تأمل آخر به شباهت الگویی کروموزوم‌ها می‌پردازیم. تمامی کروموزوم‌ها در نسل دوم، در آل‌های دوم، هفتم و هشتم مشترکند! (در جدول بصورت پررنگ نمایش داده شده‌اند)

**نسل‌های بعدی** – مشابه نسل دوم، برای نسل‌های بعدی نیز عملیات انتخاب والدین، اپراتور و احتمال جهش را تکرار می‌کنیم. نتایج در جداول ۶ الی ۱۱ نشان داده شده‌اند. دقت شود در نسل سوم، به یک جمعیت بسیار برازنده رسیده ایم.

جدول ۶ – نسل سوم مثال انگیزشی

ایندکس	کروموزوم	فنوتایپ	برازندگی	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	C <sub>p</sub>	M
1	00001001	0.5625	0.1379	1	-	-	0
2	00011101	1.8125	0.6364	5	-	-	0
3	10011101	9.8125	0.2130	6	5	1	0
4	00110101	3.3125	0.9680	6	5	1	0
5	00011101	1.8125	0.6364	5	2	5	0
6	00010101	1.3125	0.4467	5	2	5	0
$F_{sum} = 3.0384$			0.1379	مینیمم برازندگی :			
			0.9680	ماکزیمم برازندگی :			
			0.5064	متوسط برازندگی :			

جدول ۷ – نسل چهارم مثال انگیزشی

ایندکس	کروموزوم	فنوتایپ	برازندگی	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	C <sub>p</sub>	M
1	10011101	9.8125	0.2130	3	4	5	0
2	00110101	3.3125	0.9680	3	4	5	0
3	00011101	1.8125	0.6364	2	-	-	0
4	00110101	3.3125	0.9680	4	-	-	0
5	00011101	1.8125	0.6364	2	5	4	0
6	00011101	1.8125	0.6364	2	5	4	0
$F_{sum} = 4.0582$			0.2130	مینیمم برازندگی :			
			0.9680	ماکزیمم برازندگی :			
			0.6764	متوسط برازندگی :			





جدول ۸- نسل پنجم مثال انگیزشی

ایندکس	کروموزوم	فنو تایپ	برازندگی	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	C <sub>p</sub>	M
1	00110101	3.3125	0.9680	5	2	1	0
2	00011101	1.8125	0.6364	5	2	1	0
3	00010101	1.3125	0.4467	5	2	4	0
4	00111101	3.8125	0.9978	5	2	4	0
5	00011101	1.8125	0.6364	3	-	-	0
6	00011101	1.8125	0.6364	6	-	-	0

$$Fsum = 4.3217$$

مینیمم برازندگی : 0.4467

ماکزیمم برازندگی : 0.9978

متوسط برازندگی : 0.7203

جدول ۹- نسل ششم مثال انگیزشی

ایندکس	کروموزوم	فنو تایپ	برازندگی	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	C <sub>p</sub>	M
1	00110101	3.3125	0.9680	1	-	-	0
2	00010101	1.3125	0.4467	3	-	-	0
3	00111101	3.8125	0.9978	4	-	-	0
4	00011101	1.8125	0.6364	2	-	-	0
5	00011101	1.8125	0.6364	5	-	-	0
6	00011101	1.8125	0.6364	2	-	-	0

$$Fsum = 4.3217$$

مینیمم برازندگی : 0.4467

ماکزیمم برازندگی : 0.9978

متوسط برازندگی : 0.7203

جدول ۱۰- نسل هفتم مثال انگیزشی

ایندکس	کروموزوم	فنو تایپ	برازندگی	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	C <sub>p</sub>	M
1	00011101	1.8125	0.6364	6	4	3	0
2	00011101	1.8125	0.6364	6	4	3	0
3	00110101	3.3125	0.9680	1	5	6	0
4	00011101	1.8125	0.6364	1	5	6	0
5	00111101	1.8125	0.9978	3	-	-	0
6	00011101	1.8125	0.6364	5	-	-	0

$$Fsum = 4.5114$$

مینیمم برازندگی : 0.6364

ماکزیمم برازندگی : 0.9978

متوسط برازندگی : 0.7519



جدول ۱۱- نسل هشتم مثال انگیزشی

ایندکس	کروموزوم	فنو تایپ	برازندگی	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	C <sub>p</sub>	M
1	00011101	1.8125	0.6364	4	5	6	0
2	00111101	3.8125	0.9978	4	5	6	0
3	00110101	3.3125	0.9680	3	-	-	0
4	00111101	3.8125	0.9978	5	-	-	0
5	00011101	1.8125	0.6364	2	4	7	0
6	00011101	1.8125	0.6364	2	4	7	0

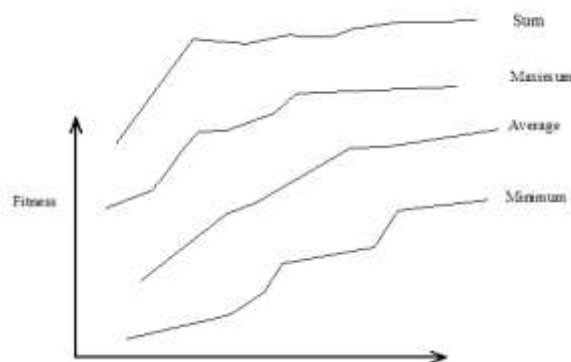
$$F_{sum} = 4.8728$$

مینیمم برازندگی: 0.6364

ماکزیمم برازندگی: 0.9978

متوسط برازندگی: 0.8121

اگر کروموزوم بسیار برازنده شماره 4 در نسل سوم (با برازندگی 0.9680) را مورد مذاقه قرار دهیم، متوجه یک ویژگی متمایز در آن می‌شویم. سه تا آلل اول آن 001 است (یعنی اعداد یا فنوتایپ‌های بزرگتر از 2.0 و کوچکتر از 3.0). این ویژگی، مزیتی یا نکته‌ای یا رابطه‌ای با میزان برازندگی آن باید داشته باشد. در حقیقت اگر مساله را تحلیل کنیم در می‌یابیم که برازنده ترین کروموزوم که با سه صفر (00011111) شروع می‌شود، هنوز برازندگی کمتری نسبت به بدترین کروموزوم که با 001 شروع می‌شود (یعنی 00100000) دارد. چون الگوریتم GA، متمایل به ایجاد نسل‌های بهتر می‌باشد، لذا باید انتظار وقوع بیشتر کروموزوم‌هایی را در نسل‌های آتی (نسل چهارم، جدول ۷) داشته باشیم که با 001 شروع می‌شوند.



