

بسمه تعالی



دانشگاه اصفهان

دانشکده مهندسی کامپیوتر

نام و نام خانوادگی : فاطمه وهابی

شماره دانشجویی: 4013614052

نام استاد درس: دکتر حسین کارشناس

نام استاد حل تمرین : مهدی دارونی

عنوان گزارش : بررسی عملکرد توابع مختلف الگوریتم ژنتیک

پاییز 1401

سال تحصیلی 02-01

## فهرست

عنوان	3
مقدمه	3
روش انجام آزمایش	3
نتایج به دست آمده	4
بخش دودویی	4
تابع OneMax	29
تابع Peak	56
تابع FlipFlop	69
تابع FourPeaks	91
تابع SixPeaks	115
تابع Trap	137
بخش عددی	163
تابع برازندگی اول	163
تابع برازندگی دوم	183
تابع برازندگی سوم	204
پاسخگویی به پرسش‌های کادرهای سبز رنگ	223
نتیجه گیری آخر	226
پیشنهاد	227

## عنوان

در این تمرین تلاش ما بر این است که روند تکاملی الگوریتم ژنتیک به عنوان یکی از الگوریتم‌های تکاملی را بررسی کنیم. توابع گوناگونی وجود دارد که برازندگی و نحوه تولید نسل‌های مختلف را ایجاب می‌کند. در ادامه با بررسی تمام این توابع روند دستیابی به عضوی با بهترین برازندگی را بررسی خواهیم کرد.

## مقدمه

در طی سالیان دراز محققان بر روی روند تکامل موجودات زنده تحقیق و تفحص بسیار کردند. در نتیجه این تحقیقات دانشمندان بدین نتیجه دست یافتند که موجوداتی که به منابع بیشتری دسترسی دارند می‌توانند زنده بمانند و نسل بعدی را تولید کنند. موجوداتی که به منابع کمتری دسترسی داشتند در بهترین حالت می‌توانستند خودشان زنده بمانند ولی قادر به تولید نسل قوی‌تری برای بقا در طبیعت نبودند. لذا با گذر زمان نسل‌های بعدی، نسل قوی‌تری بودند. دانشمندان علوم کامپیوتر با الگوبرداری از روند زندگی در طبیعت الگوریتم‌هایی را توسعه دادند. الهام‌گیری از طبیعت مسئله‌ای است که همواره ایده تولید الگوریتم‌های نوین است. تاکنون الگوریتم‌های زیادی با این روش تولید شده‌اند که یکی از آن‌هایی الگوریتم ژنتیک می‌باشد.

الگوریتم ژنتیک خانواده‌ای از مدل‌های محاسباتی است که از مفهوم تکامل الهام گرفته شده‌اند. این دسته از الگوریتم‌ها، جواب‌های محتمل یا جواب‌های کاندید و یا فرضیه‌های محتمل برای یک مسأله خاص را در یک ساختار داده‌ای کروموزوم مانند کدبندی می‌کنند. الگوریتم ژنتیک از طریق اعمال عملگرهای بازترکیب روی ساختارهای داده، اطلاعات حیاتی ذخیره شده در این ساختارهای داده‌ای را حفظ می‌کند.

توابع برازندگی، بازترکیب و جهش عواملی هستند که بر تولید نسل‌های بعدی به صورت تصادفی تاثیرگذارند. در این تمرین سعی بر آن است که تاثیر این عوامل بررسی شود.

## روش انجام آزمایش

در این تمرین ما قصد داریم که الگوریتم ژنتیک را با توابع مختلف برازندگی و بازترکیب پیاده‌سازی کنیم. مراحل پیاده‌سازی این الگوریتم به این صورت است که در ابتدا ما اقدام به تولید یک نسل ابتدایی به صورت تصادفی می‌کنیم. فرموله کردن جمعیت ابتدایی متشکل از جواب‌های مسأله اقدامی است که نسل اول را برای ما ایجاد می‌کند. اما سایر نسل‌ها به روش دیگری تولید می‌شوند. در واقع سایر نسل‌ها از روی نسل‌های قبلی به دست می‌آیند. با استفاده از توابع برازندگی مختلف مقدار برازندگی هر عضوی از این جمعیت را یافته و به آن کروموزوم اختصاص می‌دهیم. سپس در یک حلقه با تکرار 300 نسل، بررسی می‌کنیم که چنانچه به جوابی با حداکثر برازندگی دست یافتیم، از حلقه خارج شویم. چنانچه به حداکثر برازندگی دست نیافتیم، تا انتهای نسل 300 ادامه می‌دهیم. در انتها پس از گذراندن سیصدمین نسل کروموزومی که بالاترین برازندگی را دارد، به عنوان بهترین

کروموزوم معرفی می‌کنیم. این اقدام را 10 مرتبه انجام می‌دهیم و میانگین و انحراف معیار نتایج 10 بار اجرا را نمایش می‌دهیم.

در ابتدای حلقه اصلی، ما برازندگی تمام کروموزوم‌های جمعیت را بررسی می‌کنیم و اگر حداکثر برازندگی را یافتیم از حلقه خارج می‌شویم. سپس تابع تولید مثل را فراخوانده تا جمعیت والدین داوطلب برای تولید نسل بعدی را ایجاد کنیم. به تعداد جمعیت اولیه فرزند تولید می‌شود. پس از آن تابع بازترکیب را فرا می‌خوانیم. این تابع به صورت تصادفی و با احتمال از پیش تعیین شده، نحوه بازترکیب را مشخص می‌سازد و با ترکیب والدین، از هر دو والد دو فرزند تولید می‌کند. پس از بازترکیب، می‌بایست عمگر جهش را بر روی هر فرزند اعمال کنیم. عملگر جهش برخی ژن‌ها را به صورت تصادفی و با احتمال از پیش تعیین شده تغییر می‌دهد. سپس این جمعیت فرزندان را به جمعیت والدین اضافه کرده و مجدداً مقدار برازندگی آنان را با استفاده از تابع برازندگی حساب می‌کنیم. جمعیت کروموزوم‌هایی که در هر نسل داریم ثابت می‌باشد. لذا به تعداد اندازه جمعیت، عناصری با بهترین مقدار برازندگی را در این لیست باقی می‌گذاریم و بقیه عناصر را از لیست حذف می‌کنیم.

در پایان این سیصد نسل اگر به حداکثر برازندگی دست نیافتیم، می‌توانیم بهترین برازندگی را پیدا کرده و آن را به عنوان کروموزوم برتر معرفی کنیم.

تعداد فراخوانی تابع برازندگی و بهترین برازندگی را محاسبه می‌کنیم. این الگوریتم را 10 بار اجرا می‌کنیم. در انتها میانگین و انحراف معیار تعداد فراخوانی تابع برازندگی و بهترین برازندگی این 10 اجرا را محاسبه می‌کنیم و روی نمودار نمایش می‌دهیم.

#### نتایج به دست آمده

این تمرین به دو بخش دودویی و عددی تقسیم می‌شود. برخی توابع مربوط به این دو بخش متفاوت می‌باشند. در ادامه مقایسه‌های موجود در جداول 1 و 2 رو انجام داده و نتیجه را بر روی نمودار نمایش می‌دهیم.

#### بخش دودویی

در این بخش محدوده ژن‌های ما اعداد 0 و 1 می‌باشد. 6 تابع برازندگی داریم. مقدار بهترین برازندگی برای این توابع را در بخش پاسخگویی به سوالات کادرهای سبز خواهید دید.

#### تابع OneMax

در این تابع ما مقدار ژن‌های هر کروموزوم را جمع می‌کنیم. کروموزومی که تمام ژن‌های آن 1 باشد، بیشترین برازندگی را دارا است. بنابراین بالاترین برازندگی با سباز هر کروموزوم که به عنوان ورودی در اجرای کد می‌دهیم برابری می‌کند.

در ادامه تاثیر این تابع را بر روی سطرهای جدول 1 مشاهده می کنید.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می باشد.

Problem Size = 10

Best Fitness List = [2, 5, 3, 7, 5, 7, 5, 5, 4, 4]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 4.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.5670212364724212

Problem Size = 30

Best Fitness List = [15, 15, 16, 14, 16, 15, 18, 15, 18, 11]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 15.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.0027758514399734

Problem Size = 50

Best Fitness List = [24, 24, 22, 22, 29, 30, 22, 23, 32, 25]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 25.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.683295625749672

Problem Size = 100

Best Fitness List = [50, 61, 52, 49, 57, 51, 51, 51, 61, 52]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

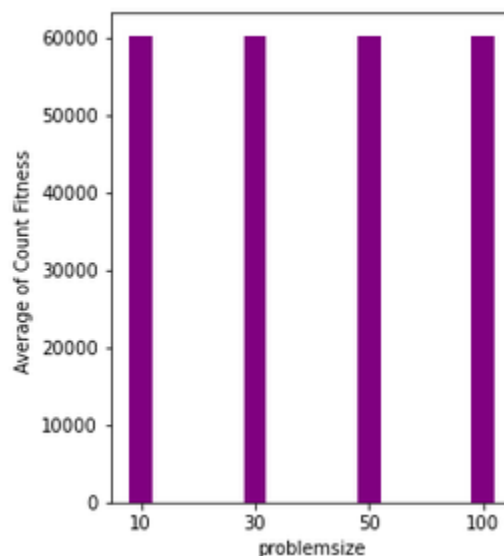
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 53.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

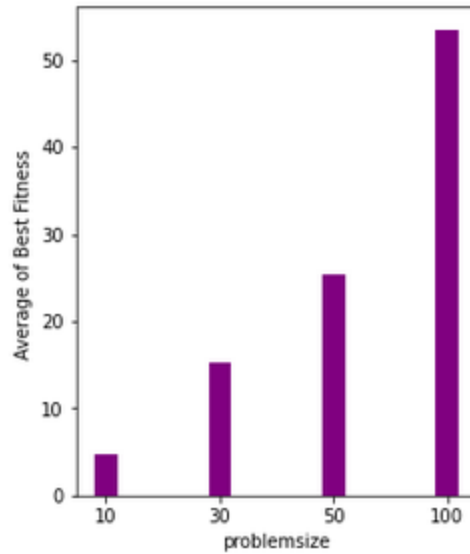
best\_fitness\_stdv: 4.478342947514801

نمودار میانگین تعداد فراخوانی تابع برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



همانطور که مشاهده می‌کنید، در این نمودار میانگین فراخوانی تابع برازندگی به یک میزان می‌باشد. علت این امر آن است که فراخوانی تابع برازندگی با افزایش **problemSize** تغییری نمی‌کند. در واقع ارتباطی میان این دو متغیر وجود ندارد و این میانگین نسبت به طول کروموزوم حساس نمی‌باشد. با توجه به اینکه متغیر **popSize** یکسان است، مقدار این میانگین‌ها یکسان می‌باشد که این امر بدیهی است. اگر در لیست 10 بار اجرای الگوریتم را مشاهده کنید، متوجه می‌شوید که با توجه به مقدار **popSize** این عدد در تمامی مراحل یکسان می‌باشد. لذا نتیجه می‌گیریم که میانگین تعداد فراخوانی تابع برازندگی ارتباطی با **problemSize** ندارد. بلکه این عدد با مقدار **popSize** ارتباط مستقیم دارد و میانگین فراخوانی با توجه به افزایش اعضای لیست، افزایش می‌یابد.

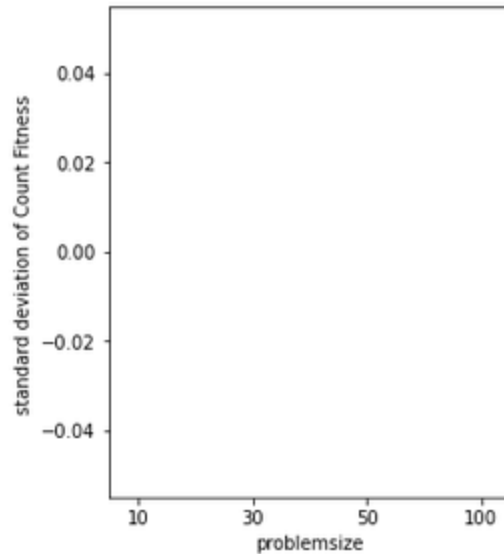
نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 1-سطر اول OneMax

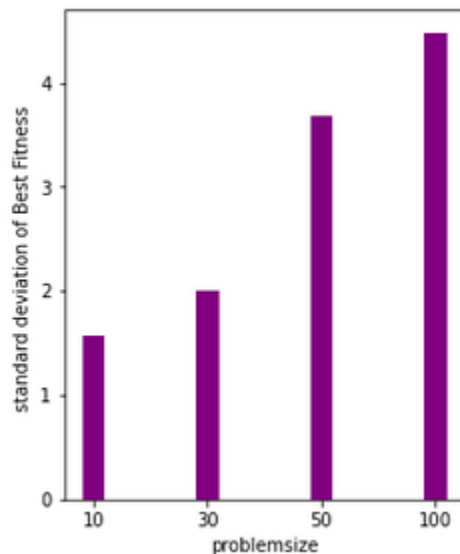
در این نمودار مشاهده می‌شود که مقدار عددی میانگین بهترین برازندگی با افزایش سایز کروموزوم، افزایش می‌یابد. علت امر این است که مقدار بهترین برازندگی در این تابع برازندگی برابر با `problemSize` است. زیرا تعداد 1های مشاهده شده با یکدیگر جمع می‌شوند که در صورت داشتن کروموزومی که تمام ژن‌های آن 1 می‌باشد، به بالاترین مقدار برازندگی یعنی عدد `problemSize` دست می‌یابیم. لذا بدیهی است که به طور میانگین با افزایش سایز کروموزوم، مقدار عددی بهترین برازندگی نیز افزایش می‌یابد. حتی اگر میانگین با بهترین برازندگی برابر نباشد، نسبت به افزایش سایز کروموزوم حساس است. به عبارتی الگوریتم تلاش می‌کند به بهترین برازندگی (`problemSize`) نزدیک شود و بنابراین با افزایش سایز کروموزوم میانگین بهترین برازندگی نیز افزایش یافته است.

نمودار انحراف معیار تعداد فراخوانی تابع برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



پیش تر عنوان کردیم که سایز کروموزوم در تعداد فراخوانی تابع برازندگی تاثیری ندارد. اگر به لیست تعداد فراخوانی تابع برازندگی دقت کنید، مشاهده می کنید که این اعداد یکسان هستند. با یکسان بودن این اعداد انحراف معیار آنان 0 خواهد بود، که این مسئله امری بدیهی است. چراکه انحراف معیار مقدار پراکندگی نسبت به میانگین را نشان می دهد که در حالتی که اعداد لیست یکسان می باشند، میانگین نیز با اعداد برابر است. لذا انحراف معیار 0 می شود که این مسئله در نمودار بالا قابل مشاهده است.

نمودار انحراف معیار بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



در نمودار بالا مشاهده می شود که با افزایش سایز کروموزوم انحراف معیار بهترین برازندگی نیز افزایش می یابد. می دانیم که انحراف معیار ارتباط مستقیمی با میانگین دارد. پیش تر علت وابستگی میانگین به سایز کروموزوم را بررسی کردیم. بدیهی است که به طور میانگین با افزایش سایز کروموزوم، مقدار عددی بهترین برازندگی نیز



افزایش می‌یابد. حال می‌دانیم که با افزایش سایز کروموزوم، میانگین نیز افزایش می‌یابد. اگر به لیست بهترین برازندگی طی 10 بار اجرا نگاه کنید، مشاهده می‌کنید که بهترین برازندگی‌ها نیز با افزایش سایز کروموزوم‌ها افزایش یافته است. لذا انحراف معیار این اعداد با افزایش سایز کروموزوم، افزایش می‌یابد.

### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Problem Size = 10

Best Fitness List = [2, 4, 5, 5, 4, 10, 10, 10, 10, 10]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 15100.0

best\_fitness\_avg: 7.0

Fitness\_count\_stdv: 15811.388300841896

best\_fitness\_stdv: 3.265986323710904

Problem Size = 30

Best Fitness List = [16, 14, 10, 19, 11, 15, 16, 9, 19, 14]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 14.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.4657049948186747

Problem Size = 50

Best Fitness List = [28, 32, 28, 27, 31, 27, 30, 27, 23, 26]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 27.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.6012817353502227

Problem Size = 100

Best Fitness List = [48, 53, 42, 53, 47, 47, 47, 51, 45, 57]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

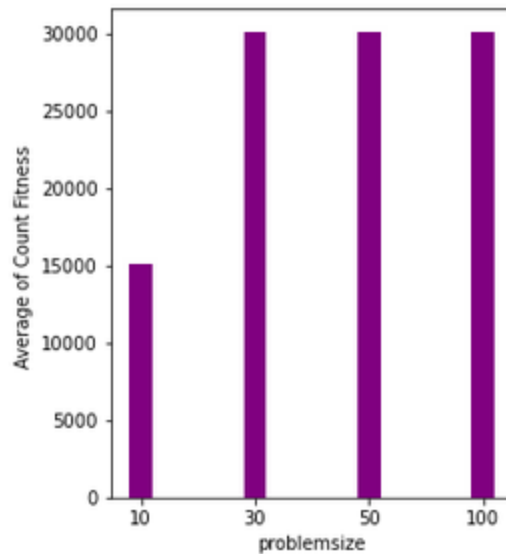
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 49.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

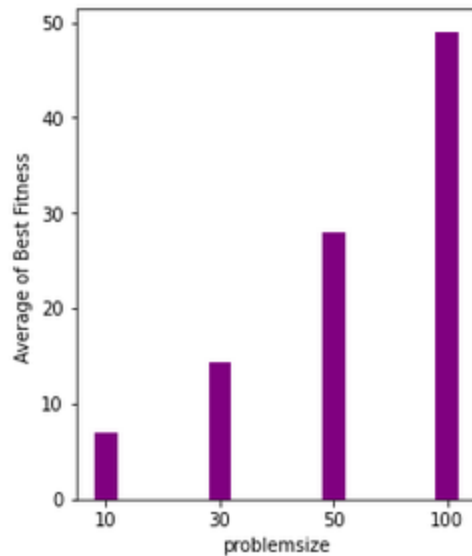
best\_fitness\_stdv: 4.447221354708778

نمودار میانگین تعداد فراخوانی تابع برازندگی بر اساس سائز کروموزوم



در نمودار بالا میانگین فراخوانی تابع برازندگی زمانیکه سایز کروموزوم کوچک است، کمتر است. با توجه به لیست‌هایی که پیش تر معرفی کردیم، زمانیکه سایز کروموزوم کوچک است، تابع سریع‌تر به بهترین کروموزوم رسیده است و از حلقه خارج شده است. لذا وقتی سایز کروموزوم کمتر است، دامنه کروموزوم‌هایی که در این جمعیت حاضر می‌شوند کمتر است و احتمال حضور بهترین کروموزوم افزایش می‌یابد. لذا احتمال رسیدن به بهترین کروموزوم در نسل‌های اولیه نیز افزایش می‌یابد و بنابراین میانگین نیز کمتر خواهد بود. البته اگر به اجراها دقت کنید می‌بینید که این قانون همواره ثابت نبوده و در برخی اجراها بهترین کروموزوم در نسل‌های اولیه یافته نشده و بنابراین میانگین با سایز کروموزوم 10، به عدد 15100 رسیده است. لذا این بستگی به شانس تابع در دستیابی به بهترین کروموزوم طی نسل‌های اول دارد. اما در سایر موارد مشاهده می‌شود که این مقدار در نسل‌های بالا محقق شده است. لذا فراخوانی تابع برازندگی نیز بیشتر بوده است. می‌توان چنین برداشت کرد که تابع شانس رسیدن به کروموزوم تمام 1 را به دست نیاورده است و این اجرا تا نسل 300 پیش رفته است. جهت اثبات این موضوع می‌توان به لیست بهترین برازندگی‌ها رجوع کرد. در این صورت خواهید دید که هیچ یک از اجراها برازندگی به اندازه `problemSize` نداشته است. نتیجه می‌گیریم کوچک بودن سایز کروموزوم، فضای کروموزوم‌های قابل ساخت با اعداد 0 و 1 را گسترش می‌دهد و حتی طی نسل‌های زیاد نمی‌توان به این راحتی به کروموزوم تمام 1 که بهترین برازندگی را دارا است، رسید.

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 2 سطر دوم وان مکس

در این بخش نیز مانند سطر اول مشاهده می‌کنید که تغییر تابع بازترکیب تاثیری نداشته است. مقدار عددی میانگین بهترین برازندگی با افزایش سایز کروموزوم، افزایش می‌یابد. علت امر این است که مقدار بهترین برازندگی در این تابع برازندگی برابر با `problemSize` است. زیرا تعداد 1های مشاهده شده با یکدیگر جمع می‌شوند که در صورت داشتن کروموزومی که تمام ژن‌های آن 1 می‌باشد، به بالاترین مقدار برازندگی یعنی عدد `problemSize` دست می‌یابیم. لذا بدیهی است که به طور میانگین با افزایش سایز کروموزوم، مقدار عددی بهترین برازندگی نیز افزایش می‌یابد. حتی اگر میانگین با بهترین برازندگی برابر نباشد، نسبت به افزایش سایز کروموزوم حساس است. به عبارتی الگوریتم تلاش می‌کند به بهترین برازندگی (`problemSize`) نزدیک شود و بنابراین با افزایش سایز کروموزوم میانگین بهترین برازندگی نیز افزایش یافته است.

