

الف) ویژگی‌های کار در الگوریتم ژنتیک به این صورت است که ابتدا جمعیت اولیه خود را تشکیل

می‌دهیم. در این سوال که می‌خواهیم حای با سطل درختی داریم پس اول می‌توانیم

شامل تک‌های html باشد تا حای مثل `<div>` را می‌دانیم درخت ما باید یک ریشه

داشته باشد می‌توانیم تک `<html>` را ریشه یا root در نظر بگیریم و بیهوها را تک‌های دیگر

در مرحله بعدی Fitness evaluation داریم که باید یک تابع Fitness برای ارزیابی صحت عملیات

تعریف کنیم. (برای root می‌توانیم یک `<div>` هم در نظر بگیریم)

در مرحله بعد Selection داریم که می‌توانیم انواع مختلف از Selection را انجام دهیم مثلاً

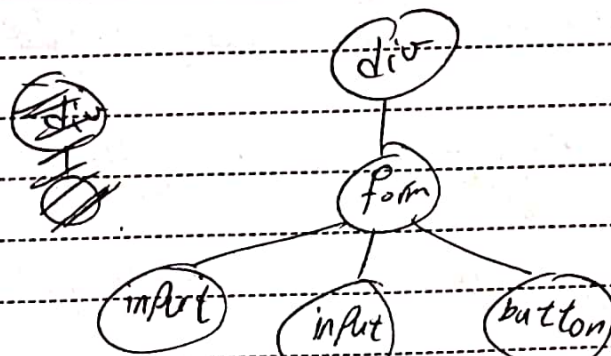
۱۰٪ top را انتخاب کنیم (لتن جزوه)

در مرحله بعد با استفاده از Crossover و mutation ما به نسل جدید می‌رسیم به این

reproduction می‌گویند. این خواص Crossover را بیشتر شرح دهیم به این صورت

است که قسمتی از درخت را ترک می‌کنیم یا در mutation به صورت تصادفی

در قسمت حای از درخت تغییرات ایجاد کنیم. و این مراحل را از سر بگیریم تا به نقطه stop



برسیم.  
شماره ۱

مجلس ب) برای این کار دو روش معرفی کرده ایم:

برای ارزیابی عملکرد معیارهای سفارشی را می توانیم بسنجیم و آنها را با بارولوژیست تطبیق

مقایسه کنیم تا چه حد متفاوت است

به طور مثال عناصر Design می توانیم بسنجیم، ایند چه element هایی داریم

خواه داریم و خرابی آنها مثل اندازه و رنگ هر عنصر به چه صورت است، لایه بندی

عنصر چگونه است (layout) و عناصر دیگر مثل وانش برای اعمال responsive بودن

صفحه. سپس به هر کدام از این معیارها وزن هایی را اختصاص می دهیم

اگر هر معیار را  $w_i$  بگوییم که دارای وزن  $w_i$  می باشد می توانیم

تابع Fitness را به این صورت تعریف کنیم

$$Fitness = \sum_{i=1}^n w_i x_i$$

برای ایندها

به طور کلی معیارهای زیادی از جمله ساختار، قابلیت Scale کردن

هم به جز معیارهای Design می توانیم مورد بررسی قرار داد و Functionality را هم بررسیم

دلیل ۱ وزن هایی که داریم باید می شوند و ما به چه اهمیت هر معیار را می سنجیم

۲) به نظر می آید که می توانیم با استفاده از optimization در انتخاب شرح های بهتر باشد