شکل ۶- نمودار رشد شاخص‌های برازندگی

در جدول ۸، یعنی نسل پنجم، مواجه با یک همگرایی سریع (بهبتر شدن نسل) می‌شویم. فقط چهار کروموزوم متفاوت داریم و تمامی کروموزوم‌ها در 6 محل (از 8 محل) با هم مشترکند. برازنده ترین فرد (شماره 4 در نسل پنجم) در این نسل، عملاً بهترین آرایش بیتی را از نظر برازندگی دارد و چون 6 محل آن فیکس شده است، لذا اگر موتاسیون کمکی نکند، بعید است دیگر بتوان فرد بهتری را پیدا کرد. اگر آزمایش را ادامه دهیم، همین انتظار نیز متحقق می‌شود، نسل‌های ششم، هفتم



و هشتم گرچه مینیمم و متوسط برازندگی اندکی بهتر دارند ولی سوپر کروموزوم (با برازندگی ماگزیمم 0.9978) هنوز همانست که در نسل پنجم شاهد بودیم.

**نمایش بهبود برازندگی** - اگر به طور گرافیکی نحوه بهبود شاخص‌های برازندگی، یعنی مینیمم، متوسط، ماگزیمم و جمع برازندگی‌ها را قضاوت کنیم آنگاه به نظم تصادفی ولی هدفمند موجود در الگوریتم‌های GA پی می‌بریم. برای مثال انگیزشی این بخش، نمودارهای رشد برازندگی بر حسب نسل‌های تولید شده در شکل ۶ نشان داده شده‌اند.

## مسأله قیاس

جهت بررسی و تجزیه و تحلیل عملکرد الگوریتم‌های GA، جان هلند (معروف به پدر الگوریتم ژنتیک) مفهوم یا مسأله قیاس<sup>۵۹</sup> را معرفی کرد [3]. یک الگوی قیاسی<sup>۶۰</sup> عملاً یک مدل متشابه<sup>۶۱</sup> می‌باشد، که مثل برادران یک جمعیت تعریف می‌شود. به بیانی دقیق‌تر، یک الگو (ی قیاسی) زیرمجموعه‌ای از استرینگ‌های (کروموزوم‌ها) هم‌طول می‌باشد که در موقعیت‌های (بیتی) خاص با هم مشترکند. یک الگو به صورت یک استرینگ هم‌طول با کروموزوم‌های جمعیت می‌باشد ولی یک کاراکتر (معمولاً کاراکتر\*) اضافه‌تر دارد، یعنی در هر کجای نقشه‌بیتی کروموزوم، کاراکتر\* درج شده‌باشد بدین معنی است که آلل مربوطه هر مقدار ممکن می‌باشد و مقدار آن مهم نیست. بطور مثال فرض کنید یک استرینگ (کروموزوم) به طول 8 داریم و آلل‌ها مقادیر 0 یا 1 می‌توانند داشته باشند. حال الگوی  $000*01*0$  معرف مجموعه زیر می‌باشد: (یعنی در محل‌های چهارم و هفتم، هر مقداری می‌تواند بگیرد).

$$000*01*0 \equiv \{000\ 0\ 01\ 00, 000\ 1\ 01\ 00, 000\ 0\ 01\ 10, 00010110\}$$

الگوی  $00*****$ ، یعنی تمامی استرینگ‌هایی که با دو صفر شروع می‌شوند و الگوی  $*****$ ، یعنی مجموعه تمامی کروموزوم‌های جمعیت مورد مطالعه (!).

هلند در مطالعات خود به این نکته اشاره می‌کند که الگوریتم ژنتیک به این خاطر درست کار می‌کند که برازندگی یک کروموزوم (یا استرینگ) فقط به خود فرد مربوط می‌شود، بلکه به طور ضمنی، روی همه مدل‌های متشابه نیز اثر می‌گذارد. وقتی یک الگوی بیتی شامل برازنده‌ترین استرینگ‌ها می‌باشد، الگوریتم ژنتیک این مسأله را در نسل‌های بعدی نیز لحاظ می‌کند، یعنی هر چه نسل عوض می‌شود، استرینگ‌های متشابه بیشتری در جمعیت نسل‌ها ظاهر می‌شوند.

فرض کنید سائز جمعیت را با  $n$  و طول هر کروموزوم را با  $L$  نمایش دهیم، هر موقعیت در استرینگ را اگر با\* جایگزین کنیم تا یک الگو تولید شود آنگاه  $2^L$  الگو خواهیم داشت که اعضای آن جزء جمعیت خواهند بود. بنابراین کل جمعیت، معادل  $2^L$  تا  $n2^L$  الگو خواهد داشت.

به طور مثال استرینگ 10000010 که جزء جمعیت باشد، عملاً جزء زیرمجموعه الگوئی  $1*****$  می‌باشد ولی وقتی اپراتور قطع روی آن عمل می‌کند، عملاً  $\frac{6}{7}$  شانس آن وجود دارد که نقطه قطع بین دو تا 1 رخ دهد و عملاً الگو شکسته شود. اگر یک الگو در گذر از نسلی به نسل دیگر، شکسته شود، آنگاه الگوریتم ژنتیک نتوانسته است بهره مناسبی از آن الگو ببرد ولو اینکه برازنده نیز باشد.

<sup>59</sup> Schemata

<sup>60</sup> Schema

<sup>61</sup> Similarity Template



ه‌لند به محاسبه تعداد الگوهای که در الگوریتم ژنتیک پایه (SGA) قابل پردازش مناسب هستند پرداخت و نشان داد که از مرتبه  $O(n^3)$ <sup>62</sup> می‌باشند. این مرتبه بسیار بزرگتر از تعداد یا سایز جمعیت یعنی  $n$  می‌باشد، لذا به نوعی یک تضمین برای کارکرد مناسب SGA می‌باشد.