#### سطر سوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه مسئله 50 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [27, 19, 21, 19, 28, 27, 33, 24, 24, 26]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

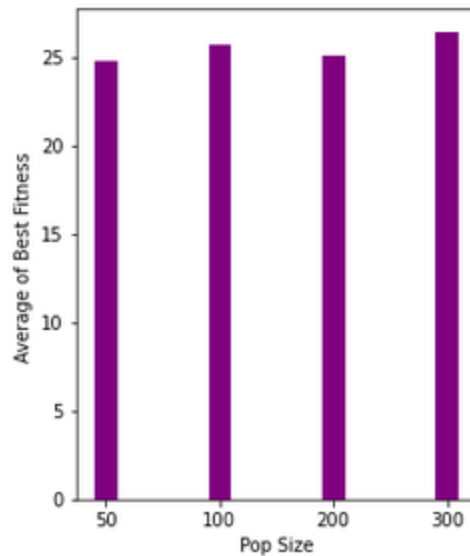
Fitness\_count\_avg: 15050.0  
best\_fitness\_avg: 24.8  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 4.366539438350084

Pop Size = 100  
Best Fitness List = [22, 21, 29, 28, 29, 24, 26, 29, 20, 29]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 25.7  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 3.653004851412662

Pop Size = 200  
Best Fitness List = [25, 18, 21, 27, 21, 30, 24, 28, 28, 29]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 25.1  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 4.012480529547776

Pop Size = 300  
Best Fitness List = [28, 35, 22, 31, 27, 25, 24, 27, 24, 21]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 26.4  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 4.221637386396684

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت کروموزوم‌ها



نمودار 3 سطر سوم وان مکس

همانطور که در نمودار بالا مشاهده می‌کنید، میانگین بهترین برازندگی در حالتی که اندازه جمعیت افزایش می‌یابد نزدیک به یکدیگر است. اما این مقادیر دقیقاً برابر نیست. لذا یافتن بهترین برازندگی به اندازه جمعیت ارتباطی ندارد. البته به نظر نویسنده بالا رفتن جمعیت تا حدی می‌تواند این امکان را فراهم کند که کروموزوم‌های بیشتری در جمعیت باشند و لذا احتمال حضور کروموزوم‌ها بیشتر باشد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه مسئله 30 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [12, 17, 15, 15, 15, 16, 15, 15, 15, 14]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 14.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.286683937707919

Pop Size = 100

Best Fitness List = [12, 14, 15, 12, 17, 17, 18, 13, 15, 11]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 14.4

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.4129281427805145

Pop Size = 200

Best Fitness List = [11, 11, 17, 14, 14, 14, 14, 11, 16, 20]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 14.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.898275349237888

Pop Size = 300

Best Fitness List = [18, 16, 19, 11, 14, 15, 13, 15, 13, 14]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

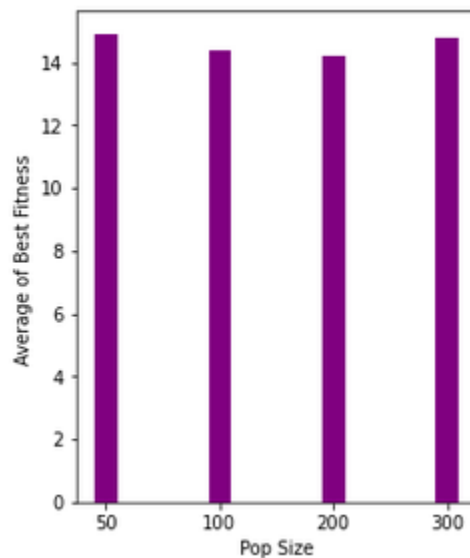
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 14.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.3944379994757297

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت کروموزومها



نمودار 4 - سطر چهارم OneMax

نمودار بالا نشان می‌دهد که میانگین بهترین برازندگی با افزایش اندازه جمعیت تغییر زیادی ندارد. استفاده از روش انتخاب رقابت دودویی توانسته است میانگین بهترین برازندگی را بالاتر ببرد. همانطور که ملاحظه می‌کنید استفاده از روش انتخاب متناسب با برازندگی نسبت به روش رقابت دودویی، میانگین را از 25 به 14 رسانده است. لذا استفاده از روش رقابت دودویی بهتر می‌باشد و نسل قوی تری را برای ما تولید می‌کند.

سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال  $P_c$  را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

$P_c = 0.5$



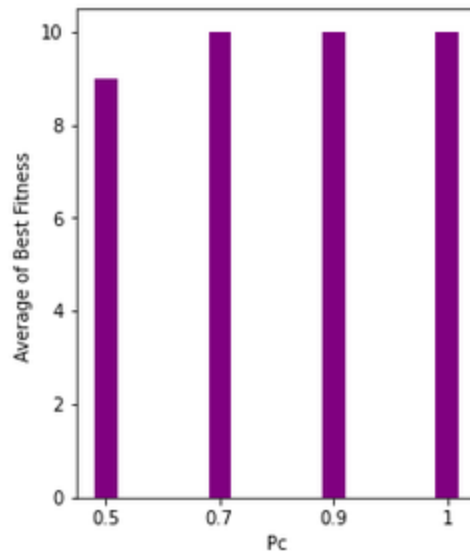
Best Fitness List = [4, 6, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10]  
Count Fitness List = [15050, 15050, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 3050.0  
best\_fitness\_avg: 9.0  
Fitness\_count\_stdv: 6324.555320336759  
best\_fitness\_stdv: 2.160246899469287

Pc = 0.7  
Best Fitness List = [10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10]  
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 50.0  
best\_fitness\_avg: 10.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9  
Best Fitness List = [10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10]  
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 50.0  
best\_fitness\_avg: 10.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1  
Best Fitness List = [10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10]  
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 50.0  
best\_fitness\_avg: 10.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب



نمودار 5 سطر 5 وان مکس

$P_c$  احتمال باز ترکیب می باشد. به عبارتی با احتمال های بالا عملیات باز ترکیب انجام می شود. در روش تقطیع تک نقطه ای با احتمال  $P_c$  می توان والدین را ترکیب کرد و با احتمال  $(1-P_c)$  خود والدین به عنوان فرزندان نسل بعد انتخاب می شوند. به لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی دقت کنید. همانطور که دیده می شود، در اولین نسل بهترین برازندگی به دست آمده است. با توجه به مقادیری که برای سایز مسئله در نظر گرفتیم، دامنه طول کروموزوم کوچک بوده است و در نسل های ابتدایی به بهترین کروموزوم دست یافته ایم. علیرغم اینکه احتمال  $P_c=0.5$  میانگینی مشابه میانگین  $P_c$  های بزرگتر داشته است، مقدار آن نزدیک به سایرین می باشد. لذا ارتباط کمی بین بهترین میانگین و احتمال  $P_c$  وجود دارد. با این حال می توان گفت هرچه این احتمال بالاتر باشد، امکان رسیدن به بهترین کروموزوم در نسل های اول بیشتر می شود.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال باز ترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می باشد.

$P_c = 0.5$

Best Fitness List = [30, 20, 27, 28, 19, 20, 27, 25, 22, 25]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

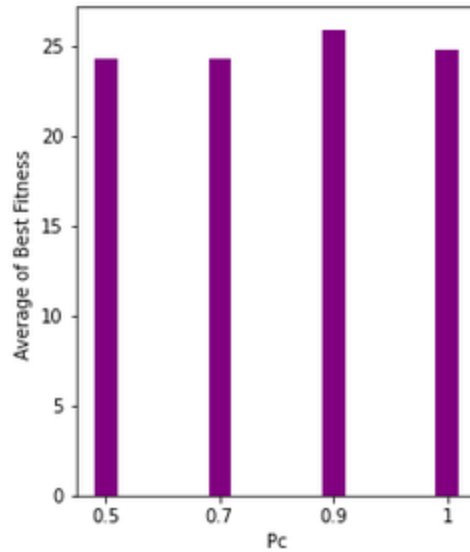
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 24.3  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 3.8311588035185618

Pc = 0.7  
Best Fitness List = [29, 27, 25, 22, 24, 22, 23, 24, 24, 23]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 24.3  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 2.2135943621178655

Pc = 0.9  
Best Fitness List = [25, 26, 36, 25, 32, 27, 20, 22, 21, 25]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 25.9  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 4.909175083453431

Pc = 1  
Best Fitness List = [29, 25, 19, 31, 19, 16, 31, 30, 23, 25]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 24.8  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 5.473166867139678

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب



نمودار 6- سطر ششم OneMax

همانطور که می‌بینید، بهترین برازندگی با داشتن کروموزومی با ساختار تمام 1، 50 می‌باشد. اما در هیچ یک از مقادیر Pc و در هیچ یک از 10 اجرا به برازندگی با مقدار 50 نرسیده‌ایم. نزدیک بودن میانگین‌ها در نمودار، نشان می‌دهد که افزایش احتمال بازترکیب تاثیری در میانگین بهترین برازندگی ندارد.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [49, 53, 48, 50, 45, 48, 57, 43, 50, 42]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 48.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.503085362035432

Pm = 0.1

Best Fitness List = [51, 52, 41, 45, 45, 49, 59, 55, 51, 57]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 50.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 5.681353516353104

Pm = 0.3

Best Fitness List = [50, 55, 57, 48, 56, 49, 45, 47, 52, 53]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 51.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.049691346263317

Pm = 0.5

Best Fitness List = [52, 49, 43, 55, 51, 48, 45, 62, 41, 49]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

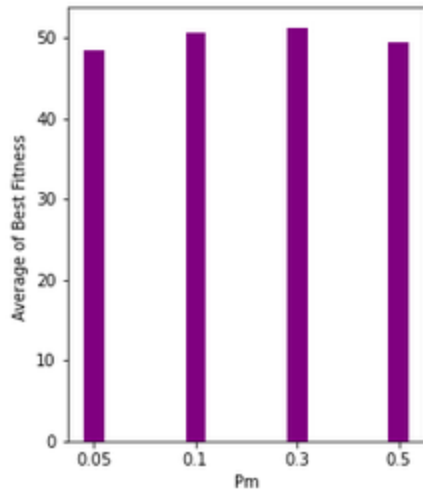
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 49.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 6.078194176270157

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال جهش



نمودار 7- سطر هفتم OneMax

در نمودار بالا مشاهده می کنید که احتمال جهش تاثیر چندان زیادی نگذاشته است. همانطور که دیده می شود ، میانگین های بهترین اجرا نزدیک به هم است. اما در این 10 اجرا به بالاترین برازندگی که عدد سائز مسئله است نرسیده ایم.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 30 می باشد.

Pm = 0.05

Best Fitness List = [15, 11, 18, 17, 18, 15, 16, 11, 14, 15]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 15.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.494438257849294

Pm = 0.1

Best Fitness List = [15, 16, 18, 14, 13, 13, 12, 12, 16, 11]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 14.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.211083193570267

Pm = 0.3

Best Fitness List = [15, 16, 9, 16, 18, 18, 18, 14, 12, 14]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 15.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.9059326290271157

Pm = 0.5

Best Fitness List = [11, 18, 14, 18, 13, 18, 17, 18, 14, 16]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

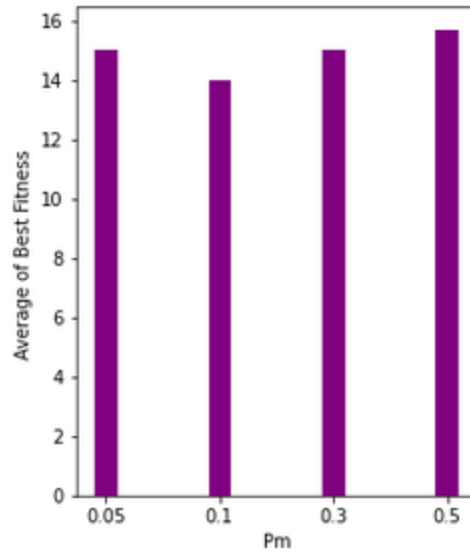
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 15.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.5407785333546005

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 8 - سطر هشتم OneMax

همانطور که در نمودار بالا می‌بینید، احتمال جهش تاثیری در میانگین بهترین برازندگی ندارد. همانطور که دیده می‌شود، میانگین‌های بهترین اجرا نزدیک به هم است. اما در این 10 اجرا به بالاترین برازندگی که عدد سائز مسئله است نرسیده‌ایم.

#### سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [5, 3, 5, 8, 3, 3, 7, 10, 10, 10]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 10550.0

best\_fitness\_avg: 6.4

Fitness\_count\_stdv: 7245.688373094719

best\_fitness\_stdv: 2.988868236194653

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]



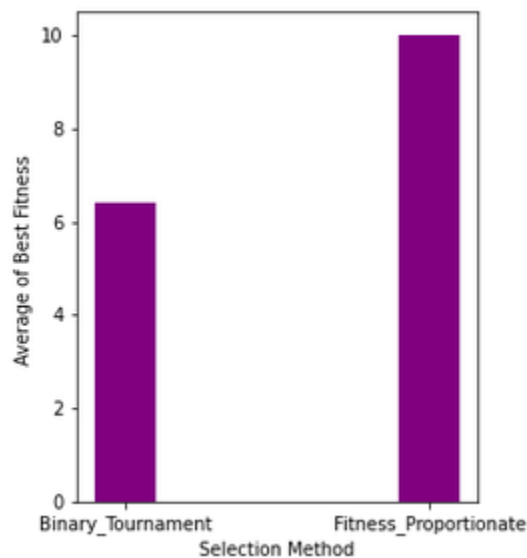
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 10.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 9 - سطر نهم OneMax

همانطور که در نمودار بالا می‌بینید استفاده از تابع متناسب با برازندگی میانگین برازندگی بالاتری را داشته است. این در حالی است که روش انتخاب دودویی میانگین بهترین برازندگی کمتری داشته است. این نشان می‌دهد استفاده از این تابع ما را به برازندگی بهتری می‌رساند. استفاده از روش متناسب با برازندگی ما را به بالاترین میانگین (populationSize) می‌رساند.

سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [29, 22, 28, 23, 21, 27, 19, 28, 25, 29]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 25.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.634709219609061

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [27, 35, 20, 22, 23, 26, 24, 23, 30, 27]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

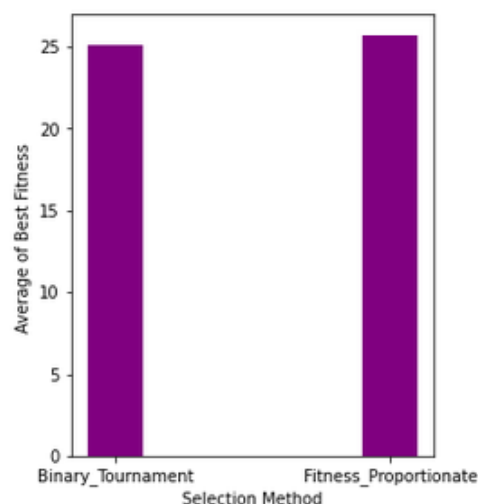
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 25.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.372896319628699

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 10 - سطر دهم OneMax

نمودار بالا نشان می‌دهد که همچنان تابع متناسب با برازندگی، میانگین بهتری برای برازندگی در طی 10 بار اجرا را داشته است. اما در این سطر می‌بینیم که با افزایش سایز مسئله به بالاترین برازندگی دست نیافته ایم. با این حال میانگین برازندگی در روش رقابت دودویی به میانگین برازندگی در روش متناسب با برازندگی نزدیک‌تر شود. به طور کل می‌توان گفت تابع متناسب با برازندگی بهتر می‌باشد. البته که تاثیر سایز مسئله بسیار تاثیرگذار است. بزرگی سایز مسئله احتمال حضور 0 در ژن‌ها و در نتیجه نرسیدن به بالاترین برازندگی را افزایش می‌دهد. البته اندازه جمعیت افزایش یافته که در رقابت دودویی منجر به حضور کروموزوم‌های بیشتر می‌شود. این موضوع باعث می‌شود در این میان احتمال حضور کروموزوم‌های بهتر نیز بیشتر شود.

### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 100 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [54, 53, 51, 53, 48, 53, 52, 52, 56, 55]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 52.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.2135943621178655

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [49, 45, 47, 61, 58, 53, 56, 48, 45, 43]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

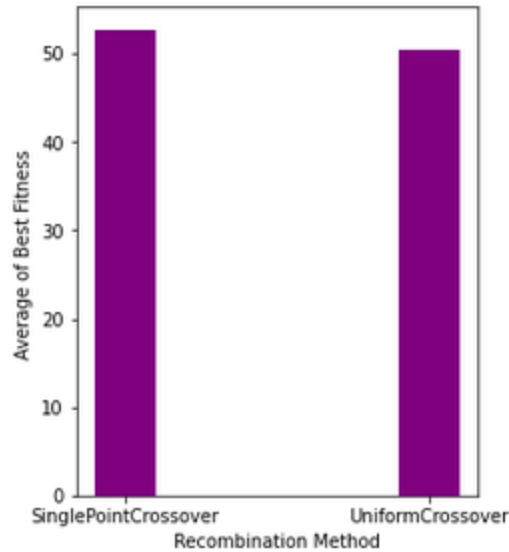
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 50.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 6.150880695748645

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 11 - سطر یازدهم OeMax

در این نمودار می‌بینیم که استفاده از روش تقطیع تک نقطه‌ای نسبت به روش تقطیع یکنواخت بهتر می‌باشد. با هیچ یک از این دو روش به بالاترین مقدار برازندگی (populationSize) نرسیده‌ایم. همچنین میانگین بهترین برازندگی در هر دو تابع نزدیک به یکدیگر می‌باشد. اما با کمی اختلاف روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد.

#### سطر دوازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 0.9، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [18, 16, 13, 23, 11, 19, 18, 15, 20, 18]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 17.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.478505426185217

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [16, 21, 14, 17, 10, 11, 15, 10, 17, 11]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

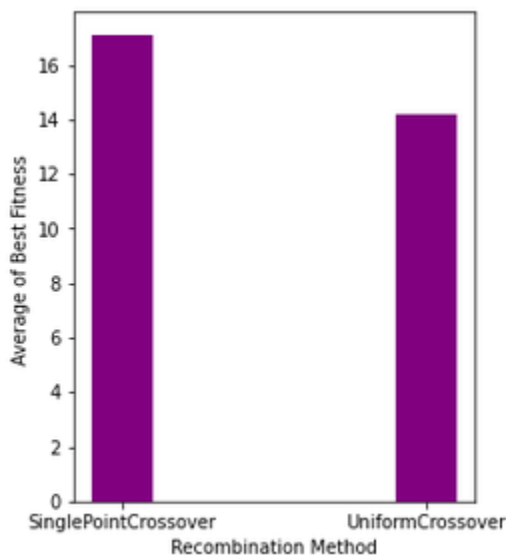
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 14.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.675746333890726

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 12 - سطر دوازدهم OneMax

در این نمودار می‌بینیم که استفاده از روش تقطیع تک نقطه‌ای نسبت به روش تقطیع یکنواخت بهتر می‌باشد. با هیچ یک از این دو روش به بالاترین مقدار برازندگی (populationSize) نرسیده‌ایم. همچنین میانگین بهترین برازندگی در هر دو تابع نزدیک به یکدیگر می‌باشد. اما با کمی اختلاف روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد. در سطر پیشین نیز همین نتیجه را مشاهده کردیم. لذا می‌توان نتیجه گرفت روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر از روش تقطیع یکنواخت می‌باشد.

### تابع Peak

در این تابع مقدار برازندگی برابر با حاصل ضرب ژن‌های یک کروموزوم است. از آنجایی که مقدار ژن‌های ما 0 و 1 می‌باشد، بالاترین فیتنس برابر 1 می‌باشد که متعلق به کروموزومی است که ساختار تمام 1 دارد. بقیه کروموزوم‌ها مقدار برازندگی 0 را خواهند داشت. زیرا حداقل یک 0 در ژن‌های آنها دیده می‌شود.

در ادامه جدول 1 را با استفاده از این تابع برازندگی اجرا می‌کنیم.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

### خروجی اول

Population Size = 10  
Best Fitness List = [0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]  
Fitness\_count\_avg: 12200.0  
best\_fitness\_avg: 0.8  
Fitness\_count\_stdv: 25298.221281347036  
best\_fitness\_stdv: 0.4216370213557839

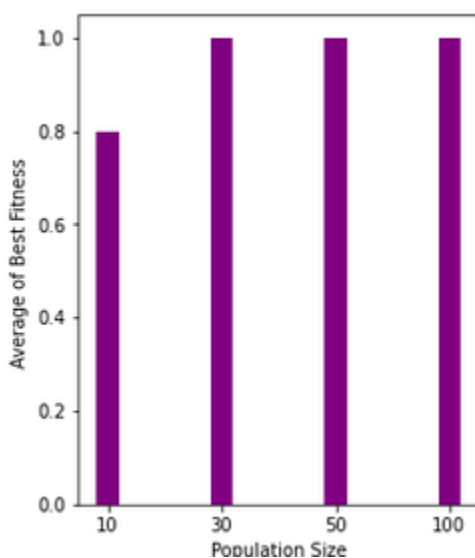
Population Size = 30  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]  
Fitness\_count\_avg: 200.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 50  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]  
Fitness\_count\_avg: 200.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 100

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
 Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]  
 Fitness\_count\_avg: 200.0  
 best\_fitness\_avg: 1.0  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 13 - سطر اول 1 Peak

نمودار بالا نشان می‌دهد سایز مسئله بر روی بهترین کروموزوم تأثیری ندارد. در واقع بدون توجه به اندازه مسئله ما می‌توانیم بهترین برازندگی را به دست آوریم. البته با سایز مسئله کوچک برخی اجراها نتوانسته است بالاترین برازندگی را به دست آورد که میانگین را کاهش داده است.

لازم به ذکر است که این نتیجه اعتبار درستی ندارد. به لحاظ منطقی با افزایش سایز مسئله باید احتمال داشتن 0 در میان ژن‌ها بالا رود که این نمودار چنین نتیجه‌ای را نشان نمی‌دهد.

برچسب محور X منظور سایز مسئله یا همان ProblemSize است. به اشتباه با سایز جمعیت کروموزوم‌ها اشتباه گرفته نشود. خطای دقت در زمان رسم نمودار وجود داشته است. به علت تعدد نمودارها و کمبود وقت تغییر داده نشده است.