روش ساده تر مقایسه ساختار درخت منفر با کربوزیم است. در این مورد



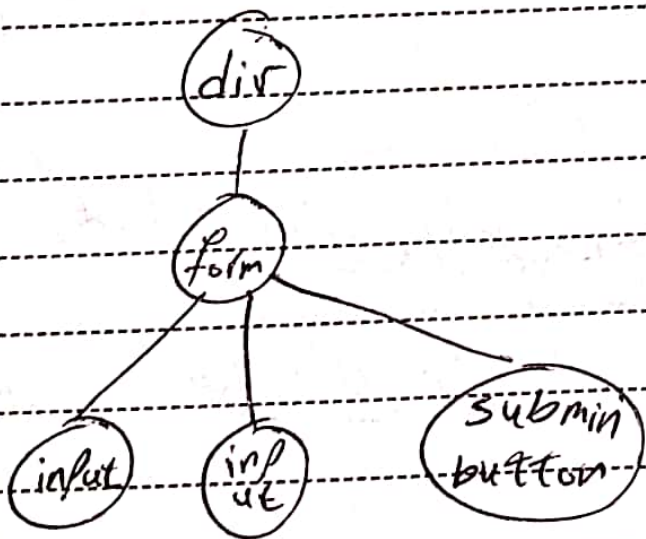
ادامه بخش ب) به این صورت که همان های درخت را ذخیره کنیم

و با درخت های تعریف می کنیم. برای این کار روش های سفارشی برای کار با درخت

می توانیم در نظر بگیریم. به دلیل ساختار لایه ای من از الگوریتم  $DFS$  استفاده می کنیم و

اگر لایه ها با هم یکسان نباشند به ازای هر همان غیر یکسان مقدار  $\infty$  به ازای

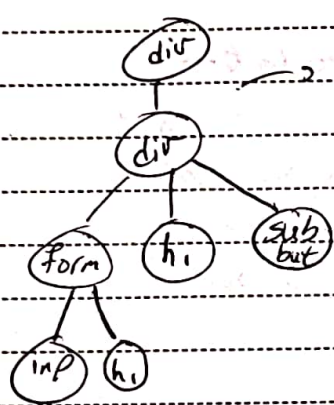
هر مقدار یکسان  $+1$  قرار می دهیم و در آخر  $sum$  می کنیم خرجه نهایی آن  $\frac{1}{8}$  نزدیکتر می باشد



بخش ج) از تابع  $fitness$  (دوم استفاده می کنیم

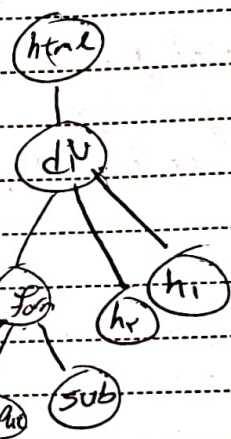
جمعیت اولیه را به وجود می آوریم:  $4$  پرومیتور در نظر می گیریم.