**تئوری قیاس** - اگر یک الگو مثل  $H$  داشته باشیم، آنگاه مرتبه الگو که با  $O(H)$  نمایش می‌دهیم، به صورت تعداد محل ثابت و تعیین شده<sup>63</sup> در الگوی  $H$ ، تعریف می‌شود. طول مشخصه<sup>64</sup> یک الگو (نمایش داده شده با  $\delta(H)$ ) به صورت فاصله بین اولین و آخرین محل فیکس شده تعریف می‌شود به طور مثال  $\delta(11*0***)=3$ ، چون سه محل فیکس وجود دارد و  $\delta(11*0***)=4$ ، چون آخرین محل فیکس در ششمین نقطه و اولین محل فیکس شدن در محل دوم اتفاق می‌افتند.

حضور یا رخداد<sup>65</sup> یک الگوی خاص در جمعیت مورد مطالعه موقعی واقعیت که اگر استرینگی در جمعیت وجود داشته باشد که عضو زیر مجموعه استرینگ‌های آن الگو باشد تعداد حضور یک الگو در یک جمعیت عملاً همان تعداد استرینگ‌هایی می‌باشد که در عین حضور در جمعیت، عضو زیرمجموعه الگوی مربوطه باشند. برازندگی الگوی مزبور در آن جمعیت خاص مطابق برازندگی متوسط استرینگ‌های حاضر در جمعیت ولی متعلق به الگو تعریف می‌شود. نکته قابل توجه اینست که برازندگی یک الگو با زمان (تغییر نسل) تغییر می‌کند.

به نسل اول مثال انگیزش بخش قبلی مراجعه کنید. دو رخداد از الگوی  $101**$  در این نسل وجود دارد، یعنی کروموزوم های 1 و 4 برازندگی این الگو، متوسط برازندگی دو کروموزوم 1 و 4 است یعنی  $0.2278 = 2 / (0.4467+0.0088)$  نسل دوم: سه رخداد از این الگو دارد، یعنی کروموزوم های 2 و 3 و 6 متوسط برازندگی الگو معادل  $0.3252 = 3 / (0.4467+0.4467+0.0821)$  .

فرض کنید  $m(H,t)$  را تعداد حضور الگوی  $H$  در یک جمعیت نمونه در لحظه (نسل)  $t$  بنامیم. همچنین  $f(H,t)$  را برازندگی  $H$  در نسل  $t$  در نظر بگیرید  $f_{pop}(t)$  را برازندگی متوسط جمعیت تعریف کنید. ه‌لند نشان داد که مینیمم تعداد رخداد یک الگو مثل  $H$  در نسل بعدی (نسل  $t+1$ ) به صورت زیر محاسبه می‌شود [3]:

$$m(H,t+1) \geq m(H,t) \cdot \frac{f(H,t)}{f_{pop}(t)} \cdot \left[ 1 - p_c \cdot \frac{S(H)}{L-1} - O(H) \cdot P_m \right] (S) \quad (3)$$

به طوریکه  $L$  طول کروموزوم،  $P_c$  احتمال قطع و  $p_m$  احتمال (شانس) جهش می‌باشد.

رابطه بالا نشان می‌دهد که سرعت بهبود برازندگی به طور نمایی در نسل‌های متوالی بهبود پیدا می‌کند، به شرطی که اپراتورهای پایه ژنتیک شامل بازتولید، قطع و جهش باشد. این قضیه معروف به قضیه قیاس (تئوری) یا قضیه اساس الگوریتم های ژنتیک<sup>66</sup> می‌باشد.

اگر به مثال انگیزشی بخش قبلی برگردیم، گفته شد که انتظار می‌رود کروموزوم هایی که با 001 شروع می‌شوند، در نسل‌های بعد از نسل سوم نیز ظاهر شوند. با توجه به قضیه اساس الگوریتم‌های ژنتیک، این پیش‌بینی یا انتظار درست از آب در می‌آید. برای استفاده از قضیه فوق‌الذکر، باید تعداد تقریبی رخداد الگوی  $001****$  را در نسل بعدی (نسل چهارم) حساب کنیم:

<sup>62</sup> Order

<sup>63</sup> fixed

<sup>64</sup> Defining Length

<sup>65</sup> Occurrence

<sup>66</sup> Fundamental theorem of GAS



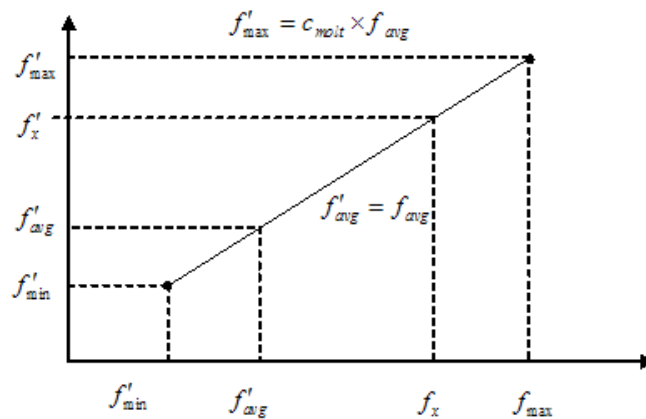
$$m(001****,4) \geq 1 \times \frac{0.9680}{0.5064} \times \left[ 1 - 0.7 \times \frac{2}{7} - 3 \times 0.001 \right] = 1.5235 \quad (۴)$$

یعنی تعداد رخداد الگوی مزبور باید حداقل ۲ باشد. یک نکته را نیز نباید از نظر دور داشت و آن هم این که سائز جمعیتی مثال انگیزشی بسیار کوچکست و نتایج قضیه اساسی خیلی مشهود یا قابل توجه نیست.

یک استفاده کاربردی از قضیه اساسی، بحث مانیتورینگ و تعقیب برازندگی نسل حاضر یا عملکرد یک GA خاص می‌باشد ولی آنچه بسیار مهم است، استفاده متعالی از این قضیه است به طوری که جوهره اصلی قضیه، راجع به تولید یا احتمال تولد افراد بسیار برازنده از روی بلوک‌های سازنده استرینگ‌های نمونه‌ای با طول کوتاه (یعنی الگوهای H) صحبت می‌کند. حال ایده اینست که به جای تاکید یا چانه زنی تولید سوپر کروموزوم‌ها از اول (استفاده از اپراتور قطع در GA)، آیا بهتر نیست از روی الگوهای برازنده شروع کنیم؟!