خروجی دوم)

Population Size = 10  
 Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
 Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
 Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

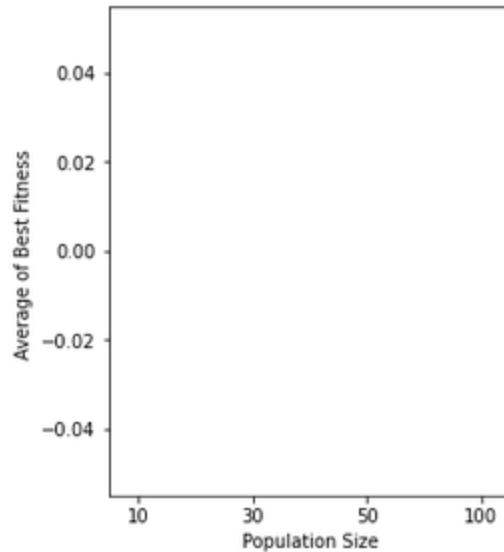
Population Size = 30  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 50  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 100  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سائز کروموزوم





نمودار 14 - سطر اول 1 Peak

نمودار خروجی دوم نشان می‌دهد که شانس داشتن کروموزومی با ساختار تمام 1 بسیار کم است. هر اجرا به نحوی متفاوت بوده است. این اجرا به واقعیت نزدیک‌تر است. زمانیکه سایز مسئله زیاد می‌شود، احتمال اینکه 0 در میان ژن‌ها یافت شود بسیار بالاست. بنابراین می‌توان گفت این تابع شانس کمی برای داشتن پاسخ مسئله دارد. برچسب محور X منظور سایز مسئله یا همان ProblemSize است. به اشتباه با سایز جمعیت کروموزوم‌ها اشتباه گرفته نشود. خطای دقت در زمان رسم نمودار وجود داشته است. به علت کمبود وقت تغییر داده نشده است.

#### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

خروجی اول

Population Size = 10

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 100.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

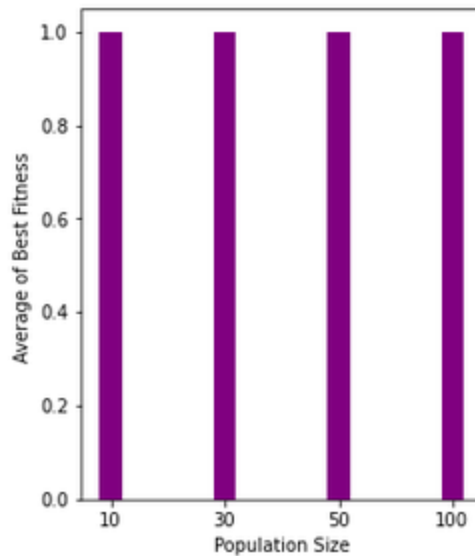
Population Size = 30  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]  
Fitness\_count\_avg: 100.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 50  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]  
Fitness\_count\_avg: 100.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 100  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]  
Fitness\_count\_avg: 100.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سائز کروموزوم



نمودار 15 - سطر دوم Peak

نمودار بالا نشان می‌دهد که با تغییر سایر پارامترها نسبت به سطر اول، تاثیری در میانگین برازندگی دیده نمی‌شود. بهترین برازندگی در هر بار اجرا برابر 1 می‌باشد. بدون توجه به اندازه مسئله می‌توان به بهترین برازندگی یعنی 1 رسید.

لازم به ذکر است که این نتیجه اعتبار درستی ندارد. به لحاظ منطقی با افزایش سایز مسئله باید احتمال داشتن 0 در میان ژن‌ها بالا رود که این نمودار چنین نتیجه‌ای را نشان نمی‌دهد. برچسب محور X منظور سایز مسئله یا همان ProblemSize است. به اشتباه با سایز جمعیت کروموزوم‌ها اشتباه گرفته نشود. خطای دقت در زمان رسم نمودار وجود داشته است. به علت تعدد نمودارها و کمبود وقت تغییر داده نشده است.

خروجی دوم

```
Population Size = 10
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 1, 1, 1]
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 100, 100, 100, 100]
Fitness_count_avg: 18100.0
best_fitness_avg: 0.4
Fitness_count_stdv: 15491.933384829668
best_fitness_stdv: 0.5163977794943222
```

Population Size = 30

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 50

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 100

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

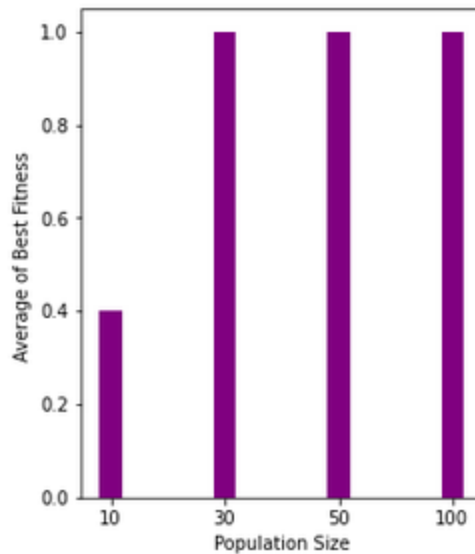
Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 16 - سطر دوم 1 Peak

در خروجی دوم می بینید که همچنان خروجی جواب بهینه را چاپ می کند. این نیز منطقی نمی باشد. اما این سطر چندین بار اجرا شده است.

لذا همچنان این مسئله مطرح است که نمودار بالا نیز اعتبار صحیحی ندارد. با افزایش سایز کروموزوم احتمال حضور ژن 0 و در نتیجه برازندگی 0 بسیار بالا است.

برچسب محور X منظور سایز مسئله یا همان ProblemSize است. به اشتباه با سایز جمعیت کروموزومها اشتباه گرفته نشود. خطای دقت در زمان رسم نمودار وجود داشته است. به علت تعدد نمودارها و کمبود وقت تغییر داده نشده است.

### سطر سوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزومها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیستهای بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می کنید. روش باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه مسئله 50 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می باشد.

خروجی اول

PopSize = 50

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 50.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

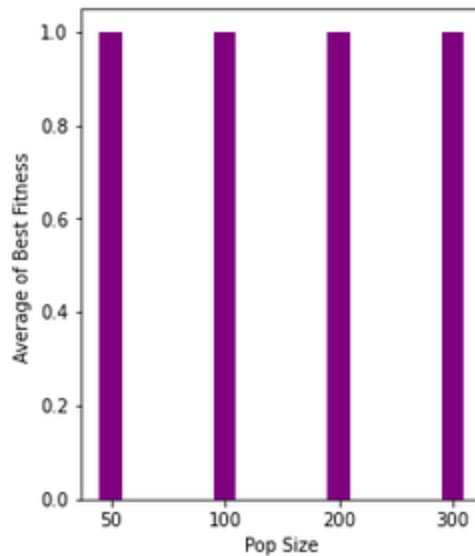
Pop Size = 100  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]  
Fitness\_count\_avg: 100.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 200  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]  
Fitness\_count\_avg: 200.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300  
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]  
Fitness\_count\_avg: 300.0  
best\_fitness\_avg: 1.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 17 - سطر سوم Peak

همانطور که در نمودار بالا می‌بینید، اندازه جمعیت در دست یافتن به بهترین برازندگی تاثیری ندارد. ما با هر جمعیتی می‌توانیم کروموزومی با ساختار تمام 1 داشته باشیم که برازندگی آن 1 می‌باشد. لذا در این تابع میانگین بهترین برازندگی تحت تاثیر اندازه جمعیت نمی‌باشد.

لازم به ذکر است که این نتیجه اعتبار درستی ندارد. یعنی نمی‌توان گفت که همیشه با داشتن جمعیت بزرگ می‌توان اجراهایی با خروجی بهترین برازندگی در اولین اجرا داشت. درست است که با رفتن جمعیت می‌تواند احتمال حضور کروموزوم تمام 1 را داشته باشد ولی این چندان منطقی نیست که در میان ژن‌های یک کروموزوم که عدد 50 است، هیچ صفری به طور تصادفی وجود نداشته باشد.

برچسب محور x منظور اندازه جمعیت یا همان PopulationSize است.

خروجی دوم

PopSize = 50

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 100

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 200

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

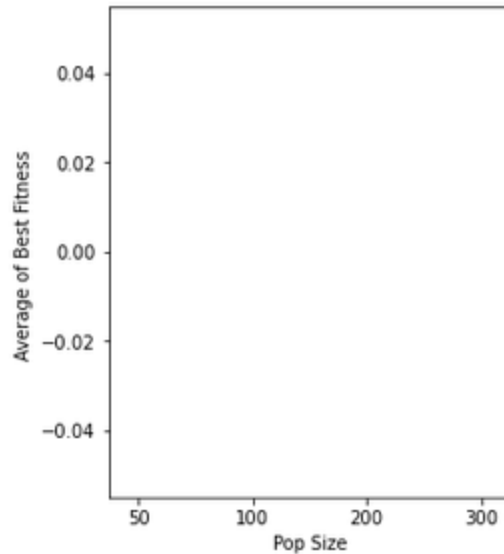
best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت





نمودار 18 - سطر سوم Peak

نتیجه این نمودار با منطق همخوانی بیشتری دارد. می‌توان گفت که در 300 نسل و با این ورودی‌ها حتی زمانی که اندازه مسئله بالا رفته است کروموزومی نبوده است که تمام ژن‌های آن 1 باشد. لذا علیرغم تاثیری که افزایش جمعیت می‌تواند بر شانس بیشتر داشتن کروموزوم تمام 1 داشته باشد، این خروجی معقول می‌باشد. منظور از برچسب محور X همان اندازه جمعیت کروموزوم‌ها می‌باشد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه مسئله 30 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

#### خروجی اول

Pop Size = 50

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 100

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 200

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]

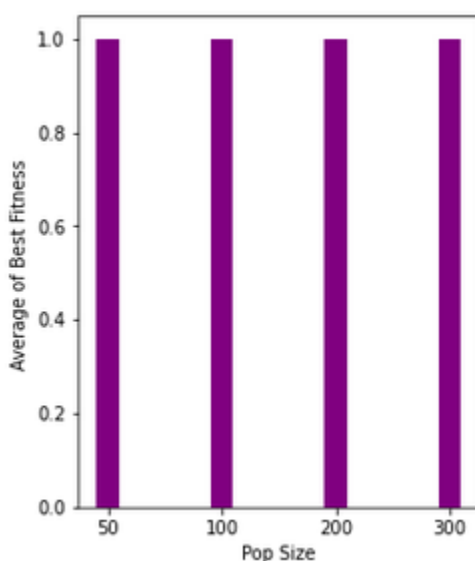
Fitness\_count\_avg: 300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 19 - سطر چهارم Peak

نمودار بالا نشان می‌دهد که اندازه جمعیت در دست یافتن به بهترین برازندگی تاثیری ندارد. ما با هر جمعیتی می‌توانیم کروموزومی با ساختار تمام 1 داشته باشیم که برازندگی آن 1 می‌باشد. لذا در این تابع میانگین بهترین برازندگی تحت تاثیر اندازه جمعیت نمی‌باشد.

لازم به ذکر است که این نتیجه اعتبار درستی ندارد. یعنی نمی‌توان گفت که همیشه با داشتن جمعیت بزرگ می‌توان اجراهایی با خروجی بهترین برازندگی در اولین اجرا داشت. درست است که بالا رفتن جمعیت می‌تواند احتمال حضور کروموزوم تمام 1 را داشته باشد ولی این چندان منطقی نیست که در میان ژن‌های یک کروموزوم که عدد 50 است هیچ صفری به طور تصادفی وجود نداشته باشد.

برچسب محور x منظور اندازه جمعیت یا همان PopulationSize است.

خروجی دوم

Pop Size = 50

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

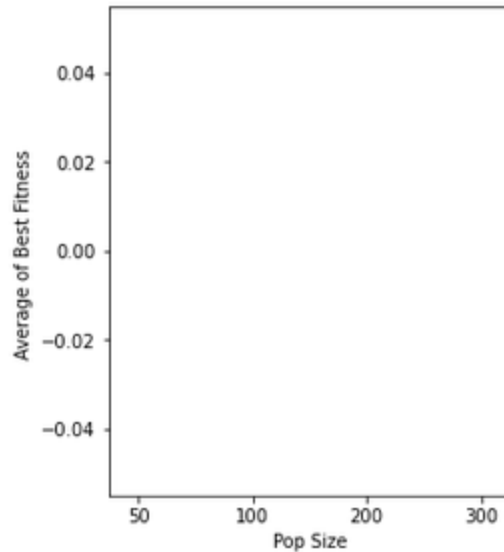
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 100  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 200  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 20 - سطر چهارم Peak

نتیجه این نمودار با منطق همخوانی بیشتری دارد. می‌توان گفت که در 300 نسل و با این ورودی‌ها حتی زمانی که اندازه مسئله بالا رفته است کروموزومی نبوده است که تمام ژن‌های آن 1 باشد. لذا علیرغم تاثیری که افزایش جمعیت می‌تواند بر شانس بیشتر داشتن کروموزوم تمام 1 داشته باشد، این خروجی معقول می‌باشد.

منظور از برچسب محور X همان اندازه جمعیت کروموزوم‌ها می‌باشد.

#### سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال PC را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

#### خروجی اول

$P_c = 0.5$

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.7

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

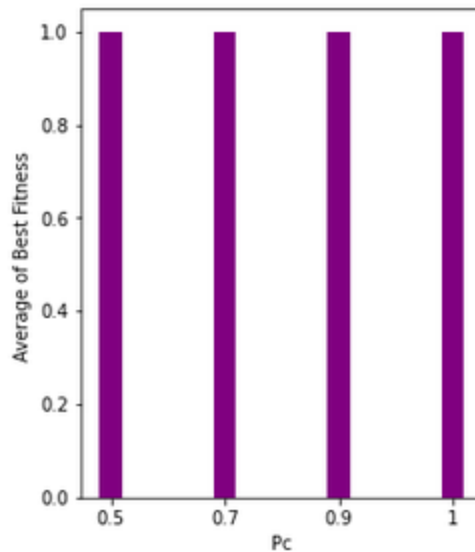
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز احتمال Pc



نمودار 21 - سطر پنجم Peak

افزایش مقدار Pc در میانگین بهترین برازندگی تاثیری ندارد. این احتمال به هر مقداری که باشد می‌تواند برازنده‌ترین کروموزوم را نمایش دهد.

نمودار بالا نشان می‌دهد که Pc در دست یافتن به بهترین برازندگی تاثیری ندارد. ما با هر Pc می‌توانیم کروموزومی با ساختار تمام 1 داشته باشیم که برازندگی آن 1 می‌باشد. لذا در این تابع میانگین بهترین برازندگی تحت تاثیر Pc نمی‌باشد.

لازم به ذکر است که این نتیجه اعتبار درستی ندارد. احتمال باز ترکیب هر قدر بالاتر باشد باعث می‌شود که فرزندان دارای ژن 0 و در نتیجه برازندگی 0 باشند. مگر آنکه دو والد تمام 1 داشته باشیم که به صورت تصادفی برای عملیات باز ترکیب انتخاب شوند که چنین چیزی شانسی پایینی دارد.

خروجی دوم

Pc = 0.5

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.7

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

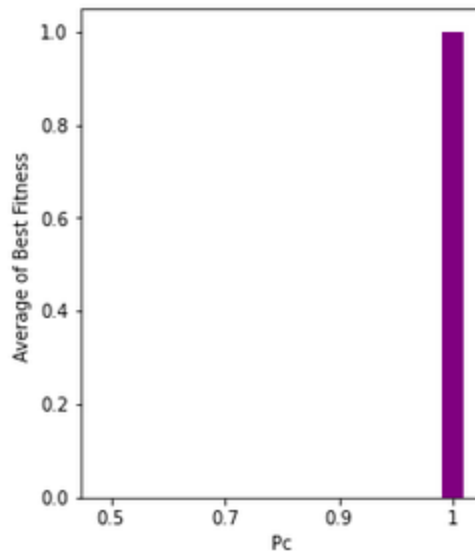
best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز احتمال Pc





نمودار 22 - سطر پنجم Peak

افزایش مقدار Pc در میانگین بهترین برازندگی تاثیری ندارد. این احتمال به هر مقداری که باشد می‌تواند برازنده‌ترین کروموزوم را نمایش دهد.

نمودار بالا نشان می‌دهد که Pc در دست یافتن به بهترین برازندگی تاثیری ندارد. ما با هر Pc می‌توانیم کروموزومی با ساختار تمام 1 داشته باشیم که برازندگی آن 1 می‌باشد. لذا در این تابع میانگین بهترین برازندگی تحت تاثیر Pc نمی‌باشد.

لازم به ذکر است که این نتیجه اعتبار درستی ندارد. احتمال باز ترکیب هر قدر بالاتر باشد باعث می‌شود که فرزندان دارای ژن 0 و در نتیجه برازندگی 0 باشند. مگر آنکه دو والد تمام 1 داشته باشیم که به صورت تصادفی برای عملیات باز ترکیب انتخاب شوند که چنین چیزی شانس پایینی دارد.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال باز ترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

خروجی اول

$Pc = 0.5$

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]

Fitness\_count\_avg: 300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.7

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]

Fitness\_count\_avg: 300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]

Fitness\_count\_avg: 300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]

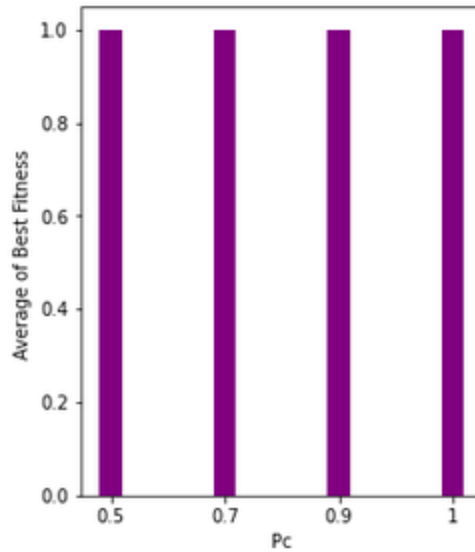
Fitness\_count\_avg: 300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال Pc



نمودار 23 - سطر ششم Peak

در این نمودار مشاهده می‌کنید که Pc در یافتن بهترین پاسخ مسئله تاثیری ندارد. می‌توان با مقادیر مختلف Pc به بهترین برازندگی رسید.

لازم به ذکر است که این نتیجه اعتبار درستی ندارد. احتمال بازترکیب هر قدر بالاتر باشد باعث می‌شود که فرزندان دارای ژن 0 و در نتیجه برازندگی 0 باشند. مگر آنکه دو والد تمام 1 داشته باشیم که به صورت تصادفی برای عملیات بازترکیب انتخاب شوند که چنین چیزی شانس پایینی دارد.

خروجی دوم

Pc = 0.5

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.7

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_c = 0.9$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_c = 1$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

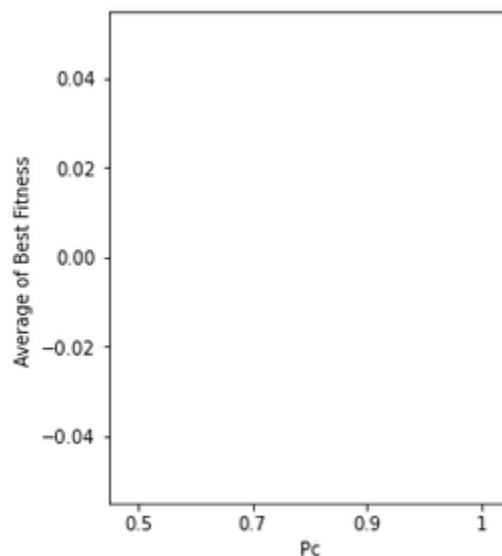
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال  $P_c$



نمودار 24 - سطر ششم Peak

در نمودار بالا می بینید که  $P_c$  تاثیری بر یافتن بهترین برازندگی نداشته است. هرچقدر احتمال بازترکیب بالا می رود دو رشته والد با هم ترکیب می شوند. از آنجایی که احتمال داشتن 0 در ژن ها 50 درصد می باشد، لذا بسیار محتمل است که بهترین برازندگی 0 باشد و رشته ای با برازندگی 1 نیابیم. به طور کل با بالا رفتن  $P_c$  احتمال 0 شدن برازندگی بالا می رود.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می باشد.

#### خروجی اول

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_m = 0.1$

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_m = 0.3$

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_m = 0.5$

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

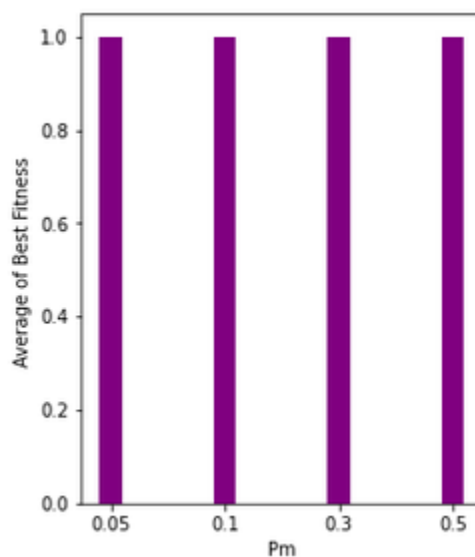
Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس  $P_m$



نمودار 25 - سطر هفتم Peak

در این نمودار مشاهده می‌کنید که  $P_m$  در یافتن بهترین پاسخ مسئله تاثیری ندارد. می‌توان با مقادیر مختلف  $P_m$  به بهترین برازندگی رسید.

این خروجی غلط است. در اصل بالا رفتن احتمال جهش، احتمال 0 شدن 1ها را بالا می‌برد و این موضوع باعث ایجاد 0 در رشته‌های فرزند و در نتیجه 0 شدن برازندگی می‌شود. لذا بالا رفتن احتمال جهش در کاهش برازندگی موثر است.