8:00  
9:00  
10:00  
11:00  
12:00  
13:00  
14:00  
15:00  
16:00  
17:00



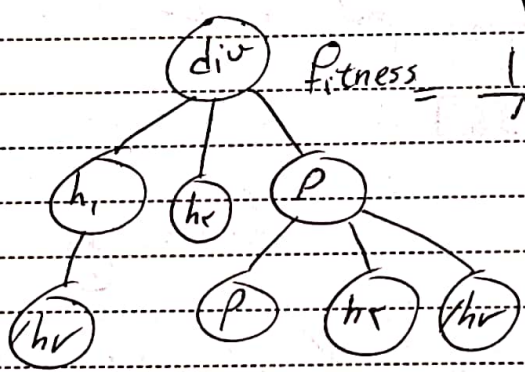
(div, submit) button

fitness =  $\frac{r}{v}$

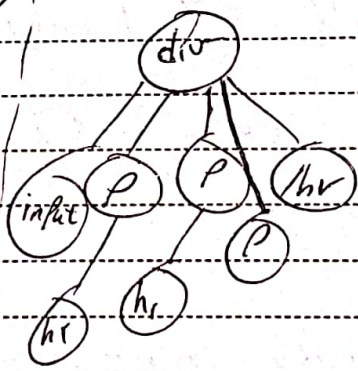


div, form, input, sub butt

fitness =  $\frac{r}{\lambda} = \frac{1}{r}$



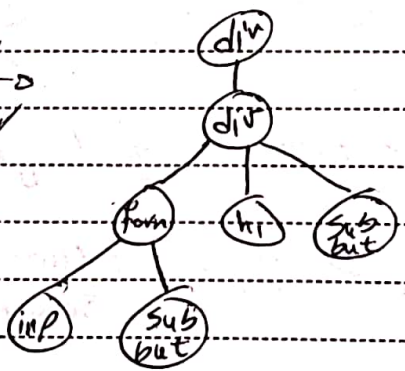
fitness =  $\frac{1}{\lambda}$



fitness =  $\frac{r}{\lambda}$

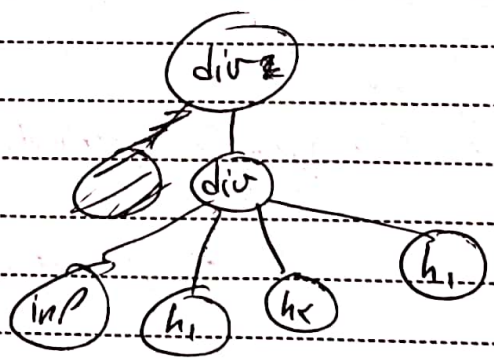
mutation, crossover, fitness

crossover



Chromosome 1

fitness =  $\frac{r}{v}$



Chromosome 2

fitness 2 =  $\frac{r}{v} = \frac{1}{r}$



8:00 mutation را به صورت تصادفی در فرد موجود ایجاد می‌کنیم: در این مورد مثال

9:00  $\langle h_1 \rangle$  را به  $\langle input \rangle$  تغییر می‌دهیم که باعث می‌شود  $fitness = \frac{1}{4}$

شود که باعث بهبود می‌شود

۳

11:00 ساختار ژنوم به یک آرایه از اعداد ۱ تا ۳۶ در نظر می‌گیریم

$L_{arr} = [1, 2, \dots, 36]$

تابع  $fitness$

13:00 بررسی این کلید ادیس‌های متفاوتی وجود دارد در این صورت تعریف می‌کنیم

14:00  $fitness = 12 - (\text{استون‌ها با زوج‌ها + در فرد‌ها با زوج‌ها برابر})$

15:00 به طور کلی از تابع  $fitness$  برای تعیین تعداد برابر زوج و فرد در کل دستور استون است

16:00 هر چه  $fitness$  بالاتر باشد نشان‌دهنده پرتر بودن معنی بهتر است

تاریخچه

17:00 ①  $Population$  را بین ۱۰ تا ۲۰ نفر تعریف می‌کنیم

② اعمال  $fitness$  و جدا کردن از دسته‌های مختلفی می‌توانیم برای  $selection$  به کار ببریم مانند

د- crossing over ← crossover (۳)

← چنانچه  $order = 1$ ،  $matrix$  را به صورت  $1 \times 1$  در نظر بگیریم

۱  
۲  
۳  
۴  
۵  
۶  
۷  
۸  
۹  
۱۰  
۱۱  
۱۲  
۱۳  
۱۴  
۱۵  
۱۶  
۱۷  
۱۸  
۱۹  
۲۰  
۲۱  
۲۲  
۲۳  
۲۴  
۲۵  
۲۶  
۲۷  
۲۸  
۲۹  
۳۰  
۳۱  
۳۲  
۳۳  
۳۴  
۳۵  
۳۶  
۳۷  
۳۸  
۳۹  
۴۰  
۴۱  
۴۲  
۴۳  
۴۴  
۴۵  
۴۶  
۴۷  
۴۸  
۴۹  
۵۰  
۵۱  
۵۲  
۵۳  
۵۴  
۵۵  
۵۶  
۵۷  
۵۸  
۵۹  
۶۰  
۶۱  
۶۲  
۶۳  
۶۴  
۶۵  
۶۶  
۶۷  
۶۸  
۶۹  
۷۰  
۷۱  
۷۲  
۷۳  
۷۴  
۷۵  
۷۶  
۷۷  
۷۸  
۷۹  
۸۰  
۸۱  
۸۲  
۸۳  
۸۴  
۸۵  
۸۶  
۸۷  
۸۸  
۸۹  
۹۰  
۹۱  
۹۲  
۹۳  
۹۴  
۹۵  
۹۶  
۹۷  
۹۸  
۹۹  
۱۰۰