**تکات عملی پیاده‌سازی GA** - همانطور که قبلاً نیز ذکر شد، الگوریتم پایه‌ای ژنتیک (SGA) فقط محض سهولت فهم و تحلیل کارکرد الگوریتم مطرح شد. برای کاربردهای عملی و جدی باید محورهایی از کارکردهای GA را بهبود داد. به طور مثال، ممکنست با همگرایی بسیار سریع در همان چند نسل اول مواجه شویم و این برخلاف الگوریتم‌های جستجوی کلاسیک که حساس به مقدار اولیه هستند خبر خوبی نیست! همچنین اپراتورهای قطع و بازتولید الزاماً برای همه مسائل مناسب نیستند و سایر اپراتورهای مقتضی را نیز باید به کار گرفت. در ادامه به چند تکنیک عملیاتی برای بهره‌گیری بیشتر از GA می‌پردازیم.

**فرآیند مقیاس دهی (Scaling)** - همگرایی زودرس یکی از معایب عمده الگوریتم پایه SGA می‌باشد. روش‌های زیادی برای جلوگیری از بروز این پدیده وجود دارد. یکی از این متدها، مقیاس دهی می‌باشد.



شکل ۷- مقیاس دهی خطی توابع برازندگی

در مراحل (نسل‌های) اولیه یک GA، تعداد بسیار کمی از افراد از نظر برازندگی تمایل به غالب شدن در جمعیت دارند. در این حالت، باید به نحوی برازندگی آنها را کاهش دهیم تا افراد کمتر برازنده نیز شانس حضور در جمعیت یا نسل بعدی را داشته باشند. از طرفی ممکنست با تحقیر سوپرمن‌ها، مسأله دوباره تکرار شود و لذا باید به نحوی افراد خیلی ضعیف را به نوعی تعظیم کنیم. این تحقیر و تعظیم از نظر عددی، عملاً به شکل مقیاس دهی خطی است. برای عملیات مقیاس دهی خطی، ابتدا میزان و تابع برازندگی هر فرد را مثل همیشه محاسبه می‌کنیم. این اعداد موسوم به برازندگی‌های خام هستند. سپس متوسط ( $f_{avg}$ )، ماگزیمم ( $f_{max}$ ) و مینیمم ( $f_{min}$ ) برازندگی را حساب می‌کنیم. با استفاده از اعداد محاسبه شده، می‌توان



برازندگی مقیاس شده یا پردازش شده هر فرد را حساب نمود. شکل ۷، به طور گرافیکی رابطه بین برازندگی‌های خام و برازندگی‌های پردازش شده یا مقیاس شده را نشان می‌دهد.

روابط خطی بین  $f$  (بعنوان متغیر مستقل) و  $f'$  (برازندگی مقیاس شده، بعنوان متغیر تابع) به صورت زیر است:

$$(5) \quad f' = af + b$$

برای محاسبه شیب (a) و عرض از مبدا (b) از دو رابطه زیر استفاده می‌کنیم:

$$f'_{avg} = f_{avg} \quad (6)$$

$$f'_{max} = c_{mult} \cdot f_{avg} \quad (7)$$

ثابت  $c_{mult}$ ، معمولاً با تعداد کپی مورد انتظار از سوپر کروموزوم جمعیت در نسل بندی مقاردهی می‌شود. به طور مثال اگر مقدار 2 را برای آن اختیار کنیم، یعنی انتظار داریم که برازنده ترین عضو جمعیت (نسل)، فقط دو بار شانس انتخاب شدن برای اپراتورهای ژنتیک جهت تولید نسل بعدی را داشته باشد. از آنجائیکه برازندگی خام متوسط را معادل برازندگی مقیاس دهی شده متوسط قرار داده‌ایم لذا، انتظار می‌رود فرزندان افراد متوسط جمعیت حاضر نیز در نسل بعدی حضور داشته باشند. برای مشخصه‌سازی یک خط، نیاز به دو نقطه می‌باشد که در بحث اخیر، از تساوی دو متوسط برازندگی و متوسط ماکزیمم استفاده کردیم. گرچه می‌توانستیم با دو مقدار مینیمم و ماکزیمم نیز به رابطه مندی خط برسیم ولی با هدف نهایی فرآیند مقیاس دهی در تضاد و یا لاقط کنترل ناپذیر بود. به هر حال، در اثر استفاده از روابط (6) و (7)، از رابطه زیر استفاده می‌کنیم:

$$(8) \quad f'_{min} = 0$$

### فرآیند انتخاب - نحوه و مکانیسم انتخاب در SGA دارای معایبی چند است. به طور مثال ممکنست برازنده ترین

فرد در نسل بعدی حضور نداشته باشد!<sup>67</sup> علت نیز معلومست، چون انتخاب شانسی است. به هر حال دو روش آلترناتیو نیز برای پرهیز از این نکته وجود دارد. انتخاب همیشگی زیدگان<sup>68</sup> به این صورت عمل می‌کند که این سوپر کروموزوم همیشه در اپراتور باز تولید لاقط یکبار شرکت می‌کند، یعنی اگر هنگام تولید نسل جدید، این سوپر کروموزوم حضور نداشته باشد، هنگام تولید نسل بعدی کپی می‌شود. انتخاب با متوسط آماری<sup>69</sup> سعی می‌کند با مینیمم کردن خطای آماری هنگام فرآیند انتخاب، شانس حضور سوپر کروموزوم ها در نسل بعدی افزایش یابد. با گذاشتن یک قید ماکزیمم روی تعداد کپی افراد در نسل جدید با توجه به شانس افراد (برازندگی فرد تقسیم بر مجموع برازندگی) وقتی گرد می‌شود این مسأله متحقق می‌شود.

### جایگزینی و تعویض - به تجربه ثابت شده است که نباید کل جمعیت نسل قبل را حذف و با یک جمعیت

جایگزین<sup>70</sup> کنیم. در عوض باید بخشی از جمعیت قبلی را جایگزین کنیم. این نکته منجر به مساله انتخاب فقط بخشی از نسل قبل برای تولید نسل جدید می‌شود.