خروجی دوم

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

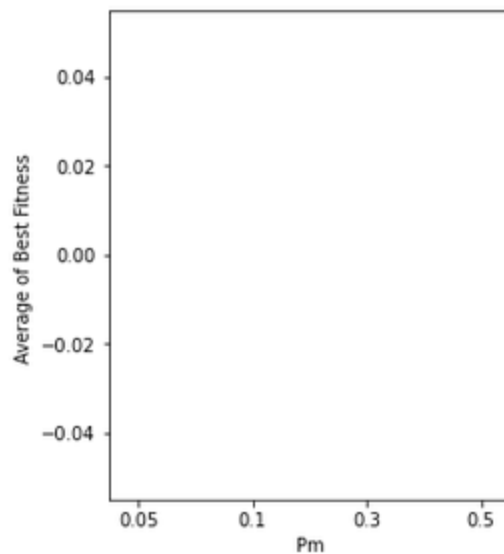
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.1  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.3  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.5  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 26 - سطر هفتم Peak

همانطور که در نمودار بالا می‌بینید، داشتن کروموزوم تمام 1 شانس پائینی دارد. زیرا به صورت تصادفی انتخاب ژن بین 0 و 1، احتمال 50 درصد می‌تواند 0 انتخاب شود. لذا برازندگی 0 می‌شود. بنابراین بالار رفتن احتمال جهش احتمال کاهش برازندگی و رساندن آن به 0 را دارد. در کل در این نمودار به علت نیافتن کروموزوم تمام 0، برازندگی 0 شده است.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

#### خروجی اول

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0



best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.1

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.3

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.5

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]

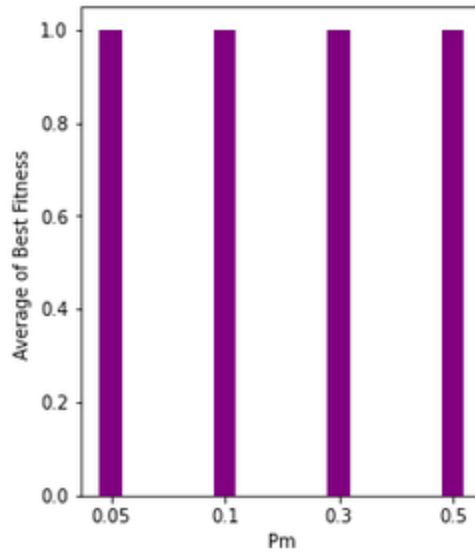
Fitness\_count\_avg: 100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 27 - سطر هشتم Peak

در این نمودار مشاهده می‌کنید که  $P_m$  در یافتن بهترین پاسخ مسئله تاثیری ندارد. می‌توان با مقادیر مختلف  $P_m$  به بهترین برازندگی رسید.

این خروجی غلط است. در اصل بالا رفتن احتمال جهش، احتمال 0 شدن 1ها را بالا می‌برد و این موضوع باعث ایجاد 0 در رشته‌های فرزند و در نتیجه 0 شدن برازندگی می‌شود. لذا بالا رفتن احتمال جهش در کاهش برازندگی موثر است.

خروجی دوم

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_m = 0.1$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

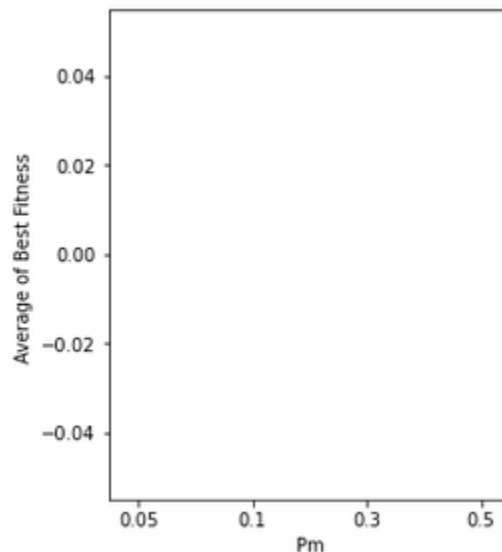
best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.3  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.5  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 28 - سطر هشتم Peak

همانطور که در نمودار بالا می‌بینید، داشتن کروموزوم تمام 1 شانس پایینی دارد. زیرا به صورت تصادفی انتخاب ژن بین 0 و 1، احتمال 50 درصد می‌تواند 0 انتخاب شود. لذا برازندگی 0 می‌شود. بنابراین بالار رفتن احتمال جهش احتمال کاهش برازندگی و رساندن آن به 0 را دارد. در کل در این نمودار به علت نیافتن کروموزوم تمام 0، برازندگی 0 شده است.

#### سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

#### خروجی اول

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

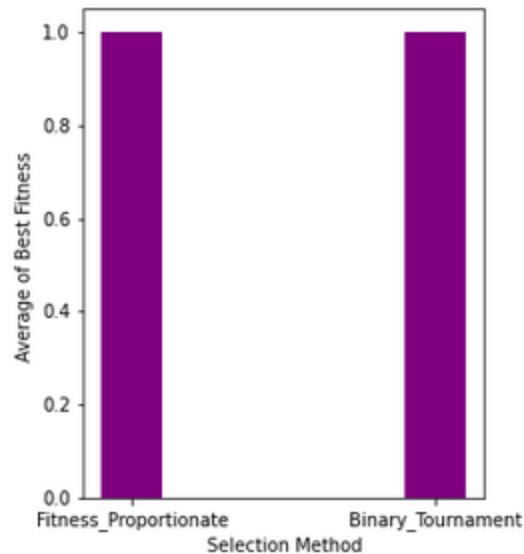
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 29 - سطر نهم Peak

همانطور که در نمودار بالا دیده می‌شود ، هیچ یک از روش‌های انتخاب بر دیگری برتری ندارد. با هر دو روش به طور میانگین می‌توانیم به بهترین برازندگی دست یابیم.

البته این اجرا غلط می‌باشد. داشتن برازندگی 1 در طی در اجرا، در حضور هر دو تابع شانس کمی دارد.

خروجی دوم

Selection Method = <function Fitness\_Proportionate at 0x0000017744DC10D0>

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Selection Method = <function Binary\_Tournament at 0x0000017744DC11F0>

Best Fitness List = [0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [15050, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

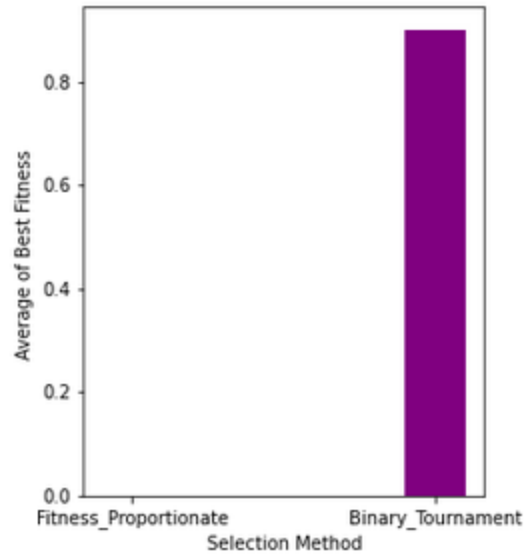
Fitness\_count\_avg: 1550.0

best\_fitness\_avg: 0.9

Fitness\_count\_stdv: 4743.416490252569

best\_fitness\_stdv: 0.31622776601683794

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 30 - سطر نهم Peak

نمودار بالا نشان می‌دهد که اجرای تابع انتخاب به روش متناسب با برازندگی، نتوانسته است پاسخ بهینه را بیابد. اما در روش رقابت دودویی نتوانسته است در 9 دور پاسخ بهینه را بیابد. اگر فرض کنیم در این 9 دور به طور تصادفی رشته با کروموزوم تمام 1 یافته است، می‌توان گفت که روش رقابت دودویی بهتر می‌باشد. اما در کل برای روش رقابت دودویی نیز احتمال 1 شدن برازندگی پایین است.

#### سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد.

#### خروجی اول

```

Selecion Method = function Fitness_Proportionate
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]
Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]
Fitness_count_avg: 300.0
best_fitness_avg: 1.0
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 0.0

```

Selecion Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]

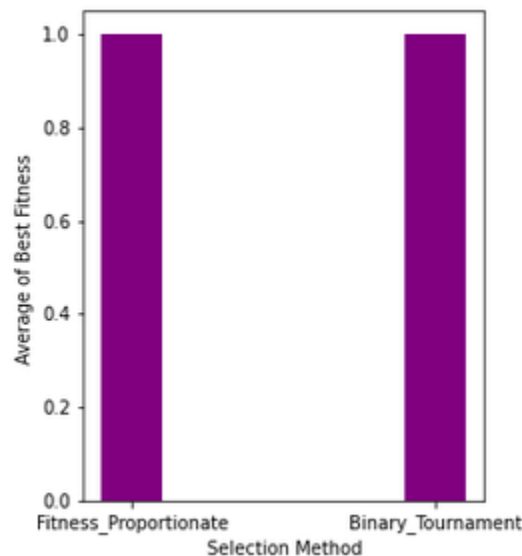
Fitness\_count\_avg: 300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 31 - سطر دهم Peak

همانطور که در نمودار بالا دیده می شود ، هیچ یک از روش های انتخاب بر دیگری برتری ندارد. با هر دو روش به طور میانگین می توانیم به بهترین برازندگی دست یابیم. البته این اجرا غلط می باشد. داشتن برازندگی 1 در طی در اجرا، در حضور هر دو تابع شانس کمی دارد.

خروجی دوم

Selecion Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

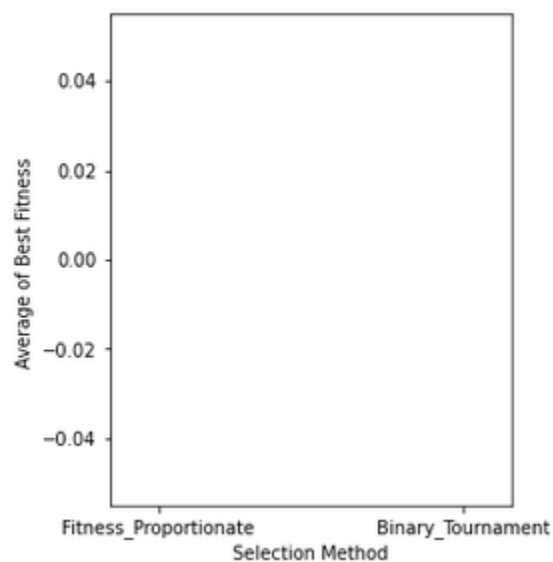
best\_fitness\_stdv: 0.0

```

Selecion Method = function Binary_Tournament
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]
Fitness_count_avg: 90300.0
best_fitness_avg: 0.0
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 0.0

```

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 32 - سطر دهم Peak

نمودار بالا نشان می‌دهد که هیچ یک از روش‌های انتخاب بر دیگری برتری ندارد. به عبارتی به دلیل بزرگی سائز مسئله، احتمال حضور 0 در ژن‌ها بالاست و در این صورت احتمال پیدا کردن کروموزوم تمام 1 پایین است.

#### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 100 می‌باشد.

خروجی اول

```

Recombination Method = function SinglePointCrossover

```

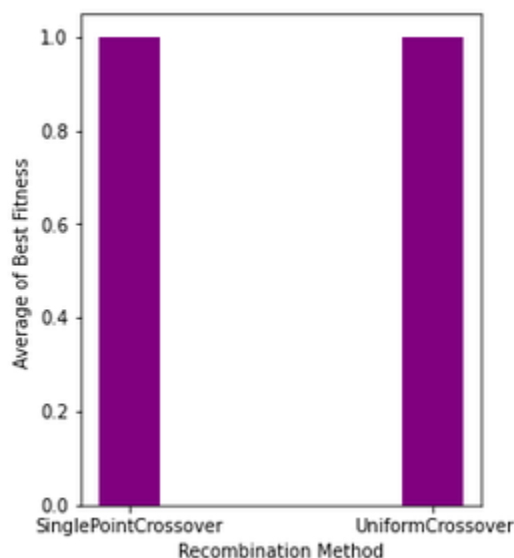


Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
 Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]  
 Fitness\_count\_avg: 300.0  
 best\_fitness\_avg: 1.0  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 0.0

Recombination Method = function UniformCrossover  
 Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]  
 Count Fitness List = [300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300, 300]  
 Fitness\_count\_avg: 300.0  
 best\_fitness\_avg: 1.0  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 33 - سطر یازدهم Peak

همانطور که در نمودار بالا دیده می‌شود ، هیچ یک از روش‌های بازترکیب بر دیگری برتری ندارد. با هر دو روش به طور میانگین می‌توانیم به بهترین برازندگی دست یابیم. این خروجی اعتباری ندارد. یافتن کروموزوم تمام 1 از روی کروموزوم‌هایی که دارای ژن 0 هستند، غیرممکن است. بزرگی ساینز مسئله باعث می‌شود که احتمال حضور 0 در میان ژن‌ها بالا باشد و لذا یافتن بهترین پاسخ تقریباً غیرممکن است.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

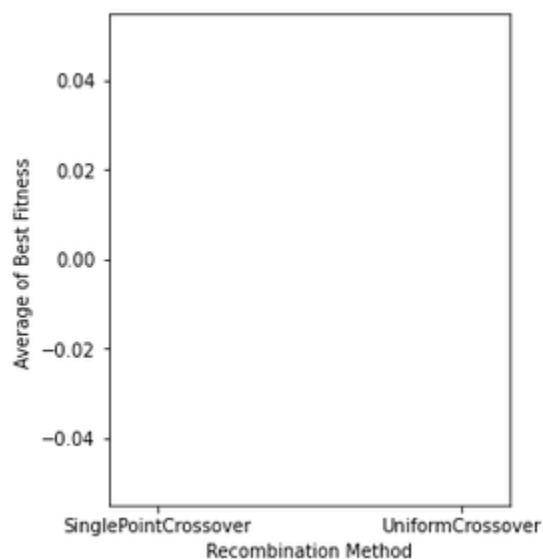
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 34- سطر یازدهم Peak

این نمودار نشان می‌دهد که روش بازترکیب تأثیری در یافتن پاسخ بهینه ندارد. زمانیکه برازندگی به 0 و 1 تقسیم می‌شود و ما می‌دانیم با داشتن حتی یک ژن 0 کروموزوم خوبی نداریم، نمی‌توانیم درمورد روش بازترکیب با اطمینان صحبت کنیم. بزرگی سائز کروموزوم هم احتمال حضور ژن 0 و در نتیجه برازندگی 0 را بیشتر می‌کند.

#### سطر دوازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تأثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 0.9، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

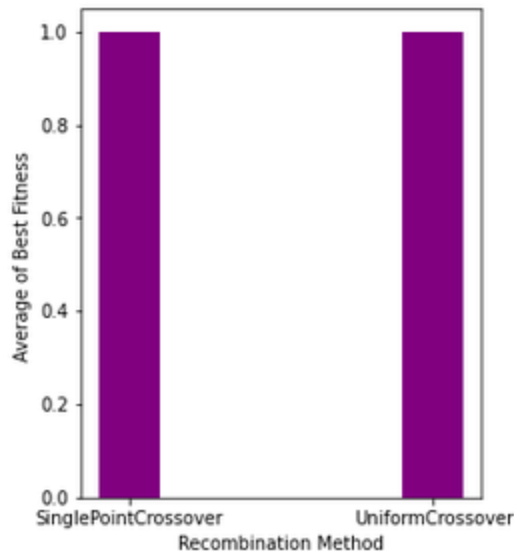
خروجی اول

```
Recombination Method = function SinglePointCrossover
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]
Fitness_count_avg: 50.0
best_fitness_avg: 1.0
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 0.0
```

```
Recombination Method = function UniformCrossover
Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1]
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]
Fitness_count_avg: 50.0
best_fitness_avg: 1.0
Fitness_count_stdv: 0.0
```

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 35 - سطر دوازدهم Peak

همانطور که در نمودار بالا دیده می‌شود ، هیچ یک از روش‌های بازترکیب بر دیگری برتری ندارد. با هر دو روش به طور میانگین می‌توانیم به بهترین برازندگی دست یابیم. این خروجی اعتباری ندارد. یافتن کروموزوم تمام 1 از روی کروموزوم‌هایی که دارای ژن 0 هستند، غیرممکن است. بزرگی سائز مسئله باعث می‌شود که احتمال حضور 0 در میان ژن‌ها بالا باشد و لذا یافتن بهترین پاسخ تقریباً غیرممکن است.

خروجی دوم

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

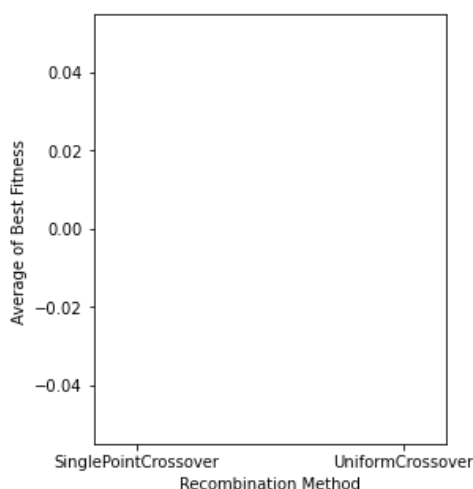
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 36 - سطر دوازدهم Peak

این نمودار نشان می‌دهد که روش بازترکیب تأثیری در یافتن پاسخ بهینه ندارد. زمانیکه برازندگی به 0 و 1 تقسیم می‌شود و ما می‌دانیم با داشتن حتی یک ژن 0 کروموزوم خوبی نداریم، نمی‌توانیم در مورد روش بازترکیب با اطمینان صحبت کنیم. بزرگی سائز کروموزوم هم احتمال حضور ژن 0 و در نتیجه برازندگی 0 را بیشتر می‌کند.

### تابع FlipFlop

در این تابع مقدار برازندگی برابر حاصل جمع حاصل Xor ژن‌های کنار یکدیگر است. بالاترین برازندگی در حالتی است که ژن‌ها یکی در میان 0 و 1 باشند. و پایین‌ترین برازندگی را کروموزوم‌های تمام 0 یا تمام 1 دارند.

در ادامه جدول 1 را با استفاده از این تابع برازندگی اجرا می‌کنیم.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تأثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت

دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 9.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 30

Best Fitness List = [14, 14, 13, 13, 12, 15, 14, 14, 14, 12]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 13.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.97182531580755

Population Size = 50

Best Fitness List = [25, 29, 22, 31, 19, 30, 25, 22, 22, 21]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 24.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.141926551202418

Population Size = 100

Best Fitness List = [45, 47, 50, 56, 49, 41, 61, 46, 52, 45]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

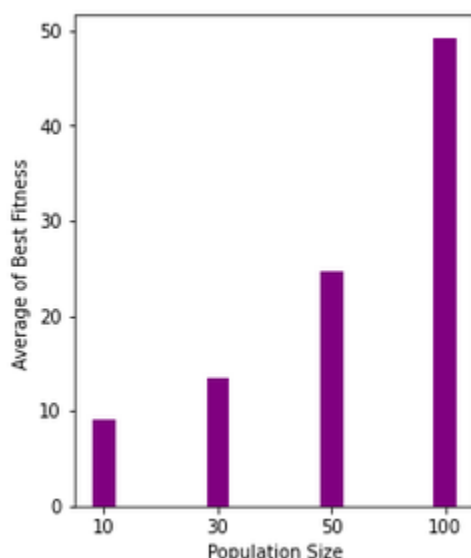
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 49.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 5.88406511029766

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 37 - سطر اول FlipFlop

در نمودار بالا محور x نشان دهنده سایز مسئله یعنی ProblemSize است. PopulationSize بی دقتی است و به دلیل نداشتن وقت تغییر داده نشده است.

همانطور که در نمودار بالا مشاهده می کنید، با افزایش اندازه مسئله میانگین بهترین برازندگی نیز افزایش می یابد. علت این امر این است که داشتن ژن های بیشتر که با یکدیگر XOR می شوند، حاصل جمع را افزایش می دهد. بنابراین میانگین بهترین برازندگی نیز افزایش می یابد.

اما رسیدن به بهترین برازندگی تقریباً غیرممکن است زیرا احتمال حضور یکی در میان ژن های 0 و 1 پایین می باشد.

#### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می باشد.

Population Size = 10  
Best Fitness List = [2, 5, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100, 100]  
Fitness\_count\_avg: 6100.0  
best\_fitness\_avg: 7.9  
Fitness\_count\_stdv: 12649.110640673518  
best\_fitness\_stdv: 2.4244128727957572

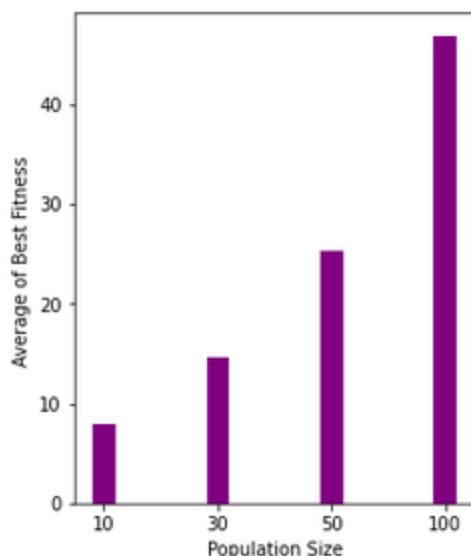
Population Size = 30  
Best Fitness List = [17, 11, 20, 17, 11, 14, 16, 12, 13, 15]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 14.6  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 2.9514591494904874

Population Size = 50  
Best Fitness List = [24, 28, 25, 30, 28, 24, 22, 23, 20, 29]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 25.3  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 3.3015148038438356

Population Size = 100  
Best Fitness List = [49, 50, 49, 46, 48, 37, 50, 50, 49, 41]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 46.9  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 4.433458644845529

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم





نمودار 38 - سطر دوم FlipFlop

در نمودار بالا محور x نشان دهنده سایز مسئله یعنی ProblemSize است. PopulationSize بی دقتی است و به دلیل نداشتن وقت تغییر داده نشده است.