Crossover rate =  $9.1 \times 10^{-8}$ , mutation rate:  $1.1 \times 10^{-8}$

④ mutation ← یہ صورت نفاذی دو عدد در، ایر، لا، تحریف، ی، لیم

درکریس اور mutation کا یہ وقت لےجیم کہ الزامات مسئلہ راہ جمع کریں

④ برای این سوال از الگوریتم ACO استفاده می‌کنیم (داخل برون شرح سوالی گفت مسئله بنابر)

برای حل سوالات ۱. این الگوریتم باید به براف از دسترس خارج بنماید. ~~تسکلی~~ تسکلی (دعیم)

نیم تصویر داریم هر تصویر را یک node در نظر می گیریم و بعد تعداد node ها را به هم وصل

محکم دلائل سے مزین و متنوع و منفرد موضوعات پر مشتمل مفت آن لائن مکتبہ

برای تدارک اولیه محبت و احسان بوریضها براساس احتمالی و تقدیر فوئون دریاها

اسرار اانتخاب لنه

شماره دانشجویی ← ۹۹۵۲۲،۳۲ ← تصویر =

به خصوص ما به تابع  $Fitness$  را خصوصی اعمال کنیم به تصویر ۳ نیز دیکتر شوند

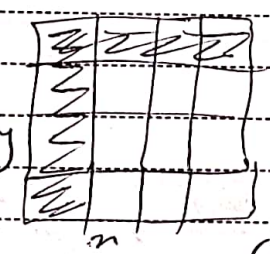
اداره کتب و اسناد



راه حل ابتدایی این است که:

تعداد بدیسل های متفاوت از تصویر ۳ - ۱۶

در نظر بگیریم. ممکن است این روش کمی مشکل باشد. آنرا جزئی تر می کنیم تا سرعت



مطمئن است مطر و ستون! دارای اهمیت می باشد

پس می توانیم از نمونه حرکات را محدود کنیم به  $(n, y)$  اگر در فضای

آغاز بازگشت آزادگان به میهن اسلامی (۱۳۶۹ هـ ش) یکی از این  $n, y$  برابر با بود و مورد توجه به ال حرکت

۲۷  
مرداد

گفته و فرمول بسطی به جا ندارند و در غیر این صورت گفته

که بیایم سعی کردن خانه است. البته بیسرها است

محاسبات به صورت کلی اینگونه می باشد

distance:  $\frac{1}{Similarity + 4}$

که همین با محاسبه احتمال که در جزوه فرمول آنرا داریم به نوعی حرکت مورد توجه

به سمت مقصد هدایت می کنیم. این کار را می توانیم تا به نقاط stop بگیریم

الکوریتم  $P_{50}$  - چون در  $P_{50}$  پیام لزوماً کمتر از  $P_{50}$  می رسد:

می توانیم  $P_{50}$  تصویر را در  $P_{50}$  قرار دهیم که یک تصویر  $5 \times 5$  با  $2 \times 2$  تشکیل دهند

ابتدا ذرات را به صورت  $P_{50}$  قرار دهیم اولاً می بینیم

برای پیدا کردن  $P_{50}$  باید تمام  $P_{50}$  را با  $P_{50}$  مقایسه کنیم یا

همان  $P_{50}$  برابر با  $P_{50}$  و مقدار  $P_{50}$  بر اساس این باشد که هر ذره

حقیقتاً  $P_{50}$  است  $P_{50} = 1$  حاصله دارد و برعکس خود را نسبت به  $P_{50}$

ببیند  $P_{50}$  هم بهترین نتیجه ذرات است هر قدر به  $P_{50}$  نزدیک

تزدیکتر باشیم بهتر است