روش یا مفهوم ازدحام<sup>71</sup> یک روش متداول و جافتاده برای پیاده‌سازی این مکانیسم انتخاب می‌باشد و نیازمند استفاده

از دو پارامتر فاصله نسلی<sup>72</sup> و فاکتور ازدحام<sup>73</sup> می‌باشد.

<sup>67</sup> Elitist selection

<sup>68</sup> expected value selection

<sup>69</sup> Replacement

<sup>70</sup> Crowding

<sup>71</sup> generation gap

<sup>72</sup> crowding factor



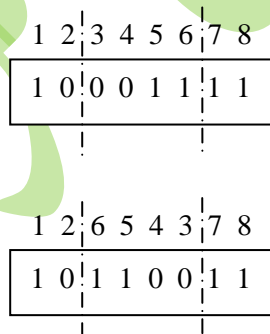
فاصله نسلی نمایانگر میزان بزرگی کسر جمعیت حاضر برای تعویض می‌باشد. فاکتور ازدحام نیز نشان می‌دهد چند فرد باید مجموعه رفرنس برای انتخاب یک فرد را تشکیل دهند، یعنی تعداد اعضای مجموعه کاندیداتوری برای انتخاب یک فرد جهت تعویض چه قدر است. به طور مثال اگر فاکتور ازدحام 2 باشد، آنگاه دو نفر به طور رندام برای کاندیداتوری از نسل حاضر انتخاب می‌شوند. یکی از این دو نفر باید برای تعویض با فرد جدیدالولاده (حضور در نسل بعدی) انتخاب شود. معمولاً آن فردی انتخاب می‌شود که بیشترین اختلاف بیتی یا کاراکتری (کمترین شباهت) را با فرد جدید دارد.

روش دیگر مکانیسم تعویض، مفهوم پیش‌انتخاب<sup>۷۳</sup> می‌باشد. این روش از فاصله نسلی نیز استفاده می‌کند. به هر حال، در روش پیش‌انتخاب، افراد مستعد تعویض و به طور تصادفی معلوم نمی‌شوند، بلکه این یکی از والدین است (آنکه برازندگی کمتری دارد) که هدف تعویض قرار می‌گیرد.

**معکوس‌گرایی<sup>۷۴</sup>** - تا به حال، تنها دو اپراتور بازتولید و قطع برای تولید نسل جدید بحث شده‌اند. گروه سوم اپراتورها شامل اپراتورهای بازترتیب<sup>۷۵</sup> می‌باشد.

اپراتورهای بازترتیب، ترتیب بیتی یا کاراکتری را در یک استرینگ یا کروموزوم را به هم می‌زنند. به طور اساسی، دو نوع اپراتور بازترتیبی وجود دارد. آنهایی که محل و موقعیت بیت یا کاراکتر را عوض می‌کنند و دیگری آنهایی که مقدار آلل را عوض می‌کنند.

معکوس‌گیری، متداول‌ترین اپراتوریست که محل بیت یا کاراکتر را عوض می‌کند. دو نقطه از کروموزوم انتخاب می‌شود و سپس در آن محل، کروموزوم بریده و یا قطع می‌شود. قسمتی که بین این دو نقطه قرار گرفته، معکوس شده و سپس کروموزوم دوباره سر هم می‌شود. به طور مثال، کروموزوم نمونه زیر را در نظر بگیرید. نقاط قطع را بین آلل دوم و سوم و دیگری بین ششم و هفتم در نظر بگیرید.



با عمل معکوس‌گیری، کروموزوم مربوطه به شکل زیر در می‌آید:

در نگاه اول، این پروسه چندان دلچسب به نظر نمی‌رسد ولی برای برخی مواقع بسیار موثر می‌باشد. مثلاً فرض کنید یک الگوی بسیار برازنده داریم که دارای دو محل فیکس ولی دور از هم می‌باشد. این الگو (یا کروموزوم‌های متعلق به مجموعه این الگو) در معرض حذف توسط اپراتور قطع خواهند بود. با عمل معکوس‌گیری این دو نقطه فیکس و دور از هم به همدیگر نزدیک می‌شوند. البته در ترکیب با اپراتور قطع مساله از نظر پیاده‌سازی کمی مشکل‌تر می‌شود چرا که معکوس‌گیری فقط برای برخی افراد نسل و نه همه جمعیت اعمال می‌شود.

**جایگشت<sup>۷۶</sup>** - اپراتورهای بازترتیبی زیادی وجود دارند که مقادیر آلل‌ها را عوض می‌کنند. این نوع اپراتورها معمولاً هنگامی که نیاز به جایگشت یک استرینگ (کروموزوم) برای رسیدن به جواب مساله باشد، مطرح می‌شوند. به طور

<sup>73</sup> preselection

<sup>74</sup> Inversion

<sup>75</sup> Reordering

<sup>76</sup> permutation



مثال مساله فروشنده دوره گرد<sup>۷۷</sup> را در نظر بگیرید. در این مساله دنبال کوتاه‌ترین مسیر بسته هستیم که اولاً فروشنده همه شهرها را ویزیت کند و ثانیاً هر شهر فقط یک بار ویزیت شود. اگر به هر شهر یک شماره اختصاص دهیم، آنگاه یک جواب ممکن<sup>۷۸</sup> یک استرینگ خواهد بود که شماره شهر نشانگر ویزیت آن شهر و ترتیب ظهور یا حضور کد شهر در استرینگ مربوطه نشان‌دهنده ترتیب ویزیت شهرها می‌باشد. حال هر تغییری در جایگشت استرینگ بدهیم، به هر حال استرینگ تغییر یافته یک جواب ممکنست و ویزیت فقط یکبار هر شهر تضمین شده است. به هر حال، اپراتور قطع نمی‌تواند جایگشت ایده‌آل را تضمین کند، فلذا اپراتور آلترناتیوی به نام اپراتور قطع شبه غالب<sup>۷۹</sup> وجود دارد که شانس کروموزوم جدیدالولاده را از نظر شباهت (جایگشتی) به والدینش بیشتر می‌کند. برای استفاده از این اپراتور، باید پس از انتخاب والدین، دو نقطه قطع روی آنها انتخاب کرد. سپس زیر استرینگ‌های بین دو نقطه هر والد را بر می‌داریم و با همدیگر عوض می‌کنیم. حال برای حفظ جایگشت مقادیر عوض شده را مجدداً بازترکیب می‌کنیم. با یک مثال قضیه روشن تر می‌شود:

دو والد 8 کارا کتری زیر را در نظر بگیرید که برای سهولت آل‌های غیر تکراری دارند. دو نقطه قطع برای هر والد، طوری انتخاب می‌کنیم که زیر استرینگ میانی بریده شود (یک نقطه قطع بین محل‌های سوم و چهارم و نقطه دیگر بین محل‌های پنجم و ششم).