همانطور که در نمودار بالا مشاهده می کنید، با افزایش اندازه مسئله میانگین بهترین برازندگی نیز افزایش می یابد. علت این امر این است که داشتن ژن های بیشتر که با یکدیگر XOR می شوند، حاصل جمع را افزایش می دهد. بنابراین میانگین بهترین برازندگی نیز افزایش می یابد.

اما رسیدن به بهترین برازندگی تقریباً غیرممکن است زیرا احتمال حضور یکی در میان ژن های 0 و 1 پایین می باشد.

زمانیکه سایز مسئله کم می باشد، احتمال یکی در میان شدن 0 و 1 ها بالاتر است. به همین دلیل در برخی اجراهای problemSize=10 توانسته ایم در اجرای اول به پاسخ بهینه دست یابیم.

### سطر سوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می کنید. روش باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه مسئله 50 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می باشد.

PopSize = 50

Best Fitness List = [28, 27, 27, 21, 22, 24, 23, 26, 18, 27]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 24.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.2676869155073254

Pop Size = 100

Best Fitness List = [24, 27, 24, 24, 26, 28, 27, 25, 24, 26]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 25.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.509230856356236

Pop Size = 200

Best Fitness List = [26, 25, 19, 18, 29, 25, 22, 33, 28, 26]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 25.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.532597979574677

Pop Size = 300

Best Fitness List = [23, 23, 18, 25, 29, 33, 21, 23, 22, 26]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

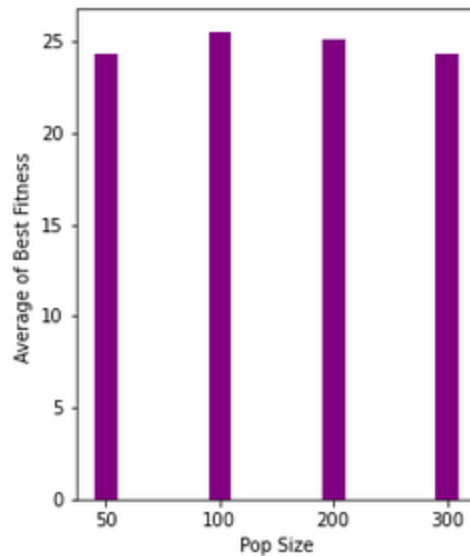
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 24.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.24394994210713

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 39 - سطر سوم FlipFlop

در نمودار بالا، نزدیک بودن میانگین بهترین برازندگی به اندازه جمعیت بستگی ندارد. از آنجایی که سایز کروموزوم یکسان است، این اعداد نزدیک به یکدیگر هستند. همچنین از آنجایی که اندازه مسئله 50 است، احتمال داشتن کروموزومی که یکی در میان ژن‌های 0 و 1 داشته باشد، بسیار پایین می‌آید. احتمال بازترکیب هم بالا می‌باشد که ممکن است در طی عملیات بازترکیب نظم ژن‌ها به هم بریزد. به همین دلیل ما تا انتهای 300 نسل به پاسخ بهینه نرسیده‌ایم.

منظور از PopSize، PopulationSize می‌باشد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه مسئله 30 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [14, 19, 14, 19, 14, 14, 12, 14, 14, 13]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

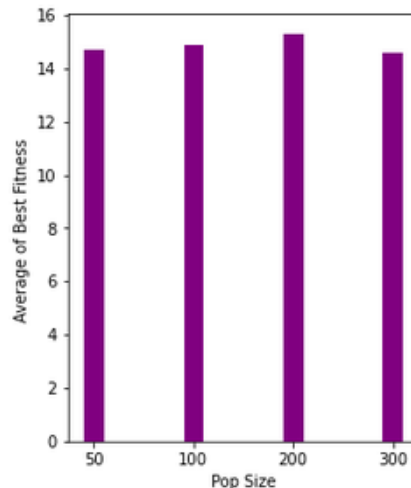
best\_fitness\_avg: 14.7  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 2.359378449224852

Pop Size = 100  
Best Fitness List = [9, 16, 21, 17, 12, 14, 18, 12, 10, 20]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 14.9  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 4.1486276177925525

Pop Size = 200  
Best Fitness List = [14, 16, 18, 14, 14, 15, 14, 10, 17, 21]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 15.3  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 2.9458068127047605

Pop Size = 300  
Best Fitness List = [16, 13, 11, 12, 14, 15, 15, 15, 16, 19]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 14.6  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 2.270584848790187

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 40 - سطر چهارم FlipFlop

در نمودار بالا، نزدیک بودن میانگین بهترین برازندگی به اندازه جمعیت بستگی ندارد. از آنجایی که سائز کروموزوم یکسان است، این اعداد نزدیک به یکدیگر هستند. همچنین از آنجایی که اندازه مسئله 50 است، احتمال داشتن کروموزومی که یکی در میان ژن‌های 0 و 1 داشته باشد، بسیار پایین می‌آید. احتمال بازترکیب هم بالا می‌باشد که ممکن است در طی عملیات بازترکیب نظم ژن‌ها به هم بریزد. به همین دلیل ما تا انتهای 300 نسل به پاسخ بهینه نرسیده‌ایم. همچنین احتمال جهش نیز تاثیرگذار است. ممکن است حتی با داشتن یک کروموزوم منظم در حین علمیات جهش، برازندگی کاهش یابد. حتی ممکن است با یک جهش بتوانیم یک کروموزوم بهینه داشته باشیم ولی این جهش انجام نشود و به بهترین برازندگی نرسیم.

منظور از PopSize، PopulationSize می‌باشد.

#### سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال  $P_c$  را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

$P_c = 0.5$

Best Fitness List = [4, 6, 5, 3, 4, 5, 5, 3, 9, 9]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 50, 50]

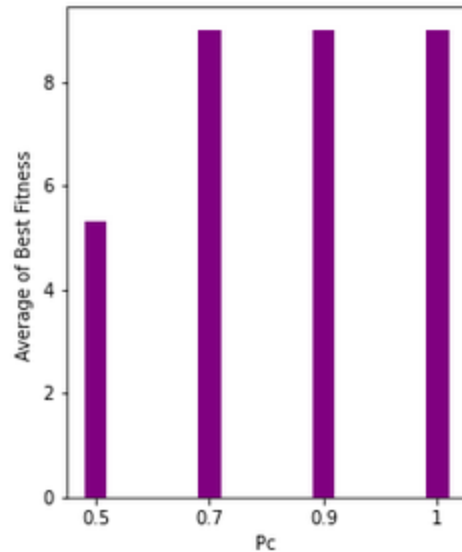
Fitness\_count\_avg: 12050.0  
best\_fitness\_avg: 5.3  
Fitness\_count\_stdv: 6324.555320336759  
best\_fitness\_stdv: 2.1628170930011112

Pc = 0.7  
Best Fitness List = [9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9]  
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 50.0  
best\_fitness\_avg: 9.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9  
Best Fitness List = [9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9]  
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 50.0  
best\_fitness\_avg: 9.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1  
Best Fitness List = [9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9]  
Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
Fitness\_count\_avg: 50.0  
best\_fitness\_avg: 9.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس PC



نمودار 41 - سطر پنجم FlipFlop

نمودار بالا نشان می‌دهد که در دست یافتن به پاسخ بهینه احتمال بازترکیب بسیار تاثیرگذار است. به عبارتی کوچک بودن احتمال بازترکیب ما را از دستیابی به بهترین پاسخ باز داشته است. عملیات بازترکیب می‌تواند تکه‌ای از یک کروموزوم را به یک کروموزوم دیگر بچسباند و ما را به پاسخ بهینه برساند. داشتن اندازه مسئله کوچک نیز بسیار تاثیرگذار است که در این مثال منجر به دستیابی به پاسخ بهینه در اولین نسل در PC های بزرگ شده است.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [18, 32, 29, 25, 23, 26, 25, 25, 26, 18]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 24.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.321779468896785

Pc = 0.7

Best Fitness List = [27, 23, 25, 23, 21, 24, 28, 23, 26, 20]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 24.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.5385910352879693

Pc = 0.9

Best Fitness List = [23, 19, 25, 21, 21, 27, 29, 26, 25, 25]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 24.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.0713731999438516

Pc = 1

Best Fitness List = [23, 21, 25, 16, 27, 25, 28, 20, 24, 24]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

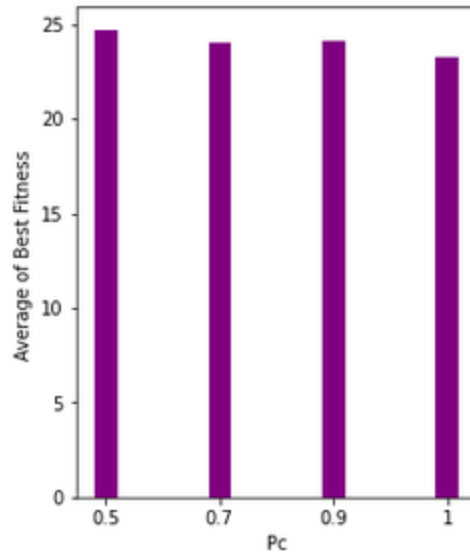
best\_fitness\_avg: 23.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.529242915351047

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pc





نمودار 42 - سطر ششم FlipFlop

همانطور که در این نمودار مشاهده می‌شود، بزرگی اندازه مسئله باعث شده است که ما به بهترین جواب دست نیابیم. اما همچنان اختلاف زیادی در میان میانگین‌های بهترین برازندگی با افزایش Pc دیده نمی‌شود.

نمودار سطر قبلی نشان داد که بزرگی عامل Pc تاثیرگذار است. این نمودار اختلاف زیادی را نشان نمی‌دهد. لذا می‌توان این تئوری که افزایش احتمال بازترکیب "بسیار" تاثیرگذار است را رد کرد.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [47, 54, 52, 49, 60, 44, 51, 41, 46, 55]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 49.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 5.665686189686118

Pm = 0.1

Best Fitness List = [42, 53, 49, 48, 50, 58, 43, 49, 47, 50]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 48.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.581363212940979

Pm = 0.3

Best Fitness List = [46, 56, 53, 51, 49, 46, 45, 58, 48, 49]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 50.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.383048152953731

Pm = 0.5

Best Fitness List = [46, 50, 48, 48, 53, 48, 45, 46, 33, 49]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

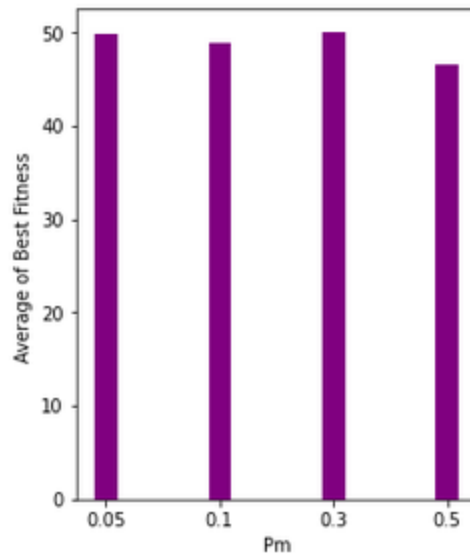
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 46.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 5.295700562196133

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 43 - سطر هفتم FlipFlop

در نمودار بالا دیده می‌شود که مقدار عددی میانگین‌های بهترین برازندگی، به یکدیگر نزدیک می‌باشند. این موضوع این نتیجه را می‌دهد که  $P_m$  در رسیدن به بهترین برازندگی تاثیر چندانی ندارد. البته می‌توان گفت که یک جهش می‌تواند فرم بهترین کروموزوم را تغییر دهد یا اینکه یک کروموزوم را به بهترین فرم برساند. حتی می‌تواند برازندگی یک کروموزوم را افزایش دهد. اما نمی‌تواند تاثیر مستقیمی بر رسیدن به بهترین برازندگی داشته باشد. به عبارتی افزایش آن تاثیرگذار نیست.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [17, 15, 11, 17, 13, 12, 14, 10, 14, 13]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 13.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.3190036174568114

Pm = 0.1

Best Fitness List = [15, 14, 16, 11, 10, 14, 13, 14, 14, 16]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 13.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.946506842754191

Pm = 0.3

Best Fitness List = [15, 13, 18, 17, 15, 17, 16, 17, 11, 12]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 15.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.378141197564929

Pm = 0.5

Best Fitness List = [16, 17, 13, 13, 13, 15, 12, 17, 13, 16]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

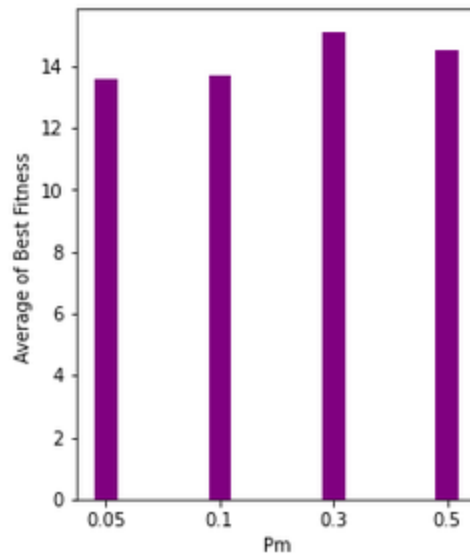
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 14.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.90029237516523

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 44 - سطر هشتم FlipFlop

در نمودار بالا دیده می‌شود که مقدار عددی میانگین‌های بهترین برازندگی، به یکدیگر نزدیک می‌باشند. این موضوع این نتیجه را می‌دهد که Pm در رسیدن به بهترین برازندگی تاثیر چندانی ندارد. البته می‌توان گفت که یک جهش می‌تواند فرم بهترین کروموزوم را تغییر دهد یا اینکه یک کروموزوم را به بهترین فرم برساند. حتی می‌تواند برازندگی یک کروموزوم را افزایش دهد. اما نمی‌تواند تاثیر مستقیمی بر رسیدن به بهترین برازندگی داشته باشد. به عبارتی افزایش آن تاثیرگذار نیست.

#### سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [5, 5, 4, 5, 9, 9, 9, 9, 9, 9]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 6050.0

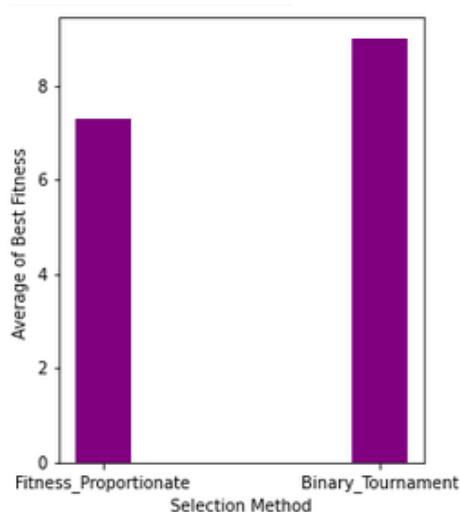
best\_fitness\_avg: 7.3

Fitness\_count\_stdv: 7745.966692414834

best\_fitness\_stdv: 2.2135943621178655

Selection Method = function Binary\_Tournament  
 Best Fitness List = [9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9, 9]  
 Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]  
 Fitness\_count\_avg: 50.0  
 best\_fitness\_avg: 9.0  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 45 - سطر نهم FlipFlop

این نمودار نشان می‌دهد که اگر برای انتخاب والدین از روش رقابت دودویی استفاده کنیم، به پاسخ برازنده‌تری می‌رسیم. حتی استفاده از روش رقابت دودویی توانسته است ما را به بهینه‌ترین پاسخ برساند. لازم به ذکر است که کوچک بودن اندازه مسئله نیز بسیار تاثیرگذار است.

سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد.

Selecion Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [28, 29, 23, 22, 24, 27, 22, 19, 25, 20]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 23.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.3482997343593826

Selecion Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [26, 30, 29, 26, 23, 21, 21, 24, 22, 25]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

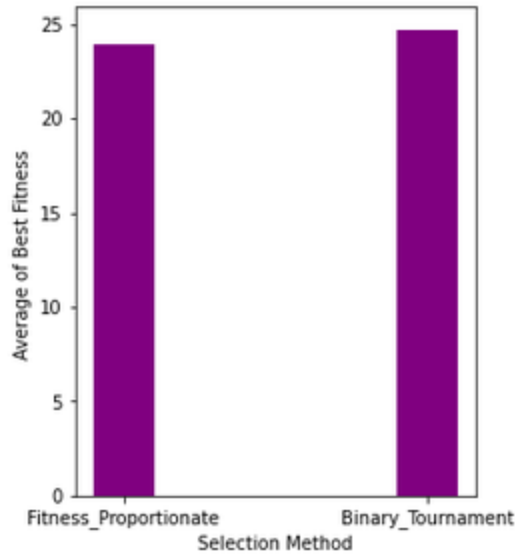
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 24.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.1287200080686173

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



#### نمودار 46 - سطر دهم FlipFlop

این نمودار نشان می‌دهد که اگر برای انتخاب والدین از روش رقابت دودویی استفاده کنیم، به پاسخ برازنده‌تری می‌رسیم. در این نمودار میانگین هر دو روش نزدیک به یکدیگر هستند. اما همچنان تابع رقابت دودویی بهتر می‌باشد.

البته زمانی که اندازه مسئله افزایش می‌یابد، احتمال یافتن بهترین رشته کاهش می‌یابد. به همین دلیل بزرگی اندازه مسئله در دست نیافتن به پاسخ بهینه موثر بوده است.

#### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 100 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [47, 50, 48, 55, 47, 50, 43, 55, 53, 51]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 49.9

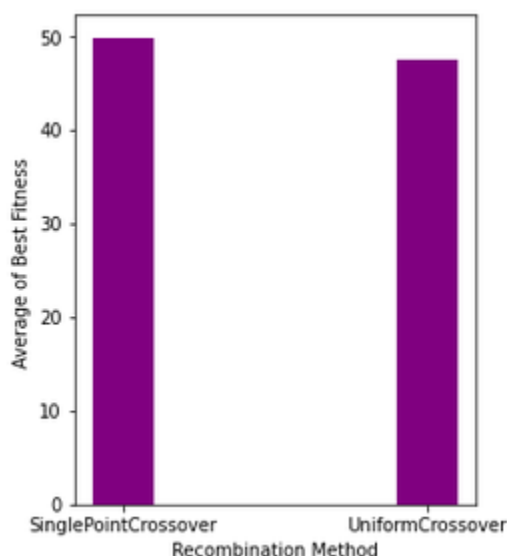
Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.8137179293236207



Recombination Method = function UniformCrossover  
 Best Fitness List = [48, 39, 48, 48, 41, 53, 53, 40, 51, 55]  
 Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
 Fitness\_count\_avg: 90300.0  
 best\_fitness\_avg: 47.6  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 5.777350411544878

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش باز ترکیب



نمودار 47 - سطر یازدهم FlipFlop

نمودار بالا نشان می‌دهد در حالتی که سایز مسئله بزرگ می‌باشد بهتر است از روش تقطیع تک نقطه‌ای استفاده شود. در کل به دلیل بزرگی سایز مسئله ما احتمال رسیدن به بهترین پاسخ را از دست داده‌ایم. اما میانگین‌ها چندان اختلاف ندارند و استفاده از روش تقطیع یکنواخت نیز می‌تواند ما را به برازندگی خوبی برساند.

سطر دوازدهم

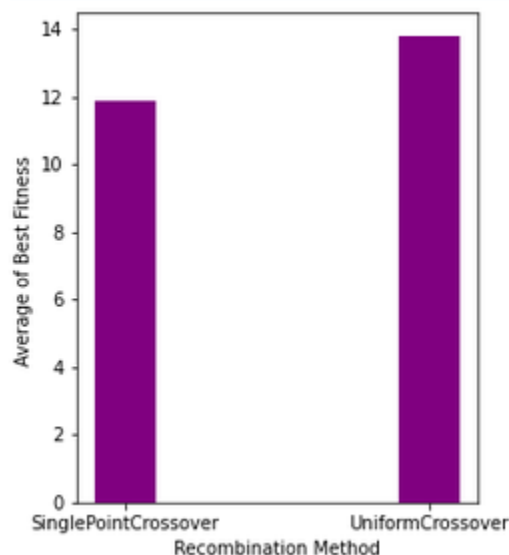
در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش باز ترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 0.9، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [15, 13, 9, 12, 13, 12, 12, 11, 10, 12]  
 Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]  
 Fitness\_count\_avg: 15050.0  
 best\_fitness\_avg: 11.9  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 1.66332999331662

Recombination Method = function UniformCrossover  
 Best Fitness List = [16, 12, 12, 12, 14, 17, 16, 12, 15, 12]  
 Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]  
 Fitness\_count\_avg: 15050.0  
 best\_fitness\_avg: 13.8  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 2.043961295567452

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 48 - سطر دوازدهم FlipFlop

نمودار بالا نشان می‌دهد در حالتی که سایز مسئله کوچک می‌باشد بهتر است از روش تقطیع یکنواخت استفاده شود. در کل به دلیل بزرگی سایز مسئله ما احتمال رسیدن به بهترین پاسخ را از دست داده‌ایم. اما میانگین‌ها

چندان اختلاف ندارند و استفاده از روش تقطیع یکنواخت نیز می‌تواند ما را به برازندگی خوبی برساند. اما پیشنهاد ما استفاده از روش تقطیع یکنواخت است.

#### تابع FourPeaks

در این بخش تابع برازندگی وابسته به مقدار عددی  $T$  می‌باشد. مقدار  $T$  برابر  $0.1 * \text{ProblemSize}$  می‌باشد. بالاترین برازندگی در این تابع به صورت زیر محاسبه می‌شود:

اگر تعداد صفرهای انتهای رشته برابر  $(T+1) - \text{ProblemSize}$  و تعداد یک‌های ابتدای رشته برابر  $(T+1)$  باشد یا برعکس، در فرمول ما بالاترین ماکسیمم را خواهیم داشت. در چنین شرایطی شرط تابع  $R$  نیز برآورده می‌شود و مقدار  $\text{ProblemSize}$  بازگردانی می‌شود. در نهایت مقدار عددی بالاترین برازندگی برابر  $(2 * \text{ProblemSize}) - (T+1)$  می‌باشد.

در ادامه سطرهای جدول 1 را با این تابع برازندگی ملاحظه می‌کنید.

#### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 30

Best Fitness List = [1, 3, 0, 1, 2, 3, 0, 1, 3, 6]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.8257418583505538

Population Size = 50

Best Fitness List = [0, 4, 0, 1, 5, 2, 4, 0, 4, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.0548046676563256

Population Size = 100

Best Fitness List = [3, 0, 3, 1, 1, 1, 3, 0, 3, 1]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

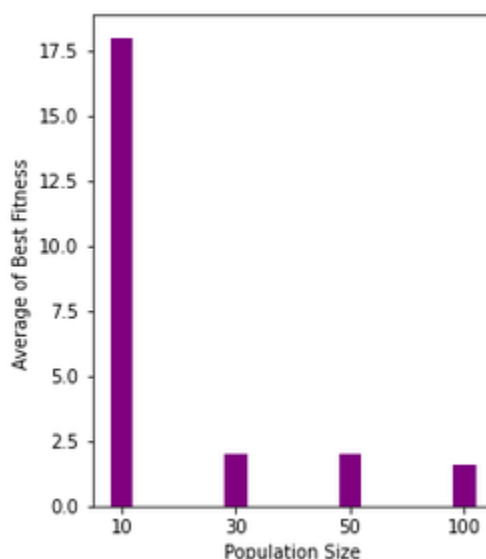
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2649110640673518

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 49 - سطر اول FourPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که کوچک بودن سایز مسئله بسیار تاثیرگذار است. به گونه‌ای که ما به طور میانگین با اندازه مسئله 10 توانسته‌ایم به پاسخ بهینه دست یابیم. ولی زمانی که سایز مسئله افزایش می‌یابد شانس رسیدن به پاسخ بهینه کاهش می‌یابد. لذا در مواجهه با این تابع برازندگی بهتر است سایز مسئله کوچک باشد.

در نمودار بالا منظور از PopulationSize، ProblemSize می‌باشد.

#### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [0, 0, 0, 2, 2, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 100, 100, 100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 15100.0

best\_fitness\_avg: 9.4

Fitness\_count\_stdv: 15811.388300841896

best\_fitness\_stdv: 9.09456492148531

Population Size = 30

Best Fitness List = [5, 1, 2, 1, 1, 1, 0, 5, 1, 3]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 2.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.7638342073763937

Population Size = 50

Best Fitness List = [0, 1, 4, 0, 0, 1, 1, 3, 5, 4]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.911950719959998

Population Size = 100

Best Fitness List = [3, 3, 3, 0, 2, 1, 1, 0, 2, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

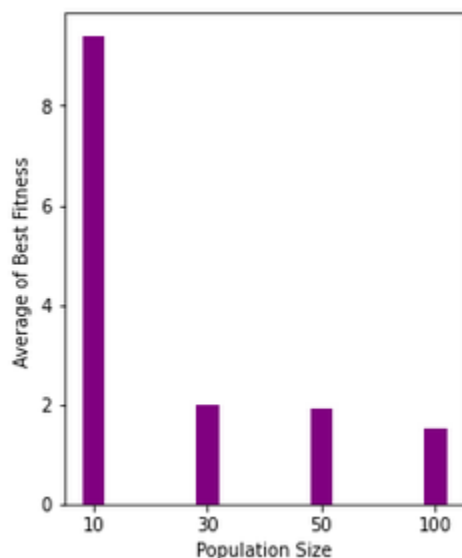
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2692955176439846

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 50 - سطر دوم FourPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که استفاده از سایز مسئله کوچک بسیار تاثیرگذار است. حتی اگر روش‌ها و احتمالات مورد استفاده تغییر کنند باز هم در مواجهه با سایز مسئله بزرگ ما برازندگی کمتری خواهیم داشت. در سطر قبلی ما توانسته‌ایم که برازندگی بالاتری را داشته باشیم اما در این سطر ما برازندگی کمتری را حتی با سایز مسئله کوچک به دست آورده‌ایم. اما به هرصورت این تابع برای کروموزوم‌هایی با سایز کوچک بهتر عمل می‌کند.

در نمودار بالا منظور از PopulationSize، ProblemSize می‌باشد.

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. روش باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه مسئله 50 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

PopSize = 50

Best Fitness List = [0, 0, 1, 3, 1, 0, 1, 1, 1, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9189365834726815

Pop Size = 100

Best Fitness List = [1, 0, 0, 1, 0, 1, 3, 1, 4, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.3374935098492586



Pop Size = 200

Best Fitness List = [0, 2, 2, 2, 6, 0, 0, 1, 9, 1]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.94580681270476

Pop Size = 300

Best Fitness List = [3, 5, 7, 3, 2, 0, 0, 0, 0, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

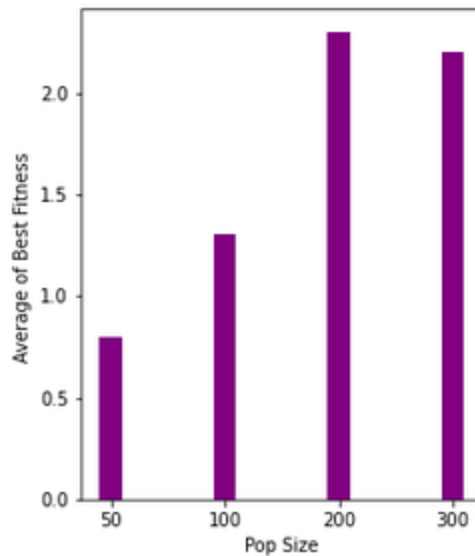
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.3944379994757297

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 51 - سطر سوم FourPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که افزایش اندازه مسئله در این تابع منجر به افزایش برازندگی بهتر می‌شود. اما همانطور که مشاهده می‌شود، ما به بهترین برازندگی که عدد 94 می‌باشد نرسیده‌ایم. این موضوع باعث می‌شود تا به فکر بررسی عوامل دیگر بیفتیم که در ادامه خواهیم دید کدام یک از عوامل تاثیر بیشتری را داراست. منظور از Pop، Population می‌باشد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه مسئله 30 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [1, 1, 2, 3, 2, 0, 4, 3, 1, 1]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2292725943057183

Pop Size = 100

Best Fitness List = [3, 1, 2, 36, 1, 0, 1, 2, 0, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 4.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 11.003029885748138

Pop Size = 200

Best Fitness List = [0, 2, 2, 5, 1, 1, 0, 1, 2, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.429840705968481

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 3, 2, 2, 1, 1, 0, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

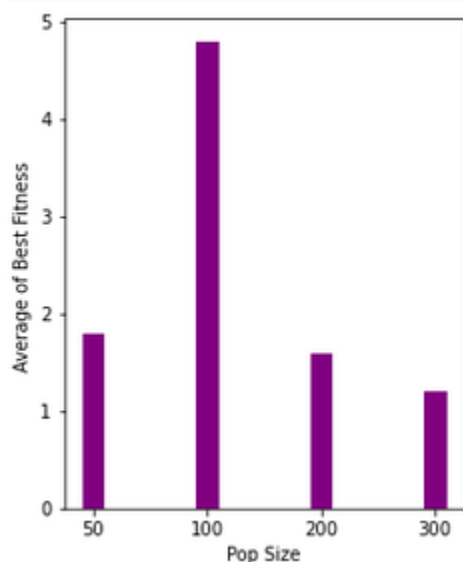
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9189365834726815

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 52 - سطر چهارم *FourPeaks*

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که افزایش اندازه مسئله در این تابع لزوماً منجر به افزایش برازندگی بهتر نمی‌شود. اما همانطور که مشاهده می‌شود، ما به بهترین برازندگی که عدد 56 می‌باشد نرسیده‌ایم. فاصله بهترین برازندگی به دست آمده با بهترین برازندگی محاسبه شده، ما را بر آن می‌دارد که عوامل دیگر را بررسی کنیم.

منظور از Pop، Population می‌باشد.

#### سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال PC را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [1, 1, 1, 5, 0, 1, 1, 3, 1, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.4

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.505545305418162

Pc = 0.7

Best Fitness List = [2, 0, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [15050, 15050, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 3050.0

best\_fitness\_avg: 14.6

Fitness\_count\_stdv: 6324.555320336759

best\_fitness\_stdv: 7.183313998427188

Pc = 0.9

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_c = 1$

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

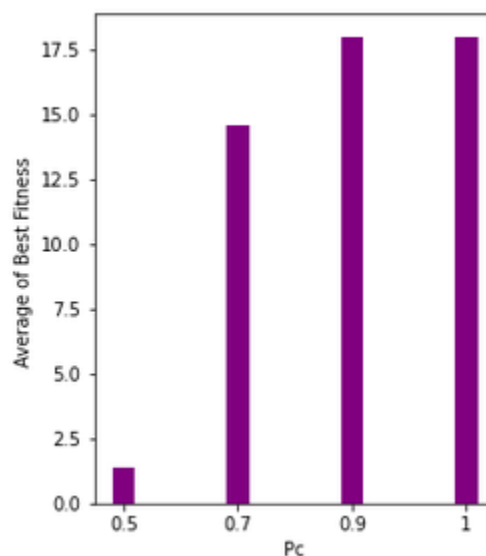
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال بازترکیب



نمودار 53 - سطر پنجم *FourPeaks*

در نمودار بالا مشاهده می کنید که افزایش مقدار احتمال بازترکیب در طی 10 اجرا تاثیر خوبی داشته است. لذا اگر برای مسئله ای از این تابع استفاده می کنید پیشنهاد می شود که احتمال بازترکیب بالایی را مد نظر قرار دهید. هنگام داشتن اندازه مسئله کوچک و احتمال بازترکیب بالا، ما می توانیم دو کروموزومی که ابتدای یکی و انتهای دیگری در کنار یکدیگر ما را به کروموزوم بهینه می رساند، استفاده کنیم.

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال باز ترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

$P_c = 0.5$

Best Fitness List = [2, 0, 4, 2, 2, 0, 2, 0, 2, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2649110640673518

$P_c = 0.7$

Best Fitness List = [0, 5, 1, 0, 2, 2, 0, 1, 5, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.9550504398153572

$P_c = 0.9$

Best Fitness List = [2, 3, 3, 3, 4, 3, 1, 1, 1, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.0593499054713802

Pc = 1

Best Fitness List = [0, 4, 2, 0, 1, 0, 1, 2, 1, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

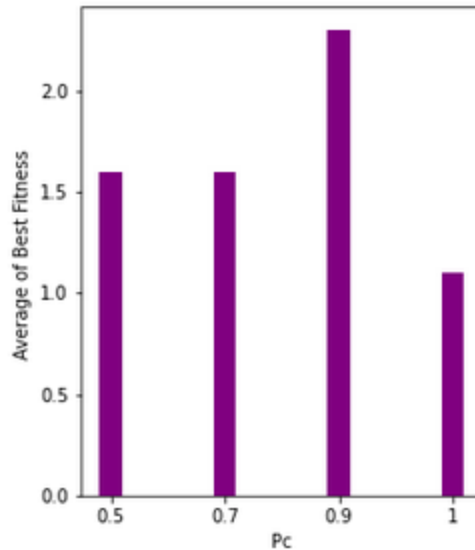
best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.286683937707919

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب





نمودار 54 - سطر ششم FourPeaks

نمودار بالا نشان می دهد که داشتن احتمال بازترکیب بالا می تواند ما را به پاسخ بهینه برساند. اما در این 10 اجرا زمانیکه احتمال بازترکیب 1 بود پاسخ خوبی نداشته ایم. استفاده از بازترکیب 0.9 بسیار مفید می باشد. در هر صورت ما قادر به دست یافتن به پاسخ بهینه نبوده ایم. این می تواند تاثیر افزایش سایز مسئله یا توابع استفاده شده برای بازترکیب و انتخاب والدین باشد.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [0, 0, 2, 1, 0, 3, 0, 3, 0, 1]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.247219128924647

Pm = 0.1

Best Fitness List = [1, 3, 4, 0, 2, 4, 4, 1, 1, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.4757295747452437

Pm = 0.3

Best Fitness List = [3, 6, 3, 0, 1, 1, 0, 2, 1, 4]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.911950719959998

Pm = 0.5

Best Fitness List = [2, 2, 3, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

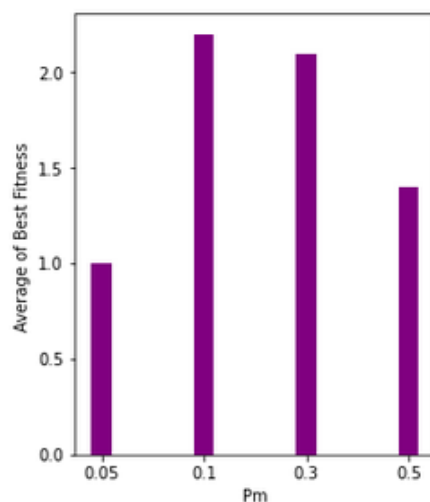
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.4

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.8432740427115678

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 55 - سطر هفتم FourPeaks

زمانیکه احتمال جهش متوسطی داریم، به پاسخ خوبی می‌رسیم. اما در کل به بهترین پاسخ دست نیافته‌ایم. ممکن است به دلیل روش انتخاب که متناسب با برازندگی می‌باشد، این اتفاق افتاده باشد. زیرا سطرهای قبل که برازندگی کمتری داشتند نیز دو عامل مشترک بوده‌اند. یکی سایز مسئله بزرگ و دیگری روش انتخاب بوده است. با این حال در ادامه روش‌های دیگر را نیز بررسی می‌کنیم.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

Pm = 0.05

Best Fitness List = [0, 2, 1, 3, 1, 1, 0, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.8755950357709131

Pm = 0.1

Best Fitness List = [2, 0, 2, 2, 3, 0, 1, 1, 3, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.07496769977314

Pm = 0.3

Best Fitness List = [0, 3, 0, 0, 1, 2, 1, 7, 5, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 2.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.330951164939612

$P_m = 0.5$

Best Fitness List = [0, 1, 0, 2, 0, 2, 0, 3, 0, 1]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

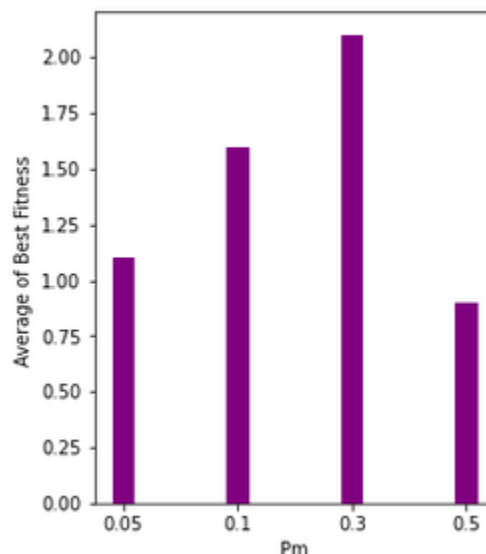
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.1005049346146119

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس  $P_m$



نمودار 56 - سطر هشتم *FourPeaks*

زمانیکه احتمال جهش متوسطی داریم، به پاسخ خوبی می‌رسیم. اما در کل به بهترین پاسخ دست نیافته‌ایم. در کل باید عوامل دیگر را بررسی کرد. چراکه این عامل به تنهایی نمی‌تواند رسیدن پاسخ بهینه را تضمین کند.

سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در

ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

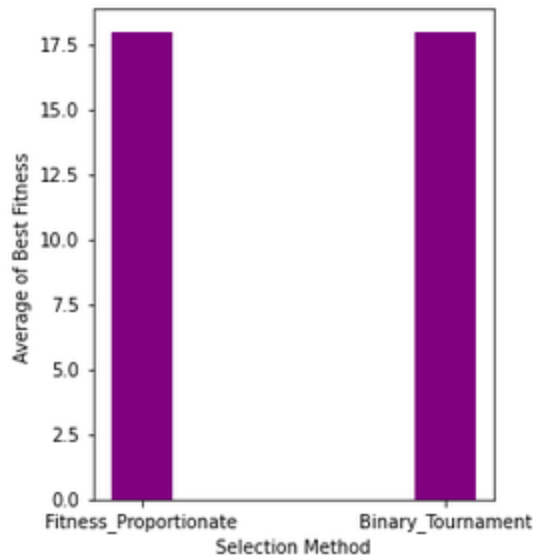
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 57 - سطر نهم *FourPeaks*

بر طبق نمودار بالا رسیدن به بهترین برازندگی در حالتیکه سائز مسئله کوچک داریم محتمل تر است. اما نمودار بالا نشان می دهد که در حالت کلی استفاده از هر دو روش انتخاب مناسب می باشد. به عبارتی هر دو روش در حالتی که عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می باشد، ما را به پاسخ بهینه می رساند.

#### سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می باشد.

Selecion Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [2, 4, 4, 1, 3, 4, 1, 4, 3, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

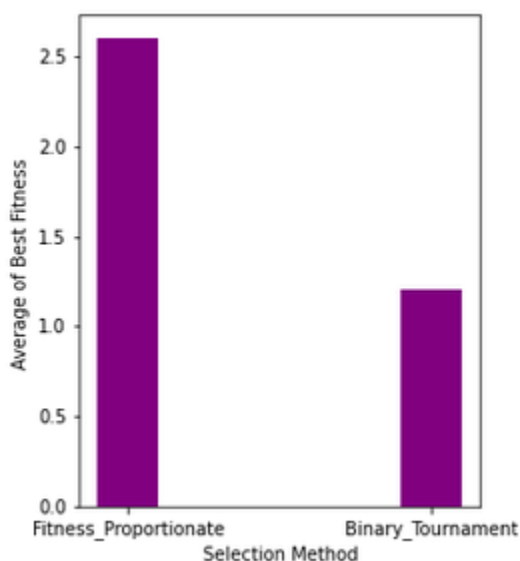
best\_fitness\_stdv: 1.505545305418162

```

Selecion Method = function Binary_Tournament
Best Fitness List = [0, 1, 2, 1, 0, 0, 1, 2, 2, 3]
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]
Fitness_count_avg: 90300.0
best_fitness_avg: 1.2
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 1.0327955589886444

```

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 58 - سطر دهم *FourPeaks*

در این نمودار مشاهده می شود که روش متناسب با برازندگی پاسخ بهتری را به دست آورده است. در حالت کلی با مقایسه با سطر قبلی می توان گفت که استفاده از تابع *FourPeaks* استفاده از روش انتخاب متناسب با برازندگی بهتر می باشد. البته عوامل دیگری نیز تاثیرگذار است. در حالتی که عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می باشد، بهتر است از روش انتخاب متناسب با برازندگی استفاده شود.

#### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش باز ترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف



معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 100 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [3, 0, 3, 2, 3, 5, 0, 3, 8, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.496664441476534

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [0, 2, 3, 1, 0, 0, 3, 0, 4, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

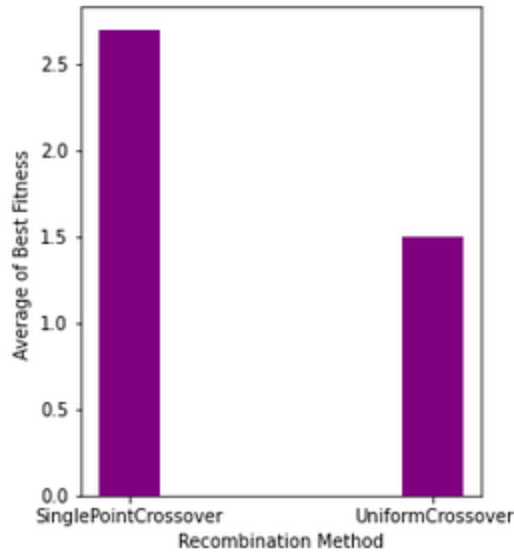
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.509230856356236

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 59 - سطر یازدهم *FourPeaks*

این نمودار نشان می‌دهد استفاده از روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد. اما لزوماً رسیدن به بهترین پاسخ را تضمین نمی‌کند. تنها برای تصمیم‌گیری درباره روش بازترکیب می‌توان گفت روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد. استفاده از این روش تاثیر بهتری را نسبت به روش تقطیع یکنواخت به ارمغان می‌آورد.

#### سطر دوازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 0.9، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [2, 5, 1, 2, 0, 2, 1, 2, 3, 2]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 2.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.3333333333333333

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [0, 1, 1, 0, 0, 4, 3, 2, 2, 2]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

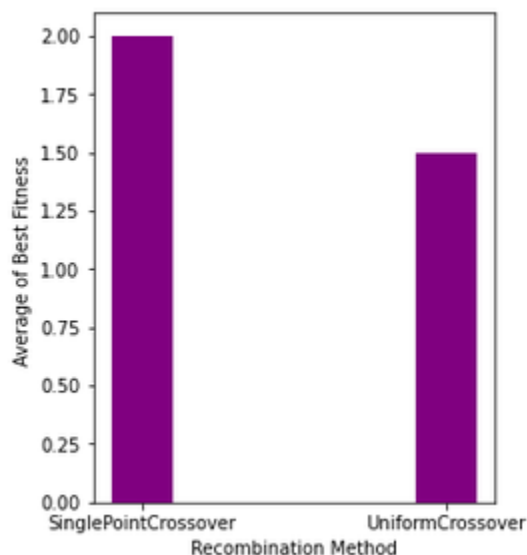
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.35400640077266

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 60 - سطر دوازدهم *FourPeaks*

این نمودار نشان می‌دهد استفاده از روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد. اما لزوماً رسیدن به بهترین پاسخ را تضمین نمی‌کند. لذا در مقایسه با سطر قبل نیز تنها برای تصمیم‌گیری درباره روش بازترکیب می‌توان گفت روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد.