۱والد :	7	5	3	1	2	4	6	8
۲والد :	1	5	2	6	3	7	4	8

از محل قطع، زیر استرینگ‌ها را بریده و تعویض می‌کنیم (کاراکترهای عوض شده، پررنگ نمایش داده شده‌اند):

محل	1	2	3	4	5	6	7	8
۱والد :	7	5	3	<b>6</b>	<b>3</b>	4	6	8
۲والد :	<b>1</b>	5	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	7	4	8

حالا والد 1، دو تا 6 و دو تا 3 دارد همانطور که والد 2، دو تا 1 و دو تا 2 دارد. حالا چون 6 جدید جایگزین با 1 (در واحد 1، قبل از عمل قطع و جایگزینی) شده‌است، برای حفظ جایگشت باید 6 قدیمی (در محل هفتم) با مقدار 1 (تعدادی که جایگزینی برای آن اتفاق افتاده‌است) عوض شود. همین کار را برای 3 جدید نیز انجام می‌دهیم و سپس همین کار را برای والد 2 نیز انجام می‌دهیم، نهایتاً دو والد قطع داده شده با حفظ جایگشت را به صورت زیر خواهیم داشت. باید دقت شود که آلان هر دو والد هنوز آل‌های غیر تکراری دارند و فقط جایگشت رخ داده است.

محل	1	2	3	4	5	6	7	8
۱والد :	7	5	<b>2</b>	6	3	4	<b>1</b>	8
۲والد :	<b>6</b>	5	<b>3</b>	1	2	7	4	8

<sup>77</sup> Traveling salesman

<sup>78</sup> feasible

<sup>79</sup> Partially matched crossover- PMX





اپراتور PMX تنها اپراتور جایگشتی نیست، بلکه اپراتورهایی مثل قطع ترتیبی<sup>۸۰</sup> و قطع سیکلی<sup>۸۱</sup> نیز وجود دارند. اپراتور OX بسیار شبیه PMX است ولی در نحوه حذف مقادیر تکراری، متفاوت است.

**بهینه یابی چند متغیره** - مسائل عملی بر خلاف مثال انگیزشی یاد شده، نوعا دارای بیش از یک متغیر مستقل (متغیر تصمیم‌گیری) می‌باشند. لذا باید به ترتیب حضور یا تاثیر سایر متغیرها را در نظر گرفت. در نظر اول، ممکن است به جای تعریف یک کروموزوم، با چند کروموزوم کار کنیم ولی آنچه که متداول است، چسباندن همه کروموزوم‌ها برای تشکیل یک استرینگ طولانی و سپس استفاده از الگوریتم GA تک کروموزومی می‌باشد.

**بهینه یابی مالتی آبجکتیو<sup>۸۲</sup>** - این نوع مسائل دارای چند تابع هدف هستند که باید همزمان اپتیمم شود. یکی از روش‌ها ایجاد سازگاری برای داشتن چند تابع برازندگی، جهت استفاده از GA برای مسائل چند هدفی، رتبه‌بندی افراد و بهره‌گیری از مفهوم غالب یا سلطان<sup>۸۳</sup> می‌باشد. با مرتب کردن افراد (کروموزوم‌ها) به ترتیب نزولی یا صعودی، آنگاه پروسه انتخاب از روی لیست مرتب‌شده کروموزوم‌ها صورت می‌گیرد.

**قالب بندی<sup>۸۴</sup>** - در برخی مسائل، مقدار برازندگی به مفهوم مطلق آن ممکنست روی همگرایی یا عملکرد الگوریتم GA تاثیر بسزایی داشته باشد. به عبارتی، اگر برازندگی یک کروموزوم در یک جمعیت نمونه بین 0.5 تا 1.0 تغییر کند، آنگاه ممکنست نتایجی متفاوت با سیستمی بگیریم که برازندگی همان کروموزوم بین 99.5 تا 100.0 تغییر می‌کند. یک راه کاهش این تاثیر، قالب بندی بدین معنیست که از مقادیر برازندگی به یک اندازه کم کنیم، به طوریکه کمترین برازندگی همیشه یک سطح استاندارد داشته باشد.

**رتبه‌بندی<sup>۸۵</sup> یا نرمالیزاسیون خطی<sup>۸۶</sup>** - در این روش که به منظور کاهش تاثیر مقدار برازندگی روی نتایج می‌باشد، برازندگی‌ها ابتدا با ترتیب نزولی مرتب می‌شوند. سپس با استفاده از مقادیر ماژریم و مینییم برازندگی، اطلاعات برازندگی نرمالیزه می‌شوند.

**مفهوم دیپلوئید و هاپلوئید** - کروموزوم‌هایی که در هر محل از استرینگ می‌توانند دو آل داشته باشند موسوم به دیپلوئید هستند. یکی از آل‌ها همیشه غالب است و فنوتایپ مربوطه فقط تحت تاثیر آل غالب می‌باشد. شایان ذکر است که در برخی از حالات یا زمان‌ها، آل غیرغالب می‌تواند مسلط شده و آل غالب شود. به عبارتی، دیپلوئیدها همیشه دارای آل‌های غیرغالب و کمون هستند تا در آینده احتمال فعال شدن آنها وجود داشته باشد. در طبیعت نیز همینطورست، ممکنست یک فنوتایپ کاملا برازنده یا سازگار باشد ولی اگر محیط پیرامون تغییر خصوصیت دهد، آنگاه این سوپرکروموزوم به یک کروموزوم عادی تنزل کند. نقطه مقابل کروموزوم دیپلوئید، مفهوم کروموزوم هاپلوئید است که دارای قابلیت سازگاری یا تطبیقی ساختاری نمی‌باشد.