### تابع *SixPeaks*

در این بخش تابع برازندگی وابسته به مقدار عددی  $T$  می‌باشد. مقدار  $T$  برابر  $0.1 * \text{ProblemSize}$  می‌باشد. بالاترین برازندگی در این تابع به صورت زیر محاسبه می‌شود:

اگر تعداد صفرهای انتهای رشته برابر  $(T+1) - \text{ProblemSize}$  و تعداد یک‌های ابتدای رشته برابر  $(T+1)$  باشد یا برعکس، در فرمول ما بالاترین ماکسیمم را خواهیم داشت. همچنین اگر تعداد صفرهای ابتدای رشته برابر  $(T+1) - \text{ProblemSize}$  و تعداد یک‌های انتهای رشته برابر  $(T+1)$  باشد یا برعکس، در فرمول ما بالاترین ماکسیمم را خواهیم داشت. در چنین شرایطی شرط تابع  $R$  نیز برآورده می‌شود و مقدار  $\text{ProblemSize}$  بازگردانی می‌شود. در نهایت مقدار عددی بالاترین برازندگی برابر  $(2 * \text{ProblemSize}) - (T+1)$  می‌باشد.

در ادامه سطرهای جدول 1 را با این تابع برازندگی ملاحظه می‌کنید.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 200.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 30

Best Fitness List = [4, 0, 4, 0, 1, 3, 1, 0, 1, 1]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.5811388300841898

Population Size = 50

Best Fitness List = [0, 0, 2, 2, 4, 0, 0, 2, 3, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.4944341180973264

Population Size = 100

Best Fitness List = [3, 2, 1, 1, 2, 0, 1, 2, 3, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

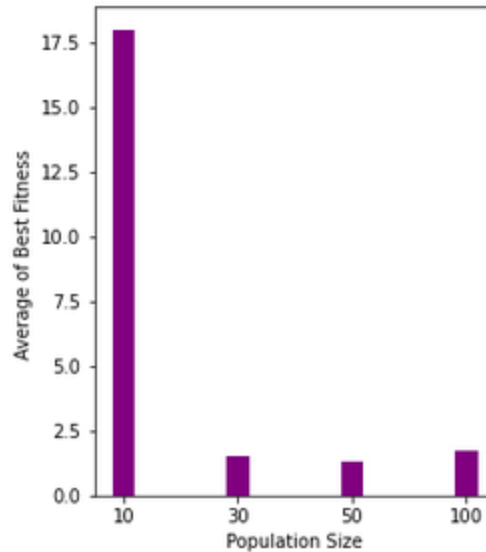
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9486832980505138

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سائز کروموزوم



نمودار 61 - سطر اول SixPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که کوچک بودن سایز مسئله بسیار تاثیرگذار است. به گونه‌ای که ما به طور میانگین با اندازه مسئله 10 توانسته‌ایم به پاسخ بهینه دست یابیم. ولی زمانی که سایز مسئله افزایش می‌یابد شانس رسیدن به پاسخ بهینه کاهش می‌یابد. لذا در مواجهه با این تابع برازندگی بهتر است سایز مسئله کوچک باشد.

در نمودار بالا منظور از PopulationSize، ProblemSize می‌باشد.

#### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [1, 10, 0, 1, 1, 10, 1, 0, 18, 18]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 100, 100]

Fitness\_count\_avg: 24100.0

best\_fitness\_avg: 6.0

Fitness\_count\_stdv: 12649.110640673518

best\_fitness\_stdv: 7.393691004272944

Population Size = 30

Best Fitness List = [0, 0, 1, 3, 1, 1, 0, 1, 1, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9189365834726815

Population Size = 50

Best Fitness List = [6, 1, 1, 5, 2, 5, 0, 0, 4, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 2.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.2211108331943574

Population Size = 100

Best Fitness List = [1, 2, 2, 1, 3, 5, 1, 1, 5, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

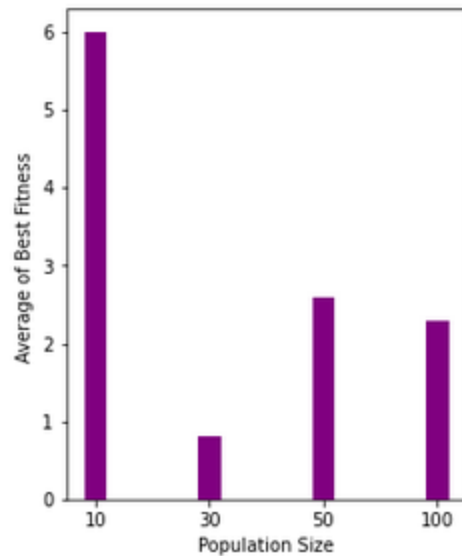
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 2.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.5670212364724212

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 62 - سطر دوم SixPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که استفاده از سایز مسئله کوچک بسیار تاثیرگذار است. حتی اگر روش‌ها و احتمالات مورد استفاده تغییر کنند باز هم در مواجه با سایز مسئله بزرگ ما برازندگی کمتری خواهیم داشت. در سطر قبلی ما توانسته‌ایم که برازندگی بالاتری را داشته باشیم اما در این سطر ما برازندگی کمتری را حتی با سایز مسئله کوچک به دست آورده‌ایم. اما به هرصورت این تابع برای کروموزوم‌هایی با سایز کوچک بهتر عمل می‌کند. در نمودار بالا منظور از PopulationSize، ProblemSize می‌باشد.

#### سطر سوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. روش باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه مسئله 50 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

PopSize = 50

Best Fitness List = [0, 3, 1, 1, 2, 1, 1, 0, 50, 1]



Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 6.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 15.484759532449246

Pop Size = 100

Best Fitness List = [5, 2, 3, 1, 4, 1, 1, 0, 3, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 2.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.699673171197595

Pop Size = 200

Best Fitness List = [4, 1, 2, 3, 2, 5, 4, 1, 4, 5]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 3.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.5238839267549948

Pop Size = 300

Best Fitness List = [1, 3, 1, 3, 0, 3, 0, 1, 0, 1]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

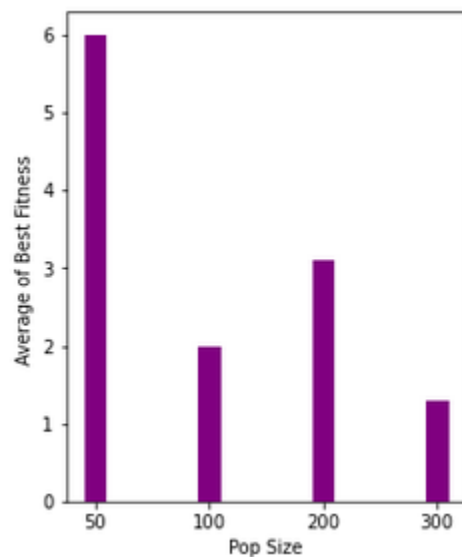
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2516655570345725

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 63 - سطر سوم SixPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که در حالی که اندازه جمعیت کمتری داریم به پاسخ بهتری رسیده‌ایم. البته به بهترین پاسخ ممکن نرسیده‌ایم. به نظرم در طی 10 اجرا در این تابع زمانیکه جمعیت کمتری داریم امید بیشتری برای رسیدن به یک پاسخ بهتر داریم. با این حال اختلاف زیادی میان میانگین بهترین برازندگی در 4 حالت نیست و نمی‌توانیم این عامل را به شدت مرتبط بدانیم.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه مسئله 30 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [1, 1, 4, 1, 1, 4, 1, 1, 4, 1]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.449137674618944

Pop Size = 100

Best Fitness List = [1, 1, 3, 1, 1, 2, 2, 2, 34, 1]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 4.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 10.282671507606052

Pop Size = 200

Best Fitness List = [0, 4, 1, 0, 4, 2, 1, 1, 1, 3]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.4944341180973262

Pop Size = 300

Best Fitness List = [2, 6, 3, 5, 2, 1, 1, 1, 4, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

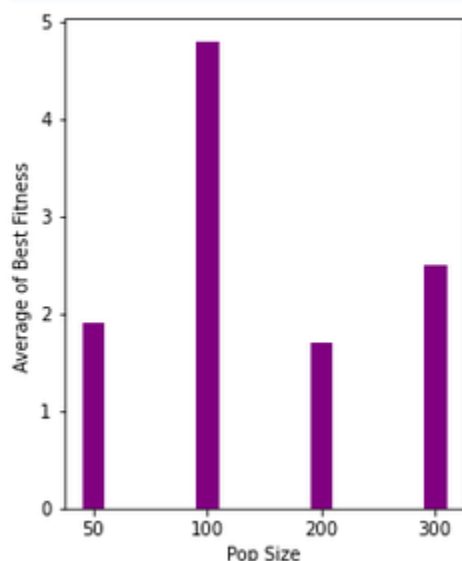
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.9578900207451218

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 64 - سطر چهارم SixPeaks

در نمودار بالا مشاهده می کنید که افزایش اندازه مسئله در این تابع لزوما منجر به افزایش برازندگی بهتر نمی شود. اما همانطور که مشاهده می شود، ما به بهترین برازندگی که عدد 56 می باشد نرسیده ایم. فاصله بهترین برازندگی به دست آمده با بهترین برازندگی محاسبه شده، ما را بر آن می دارد که عوامل دیگر را بررسی کنیم.

منظور از Pop، Population می باشد.

#### سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال PC را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می کنید. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [1, 10, 1, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 4550.0

best\_fitness\_avg: 13.8

Fitness\_count\_stdv: 7245.688373094719

best\_fitness\_stdv: 7.192588778272628

Pc = 0.7

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1

Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

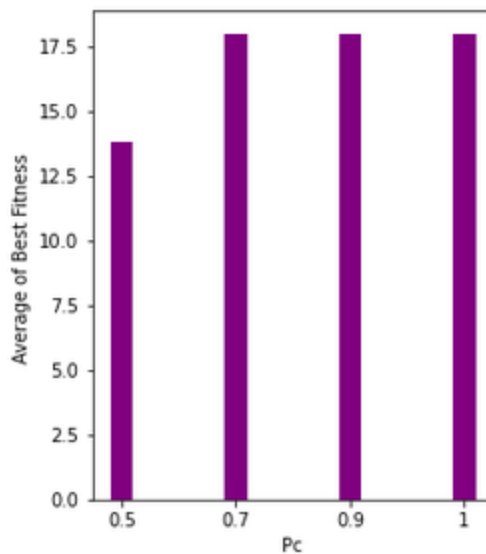
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس PC



نمودار 65 - سطر پنجم SixPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که افزایش مقدار احتمال بازترکیب در طی 10 اجرا تاثیر خوبی داشته است. لذا اگر برای مسئله‌ای از این تابع استفاده می‌کنید پیشنهاد می‌شود که احتمال بازترکیب بالایی را مد نظر قرار دهید. هنگام داشتن اندازه مسئله کوچک و احتمال بازترکیب بالا، ما می‌توانیم دو کروموزومی که ابتدای یکی و انتهای دیگری در کنار یکدیگر ما را به کروموزوم بهینه می‌رساند، استفاده کنیم. انعطافی که این تابع نسبت به تابع FourPeaks دارد این امکان را فراهم می‌کند که حتی با کمترین مقدار احتمال بازترکیب ما به پاسخ خوبی برسیم. این درحالی است که تابع FourPeaks در حالتی که امکان بازترکیب کمی داشتیم، برازندگی کمتری را نسبت به این تابع داشت. البته عوامل دیگری نیز موثر هستند. در حالتی که عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد، PC بالا مفیدتر می‌باشند.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [5, 1, 3, 4, 1, 1, 1, 5, 1, 1]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.766981104093143

Pc = 0.7

Best Fitness List = [0, 1, 2, 5, 2, 0, 1, 1, 4, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.6193277068654828

Pc = 0.9

Best Fitness List = [4, 0, 1, 1, 0, 0, 1, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2516655570345725

Pc = 1

Best Fitness List = [1, 1, 0, 0, 2, 3, 0, 1, 3, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

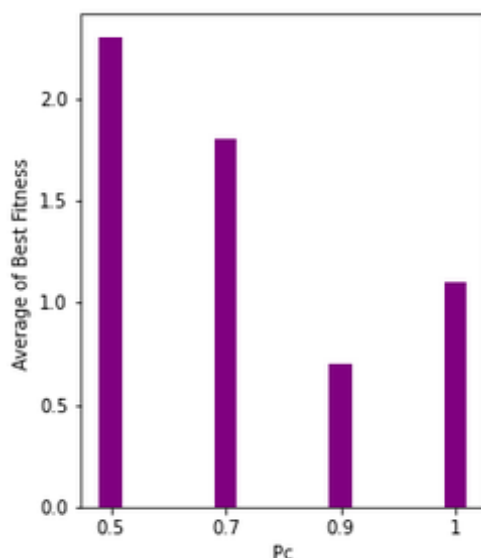
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.1972189997378648

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس PC



نمودار 66 - سطر ششم SixPeaks

نمودار بالا نشان می‌دهد که در حالتی که عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد. اگر Pc مقدار کمی داشته باشد، ما شانس بالاتری خواهیم داشت. البته باید به این نکته توجه کرد که میانگین بهترین برازندگی در 4 حالت احتمال باز ترکیب، به بهترین برازندگی موجود حتی نزدیک هم نیست. این موضوع را باید دانست داشتن تابعی که تعداد صفرهای انتهای رشته برابر  $(T+1)$ -ProblemSize و تعداد یک‌های ابتدای رشته برابر  $(T+1)$  باشد یا برعکس، یا تعداد صفرهای ابتدای رشته برابر  $(T+1)$ -ProblemSize و تعداد یک‌های انتهای رشته برابر  $(T+1)$  باشد یا برعکس، احتمال کمی دارد. لذا داشتن بهترین برازندگی شانس کمی دارد.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [2, 2, 0, 0, 0, 2, 2, 2, 1, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.1



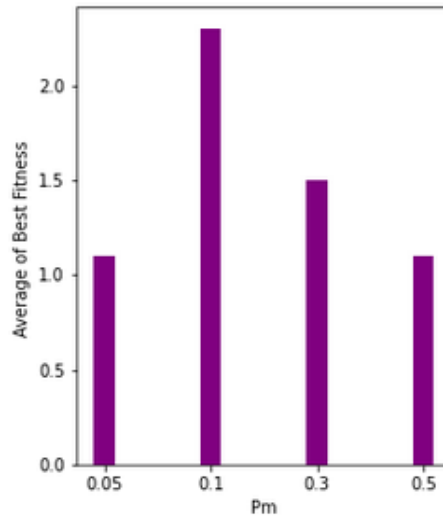
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.9944289260117533

Pm = 0.1  
Best Fitness List = [2, 0, 1, 3, 2, 3, 3, 5, 2, 2]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 2.3  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.3374935098492586

Pm = 0.3  
Best Fitness List = [1, 3, 0, 2, 2, 1, 1, 2, 2, 1]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 1.5  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.8498365855987975

Pm = 0.5  
Best Fitness List = [1, 1, 0, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 2]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 1.1  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.5676462121975467

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 67 - سطر هفتم SixPeaks

زمانیکه احتمال جهش کمی داریم، به پاسخ خوبی می‌رسیم. اما در کل به بهترین پاسخ دست نیافته‌ایم. البته نمی‌توانیم احتمال جهش بسیار پایینی را انتخاب کنیم. لازم است تاثیر عوامل دیگر نیز مورد بررسی قرار بگیرد.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [1, 0, 1, 1, 5, 1, 1, 1, 4, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.6499158227686108

$P_m = 0.1$

Best Fitness List = [0, 1, 0, 0, 1, 2, 6, 1, 3, 1]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.8408935028645435

Pm = 0.3

Best Fitness List = [1, 0, 1, 0, 2, 0, 2, 0, 4, 1]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.286683937707919

Pm = 0.5

Best Fitness List = [1, 0, 1, 1, 0, 2, 3, 0, 2, 5]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

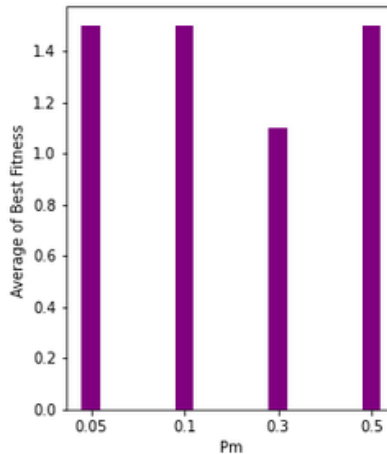
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.5811388300841898

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال جهش



نمودار 68 - سطر هشتم SixPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که احتمال داشتن برازندگی خوب وابسته به احتمال جهش نیست، ما در هر 4 حالت توانسته‌ایم به برازندگی مشابهی برسیم. هرچند رسیدن به بهترین برازندگی محقق نشده است اما میانگین این 4 حالت نزدیک به یکدیگر بوده است. در حالتی که عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 30 می‌باشد، تفاوتی نمی‌کند که از چه احتمال جهشی استفاده کنیم.

#### سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

```
Selection Method = function Fitness_Proportionate
Best Fitness List = [2, 3, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]
Count Fitness List = [15050, 15050, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]
Fitness_count_avg: 3050.0
best_fitness_avg: 14.9
Fitness_count_stdv: 6324.555320336759
best_fitness_stdv: 6.539622822966678
```

```
Selection Method = function Binary_Tournament
Best Fitness List = [18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18, 18]
```

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

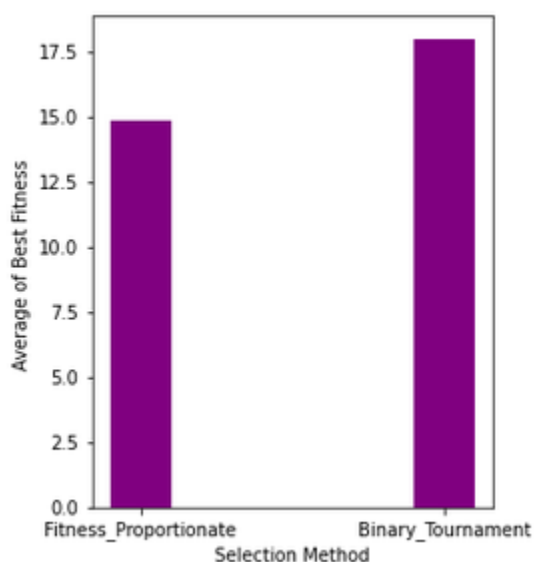
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 18.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 69 - سطر نهم *SixPeaks*

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که در حالتی که عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد، بهتر است از روش رقابت دودویی استفاده شود. رقابت دودویی این امکان را فراهم کرده است که ما به بهترین پاسخ برسیم و این تاییدی بر این روش، در شرایطی که عوامل به صورت مذکور مقداردهی شده اند، می‌باشد.

سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد.

Selecion Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [1, 1, 1, 1, 3, 0, 1, 1, 2, 5]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.429840705968481

Selecion Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [2, 1, 1, 2, 0, 3, 1, 1, 1, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

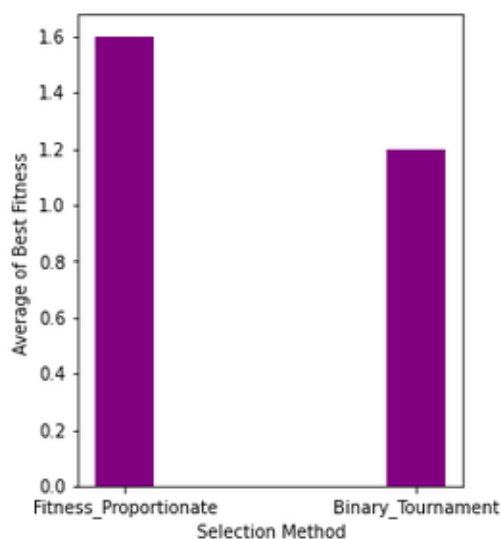
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9189365834726815

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 70 - سطر دهم SixPeaks

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که در حالتی که عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد، بهتر است از روش متناسب با برازندگی استفاده شود. روش انتخاب متناسب با برازندگی این امکان را فراهم کرده که به پاسخ بهتری در مقابل روش رقابت دودویی برسیم. اما همچنان نتوانسته‌ایم با عوامل مذکور به بهترین پاسخ دست یابیم.

در مقایسه با سطر قبل به این نتیجه می‌رسیم که بهترین پاسخ بستگی به عوامل دیگری نیز دارد. لذا نمی‌توانیم بدون توجه به عوامل دیگر برای روش انتخاب والدین تصمیم‌گیری کنیم.

#### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 100 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [0, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 6, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.8257418583505538

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [5, 2, 0, 2, 1, 2, 1, 0, 1, 3]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

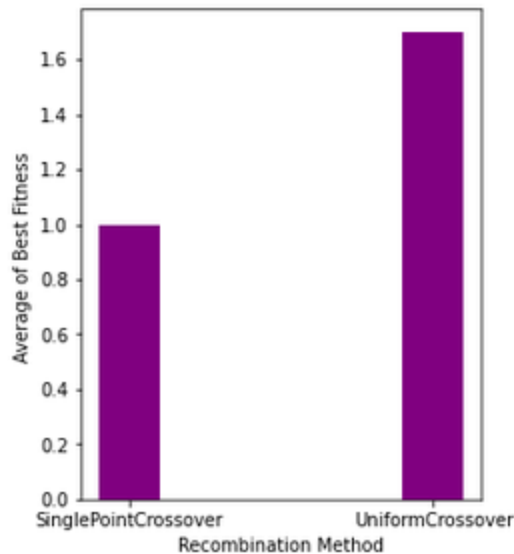
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.4944341180973262

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 71 - سطر یازدهم *SixPeaks*

این نمودار نشان می‌دهد استفاده از روش تقطیع یکنواخت بهتر می‌باشد. اما لزوماً رسیدن به بهترین پاسخ را تضمین نمی‌کند. تنها برای تصمیم‌گیری درباره روش بازترکیب می‌توان گفت روش تقطیع یکنواخت بهتر می‌باشد. اما نمی‌توان با اطمینان در این مورد تصمیم گرفت. اگر قصد رسیدن به برازندگی بالایی را داشته باشیم بهتر است در مورد عوامل دیگر نیز مطمئن شویم.