**روش‌های ترکیبی<sup>۸۷</sup>** - مسائلی در عمل وجود دارند که روش بهینه یابی (!) آنها، شامل ترکیب دو روش GA و یک روش جستجوی کلاسیک می‌باشد. روش براین ایده استوارست که اگر یک جستجوی کلاسیک خیلی قوی در

<sup>80</sup> Order crossover- OX

<sup>81</sup> Cycle crossover-CX

<sup>82</sup> Multi-Objective or Multi-Criteria

<sup>83</sup> Dominance

<sup>84</sup> Windowing

<sup>85</sup> Ranking

<sup>86</sup> Linear Normalization



دست داریم ولی حساس به حدس اولیه است، آنگاه می‌توان با GA به نزدیکی‌های منطقه اکسترمم محلی رفت و سپس به روش کلاسیک (سنی) برای جستجوی سریعتر و دقیق‌تر، سوئیچ نمود.

شایان ذکر است که اصطلاح ترکیبی به روش‌هایی که دقیقاً مثل GA ارائه شده توسط هلند نیستند نیز اطلاق می‌شود. به طور مثال روش‌هایی وجود دارند که کروموزوم می‌تواند دارای آل‌های غیرباینری نیز باشد، مثلاً یک عدد حقیقی باشند. بدیهیست که اپراتورهای نظیر جهش یا قطع باید متناظراً و مقتضیاً عوض شوند.

### الگوریتم‌های ژنتیک با دانش افزوده<sup>۸۸</sup> - در برخی مسائل خاص، می‌توان اپراتورها را به‌نحوی بهبود

داد که نه تنها از اطلاعات برزندگی کروموزوم‌ها استفاده کنند، بلکه از اطلاعات مسئله مثل قیود عملی یا روابط طبیعی نظیر بیلان جرم و انرژی نیز بهره ببرند. در این صورت الگوریتم GA خیلی هم کورکورانه عمل نمی‌کند، بلکه حضور یا استفاده از اپراتورهای با دانش افزوده به نوعی به حل سریع‌تر کمک کرده یا به خود الگوریتم به ویژه قسمت انتخاب کروموزوم‌ها برای تولد افراد نسل جدید خط می‌دهند.

### الگوریتم‌های ژنتیک پرورشی<sup>۸۹</sup> - در این نوع روش‌ها، درست شبیه جوجه‌کشی یا پرورش گاوهای

شیرده، هر کروموزوم عادی برای تناسل یا تولید جمعیت انتخاب نمی‌شود، بلکه کروموزوم‌های خاصی مثلاً آنهایی که دارای برزندگی بالا هستند کاندیدای والد برای تولید نسل بهتر، انتخاب می‌شوند. معمولاً اپراتور قطع بکار گرفته شده، یک اپراتور کاملاً تصادفی می‌باشد.

### روش‌های نو ترکیبی تصادفی<sup>۹۰</sup> - در این روش کروموزوم فرزند به این صورت تولید می‌شود که ابتدا

آل‌های مشترک بین والدین درج می‌شوند و سپس آل‌های باقیمانده به طور تصادفی مقداردهی می‌شوند. به تجربه ثابت شده است که این روش برای برخی مسائل، بسیار عالی کار می‌کند.

### تنوع در اپراتور قطع - یکی از اپراتورهایی که خیلی تحت مطالعه و تحقیق قرار گرفته است، اپراتور قطع

می‌باشد. به طور مثال اپراتورهایی که به جای قطع و تکه‌تکه شدن در دو نقطه، در سه نقطه یا بیشتر<sup>۹۱</sup> عمل قطع انجام می‌شود. عیناً ممکن است عمل قطع (ولو در دو نقطه) برای بیش از دو والد رخ دهد، یعنی اپراتورهای قطع چند والدی<sup>۹۲</sup> نیز داریم. اپراتور قطع یکنواخت<sup>۹۳</sup>، به اینصورت عمل می‌کند که دو والد یک فرزند تولید می‌کنند ولی برای آل‌های فرزند، هر دفعه والد بطور رندام انتخاب می‌شود و آل متناظر از همان محل از والد به فرزند کپی می‌شود.

اپراتور نیم یکنواخت<sup>۹۴</sup> مثل اپراتور یکنواخت است ولی با این تفاوت که بعد از اتمام عمل قطع، هر کدام از فرزندان مجدداً تحت عمل قطع یکنواخت (UX) قرار می‌گیرند تا فرزندان به والدین شبیه‌تر باشند.

<sup>87</sup> Hybrid

<sup>88</sup> Knowledge Augmented GAs

<sup>89</sup> Breeder Genetic Algorithm-BGA

<sup>90</sup> Random Respectful Recombination-R<sup>3</sup>

<sup>91</sup> Multiple Point Cross Over

<sup>92</sup> Multiple Parents Crossover

<sup>93</sup> Uniform Cross Over-UX

<sup>94</sup> Half-Uniform Crossover-HUX



## الگوریتم‌های ژنتیک موازی

از آنجاییکه الگوریتم‌های ژنتیک، حل‌های ممکن یا آلترناتیو را پردازش می‌کند، لذا می‌توان نوعی توازی و یا پردازش موازی برای آن متصور شد. باید دقت نمود که این خصیصه ذاتی الگوریتم است و گرنه الزاماً آسانی و سهولت در پیاده‌سازی موازی آن ندارد. اگر الگوریتم ژنتیک ولو بخواهد روی یک سیستم چند پروسسوری یا حتی پارالل کار کند، آنگاه نیازمند نوعی بهبود در الگوریتم ژنتیک هستیم، چرا که مثلاً برای تولید نسل جدید هنگام پردازش کروموزوم‌ها اعم از انتخاب، عمل قطع و یا استفاده از سایر پارامترها، می‌بایست به همه افراد جمعیت حاضر دسترسی داشته‌باشیم و این با موازی‌سازی همخوانی ندارد.

در قاموس توازی‌سازی<sup>۹۵</sup>، کار کردن با یک مدل همه‌شمول، بسیار سخت است. به عبارتی اگر با سیستمی سروکار داریم که همه افراد، عناصر یا آبجکتهای آن از همدیگر تاثیر پذیرند، آنگاه موازی‌سازی آن غیر ممکنست، مگر اینکه به نوعی با یک نگرش یا مدل دیگری که لااقل به طور گروهی و نه انفرادی، مجموعه مورد نظر را ببیند، کار کنیم. تغییر یا تعویض مدل جمعیتی در الگوریتم‌های ژنتیک، رویکردهای متفاوتی دارد. از اینرو، شاخه جدیدی در پیاده‌سازی موازی الگوریتم ژنتیک مطرح شده که در نوع خود ابتکاری و جالب می‌باشد. این انشعاب جدید، موسوم به الگوریتم‌های ژنتیک موازی (PGAS) است که در ادامه به دو مدل معروف آنها، یعنی مدل مجمع‌الجزایری و مدل سلولی پرداخته می‌شود.

**مدل مجمع‌الجزایری** - مدل مجمع‌الجزایری یا مدل دانه درشت‌ها، با چند جمعیت همه‌شمول، یا چند گروه جمعیتی که هر کدام با الگوریتم‌های GA در حال اجرا شدن هستند، کار می‌کند. به عبارتی هر پروسسور یک جمعیت را پیش می‌برد یا متکامل می‌کند. ارتباط این جمعیت‌ها با همدیگر مطابق مفهوم مهاجرت<sup>۹۶</sup> انجام می‌شود. نحوه مهاجرت کروموزوم‌ها از جمعیتی به جمعیت دیگر نیز تنوع خاص خودش را دارد. در برخی مدل‌ها، مهاجرت تصادفیست و در برخی دیگر درصد مهاجرت مقدار ثابتی می‌باشد. در بعضی دیگر مهاجرت‌ها هم‌زمان و در مدل‌های دیگر ممکنست مهاجرت‌ها غیرهم‌زمان باشد. مسیره‌های مهاجرت‌ها هم مهم است، ممکنست جمعیت مقصد یا مبدا بطور تصادفی انتخاب شود و ممکن است در قالب یک سیکل بسته باشد یا اینکه بطور طبیعی، مهاجرت فقط بین همسایه‌ها<sup>۹۷</sup> رخ دهد!

نکته جالب این مدل، دخیل کردن مفهوم «رفاه»<sup>۹۸</sup> است. بدین معنی که چون هر پروسسور جمعیت خود را متکامل می‌کند، آنگاه هر کدام ممکنست به جوابهای مختلفی همگرا شوند، لذا هنگام کند شدن همگرایی ممکنست جمعیت‌های با برازندگی متوسط بالاتر، مهاجرپذیرتر شوند! این مفهوم مهاجرپذیری یا وجود جمعیت‌های مترفه‌تر، بسیار مناسب مسایل مولتی‌مودال (وجود چندین اپتیمم محلی) می‌باشد. از نظر عملی نیز، مدل مجمع‌الجزایری دارای گروه خون  $O^+$  می‌باشد، چون دهنده خوبی است !!!

مدل مجمع‌الجزایری، فقط با انتقال یا مهاجرت اطلاعات محدود معدودی بین پروسسورها (جمعیتها) کار می‌کند، لذا برای بسیاری از معماری‌های سخت‌افزاری / نرم‌افزاری قابل کاربرد است، نظیر شبکه کامپیوترها، سیستم‌های توزیع شده، ماشین‌های چند دستوری - چند داده‌ای<sup>۹۹</sup> و شبکه‌های اینترنتی.

<sup>95</sup> parallel programming

<sup>96</sup> migration

<sup>97</sup> stepping - stone

<sup>98</sup> niching

<sup>99</sup> Multiple Instruction Multiple Data - MIMD



**مدل سلولی** – این نوع مدل سازی که به مدل دانه ریز<sup>۱۰۰</sup> یا نفوذ<sup>۱۰۱</sup> می‌باشد از قید و محدودیت فضایی برای کروموزوم‌ها (و نه جمعیت) استفاده می‌کند. قید و محدودیت مربوطه معروف به شبکه<sup>۱۰۲</sup> می‌باشد. بطور مثال در یک شبکه دو بُعدی، کروموزوم‌ها در یک آرایش ماتریسی قرار می‌گیرند. آنگاه کروموزوم‌ها یا فقط با هم جفت می‌شوند که از یک ناحیه با شعاع از پیش تعیین شده ای انتخاب شده باشند.

اگر در شبکه دو بُعدی، بطور مثال شعاع واحد را برای قید انتخاب کروموزوم‌ها تعریف کنیم، آنگاه با یک زیرجمعیت یا خانواده<sup>۱۰۳</sup> ۹ نفری مواجه هستیم، چون شعاع واحد می‌گوید برای یک کروموزوم نمونه، همسایه‌های اطراف را به اندازه یک کروموزوم جهت تشکیل زیرجمعیت انتخاب کنیم.

اگر شبکه مزبور، سه بُعدی باشد، تعداد اعضاء زیرجمعیت‌ها (جهت پردازش موازی)، معادل ۲۷ نفر (کروموزوم) می‌شود. خانواده‌ها می‌توانند با همدیگر همپوشانی داشته باشند و لذا جوابهای ممکن، بتدریج در شبکه پخش می‌شوند. بدین ترتیب بعد از مدتی نواحی مختلف شبکه، بطور پراکنده به جواب‌های ایتیم می‌رسند و در نتیجه این مدل نیز علاوه بر استعداد توازی‌سازی، مناسب مسائل بهینه‌یابی مولتی‌مودال هستند ولی از نظر پیاده‌سازی، مناسب برای پردازش در ماشین‌های تک دستوری – چند داده‌ای هستند.

## مراجع :

- [1]. R. Dawkins (1986), The Blind Watchmaker, Penguin Books, London.
- [2]. R. Dawkins (1989), The Selfish Gene, Oxford University Press, Oxford, 2<sup>nd</sup> Edition.
- [3]. J. H. Holland (1992), Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Application to Biology, control and Artificial Intelligence, 2<sup>nd</sup> Edition, MIT press / Bradford Book Edition, Cambridge, Massachusetts.
- [4]. D. E. Goldberg (1989), Generic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning, Addison – Wesley Publishing company Inc.

<sup>100</sup> fine-grained

<sup>101</sup> Diffusion

<sup>102</sup> grid

<sup>103</sup> deme