#### سطر دوازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 0.9، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 2, 0, 0, 1, 0, 1]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.4

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.6992058987801011



Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [1, 6, 4, 2, 1, 2, 1, 1, 6, 5]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

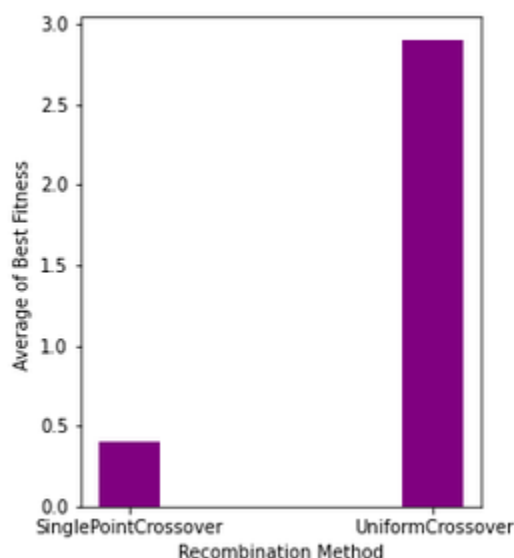
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 2.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.1317702607092643

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش باز ترکیب



نمودار 72 - سطر دوازدهم SixPeaks

این نمودار نشان می‌دهد استفاده از روش تقطیع یکنواخت بهتر می‌باشد. اما لزوماً رسیدن به بهترین پاسخ را تضمین نمی‌کند. لذا در مقایسه با سطر قبل نیز تنها برای تصمیم‌گیری درباره روش باز ترکیب می‌توان گفت روش تقطیع یکنواخت بسیار بهتر می‌باشد.

این در حالی است که در تابع FourPeaks استفاده از روش تقطیع تک نقطه‌ای بهتر بود.

### تابع Trap

در این تابع مقدار برازندگی برابر حاصل جمع حاصل Xor ژن‌های کنار یکدیگر است. بالاترین برازندگی در حالتی است که ژن‌ها یکی در میان 0 و 1 باشند. و پایین‌ترین برازندگی را کروموزوم‌های تمام 0 یا تمام 1 دارند.

در ادامه جدول 1 را با استفاده از این تابع برازندگی اجرا می‌کنیم.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [-4, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20]

Count Fitness List = [60200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200, 200]

Fitness\_count\_avg: 6200.0

best\_fitness\_avg: 17.6

Fitness\_count\_stdv: 18973.665961010276

best\_fitness\_stdv: 7.58946638440411

Population Size = 30

Best Fitness List = [-14, -20, -15, -15, -21, -13, -14, -16, -15, -18]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -16.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.6853512081497106

Population Size = 50

Best Fitness List = [-24, -29, -29, -22, -25, -20, -25, -27, -17, -28]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -24.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.977715704047013

Population Size = 100

Best Fitness List = [-55, -45, -48, -44, -48, -49, -45, -54, -50, -53]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

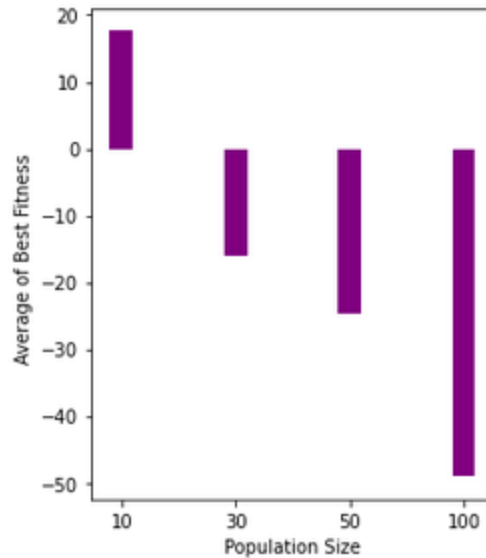
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -49.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.9001424475410014

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سائز کروموزوم



نمودار 73 - سطر اول Trap

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید زمانی که سایز مسئله کوچک می‌باشد، ما به میانگین برازندگی بهتری دست می‌یابیم. حتی همانطور که می‌بینید امکان رسیدن به برازندگی کامل هم داریم. احتمال منفی شدن برازندگی پایین‌تر است و می‌توانیم پاسخ بهینه را بیابیم.

در نمودار بالا منظور از PopulationSize، ProblemSize می‌باشد. خطای بی‌دقتی می‌باشد و به علت کمبود زمان قادر به تغییر نبوده‌ام.

### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [-6, -3, -3, -6, -4, -5, -8, -7, -7, -7]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -5.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.776388345929897

Population Size = 30

Best Fitness List = [-18, -15, -15, -19, -19, -18, -18, -22, -9, -17]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -17.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.4641016151377544

Population Size = 50

Best Fitness List = [-26, -18, -31, -23, -28, -21, -20, -22, -26, -23]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -23.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.9384147967311813

Population Size = 100

Best Fitness List = [-44, -50, -46, -46, -56, -55, -55, -55, -62, -46]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

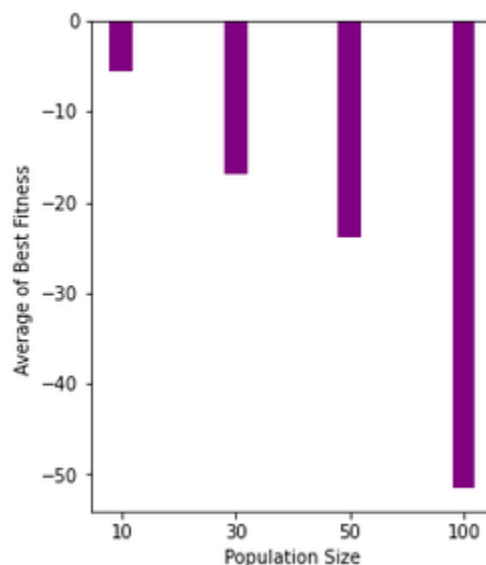
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -51.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 5.930148958219065

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



Trap نمودار 74 - سطر دوم

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید زمانی که سایز مسئله کوچک می‌باشد، ما به میانگین برازندگی بهتری دست می‌یابیم. همانطور که مشهود است با افزایش سایز مسئله احتمال پایین‌تر شدن اعداد برازندگی بیشتر می‌شود. حتی در شرایطی که عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 100 می‌باشد، در همه 4 حالت برازندگی منفی داشته‌ایم. اما این مقدار منفی بودن در سایز مسئله کوچک، کمتر از زمانی است که سایز مسئله بزرگ است.

در نمودار بالا منظور از PopulationSize، ProblemSize می باشد. خطای بی دقتی می باشد و به علت کمبود زمان قادر به تغییر نبوده ام.

#### سطر سوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می کنید. روش باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه مسئله 50 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می باشد.

PopSize = 50

Best Fitness List = [-21, -28, -27, -23, -26, -26, -23, -24, -24, -27]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: -24.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.2335820757001272

Pop Size = 100

Best Fitness List = [-27, -31, -30, -23, -23, -27, -27, -29, -24, -25]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -26.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.836272984824353

Pop Size = 200

Best Fitness List = [-25, -30, -25, -27, -21, -27, -28, -22, -25, -26]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -25.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.6749870196985173

Pop Size = 300

Best Fitness List = [-32, -25, -33, -29, -26, -23, -24, -23, -24, -22]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

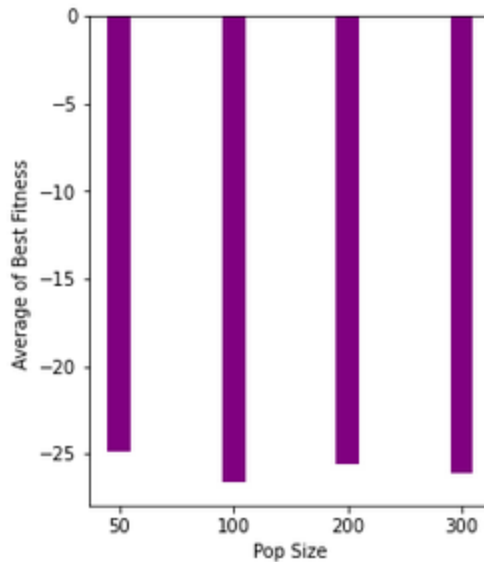
best\_fitness\_avg: -26.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.900142447541001

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت





نمودار 75 - سطر سوم *Trap*

همانطور که در نمودار بالا می‌بینید، میانگین بهترین برازندگی اندازه جمعیت در 4 مقدار عددی اندازه جمعیت، نزدیک بوده است. لذا می‌توان گفت که این عامل چندان تاثیر گذار نمی‌باشد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه مسئله 30 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [-17, -16, -17, -12, -11, -14, -14, -16, -13, -15]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: -14.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.068278940998476

Pop Size = 100

Best Fitness List = [-17, -16, -21, -14, -14, -15, -17, -14, -15, -12]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -15.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.4608038433722332

Pop Size = 200

Best Fitness List = [-17, -11, -15, -20, -17, -16, -18, -16, -12, -12]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -15.4

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.913569784454954

Pop Size = 300

Best Fitness List = [-16, -16, -14, -9, -15, -19, -16, -17, -19, -16]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

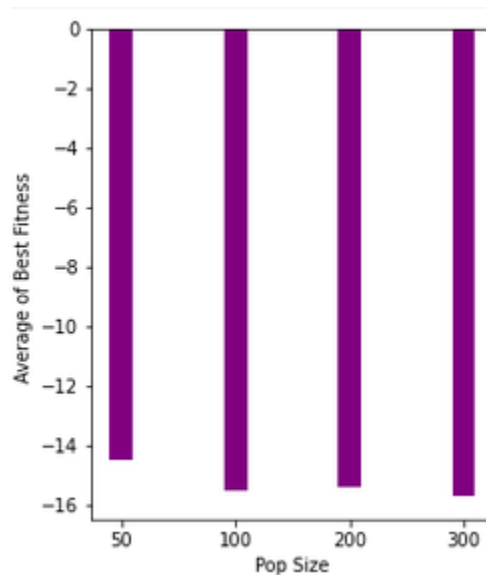
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -15.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.8303906287138374

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 76 - سطر چهارم *Trap*

همانطور که در نمودار بالا می‌بینید، میانگین بهترین برازندگی اندازه جمعیت در 4 مقدار عددی اندازه جمعیت، نزدیک بوده است. لذا می‌توان گفت که این عامل چندان تاثیر گذار نمی‌باشد.

سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال  $P_c$  را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

$P_c = 0.5$

Best Fitness List = [-3, -5, -4, -3, -2, -1, 20, 20, 20, 20]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 9050.0

best\_fitness\_avg: 6.2

Fitness\_count\_stdv: 7745.966692414834

best\_fitness\_stdv: 11.923832344417535

$P_c = 0.7$

Best Fitness List = [20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 20.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_c = 0.9$

Best Fitness List = [20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 20.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

$P_c = 1$

Best Fitness List = [20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

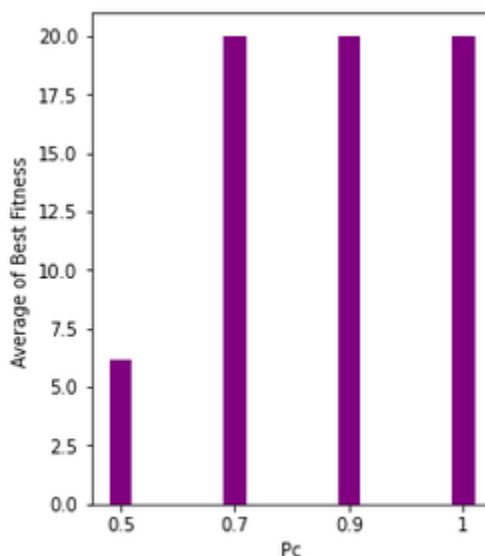
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 20.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب



نمودار 77 - سطر پنجم *Trap*

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که افزایش احتمال باز ترکیب می‌تواند تاثیرگذار باشد. حتی در شرایطی که عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد، با افزایش مقدار احتمال باز ترکیب می‌توانیم به بهترین پاسخ ممکن دست یابیم. این به این معنی است که از آنجایی که تابع *Peak* نیز دخیل است، توانسته‌ایم با افزایش مقدار *Pc* به بهترین کروموزوم دست یابیم. در سطر بعد خواهید دید که با تغییر سایر پارامترها نتوانسته‌ایم به بهترین پاسخ دست یابیم. لذا می‌توان گفت عوامل دیگری نیز برای رسیدن به بهترین پاسخ دخیل هستند.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال باز ترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش

انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می باشد.

Best Fitness List = [-27, -25, -23, -24, -28, -18, -26, -19, -26, -27]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -24.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.4009802508492557

Pc = 0.7

Best Fitness List = [-27, -22, -23, -22, -29, -26, -23, -31, -19, -19]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -24.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.04007700696685

Pc = 0.9

Best Fitness List = [-28, -26, -28, -23, -29, -26, -24, -24, -29, -32]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -26.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.8067379246694513

Pc = 1

Best Fitness List = [-26, -25, -21, -26, -19, -22, -28, -25, -29, -22]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

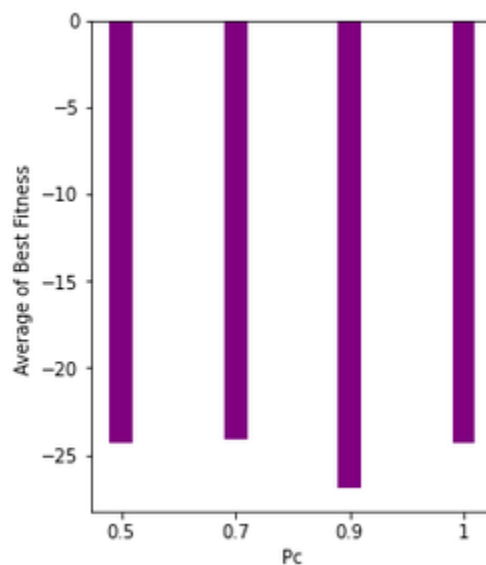
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -24.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.1989581637360205

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pc



نمودار 78 - سطر ششم Trap

در نمودار بالا مشاهده می‌کنید که در شرایطی که عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد، احتمال بازترکیب چندان موثر نیست. رسیدن به کروموزوم بهینه امکانپذیر نبوده و برازندگی‌ها منفی شده‌اند.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین و انحراف معیار بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 10، 30، 50 و 100 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [-53, -50, -39, -44, -44, -50, -55, -64, -50, -44]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -49.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 7.10320741324337

$P_m = 0.1$

Best Fitness List = [-59, -47, -55, -43, -50, -51, -51, -49, -53, -57]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -51.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.743416490252569



Pm = 0.3

Best Fitness List = [-49, -46, -49, -45, -44, -43, -51, -47, -51, -47]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -47.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.780887148615228

Pm = 0.5

Best Fitness List = [-61, -52, -48, -52, -45, -47, -54, -41, -45, -49]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

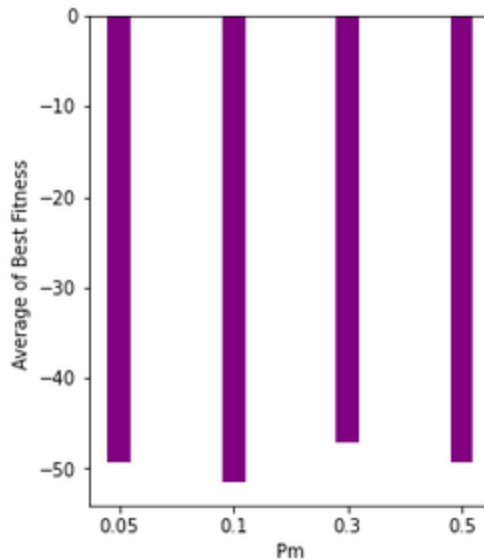
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: -49.4

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 5.641118880348315

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس Pm



نمودار 79 - سطر هفتم *Trap*

نمودار بالا نشان می‌دهد که میانگین بهترین برازندگی در 4 مقدار احتمال جهش ما را به بهترین برازندگی نرسانده و برازندگی منفی شده است. این 4 میانگین نزدیک به یکدیگر هستند و این نشان می‌دهد عامل جهش چندان موثر نمی‌باشد.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [-15, -17, -16, -12, -13, -15, -16, -18, -16, -13]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -15.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.911950719959998

Pm = 0.1

Best Fitness List = [-12, -15, -12, -17, -15, -13, -17, -15, -16, -15]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -14.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.8287822299126937

Pm = 0.3

Best Fitness List = [-13, -17, -15, -12, -10, -19, -15, -18, -9, -14]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -14.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.2930904093942583

Pm = 0.5

Best Fitness List = [-14, -17, -17, -20, -19, -18, -11, -17, -10, -19]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

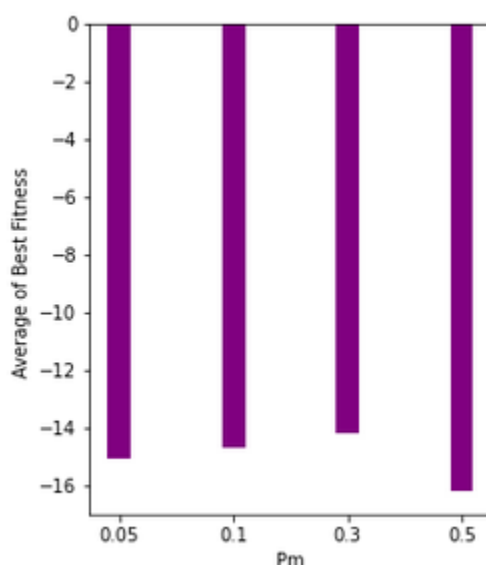
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: -16.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.4253953543107007

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 80 - سطر هشتم *Trap*

نمودار بالا نشان می‌دهد که میانگین بهترین برازندگی در 4 مقدار احتمال جهش ما را به بهترین برازندگی نرسانده و برازندگی منفی شده است. این 4 میانگین نزدیک به یکدیگر هستند و این نشان می‌دهد عامل جهش چندان موثر نمی‌باشد.

درواقع اگر بخواهیم برازندگی خوبی داشته باشیم باید بخش دوم فرمول که OneMax می‌باشد کاهش یابد. لذا باید تعداد 1 های کروموزوم کمتر باشند.

از آنجایی که میانگین‌ها در سطر قبل نیز مقادیری شبیه به این سطر را داشته است می‌توان گفت که این عامل چندان موثر نمی‌باشد.

*سطر نهم*

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب

رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [-4, -4, -3, 20, 20, 20, 20, 20, 20]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

Fitness\_count\_avg: 4550.0

best\_fitness\_avg: 12.9

Fitness\_count\_stdv: 7245.688373094719

best\_fitness\_stdv: 11.435325385255403

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20]

Count Fitness List = [50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50, 50]

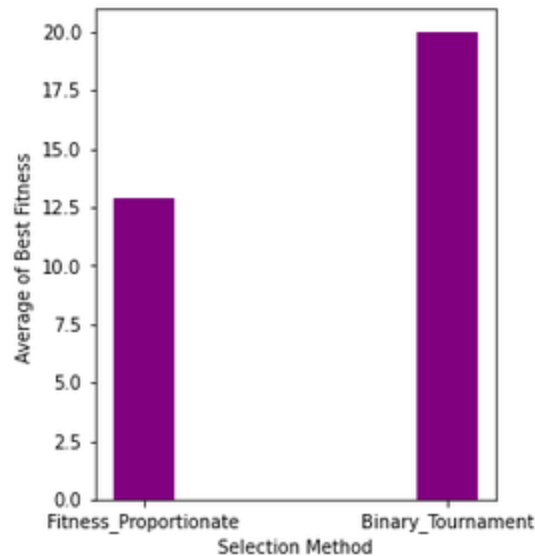
Fitness\_count\_avg: 50.0

best\_fitness\_avg: 20.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 81 - سطر نهم *Trap*

در این نمودار می‌بینیم که هر دو نمودار توانسته است ما را به بهترین برازندگی برساند. اما به طور متوسط تابع رقابت دودویی بهتر عمل کرده است لذا می‌توان گفت که استفاده از این تابع در شرایطی که عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 10 می‌باشد، رسیدن به بهترین برازندگی از هر دو روش انتخاب ممکن است اما روش رقابت دودویی تضمین شده می‌باشد.

#### سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد.

Selecion Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [-27, -28, -27, -26, -26, -22, -28, -21, -28, -28]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -26.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.5582111805799856

Selecion Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [-28, -29, -23, -24, -26, -29, -20, -30, -24, -26]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

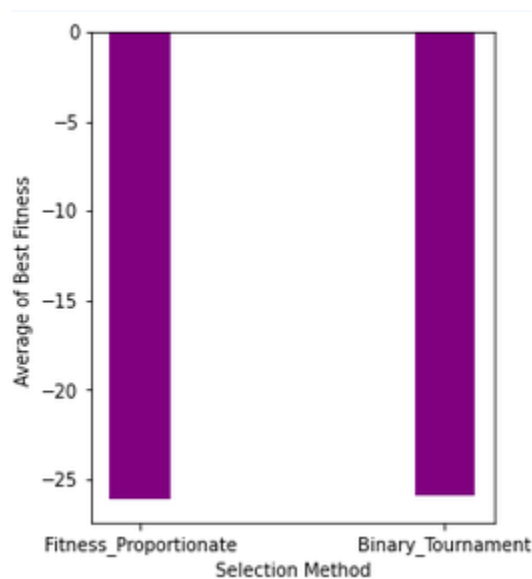
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -25.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 3.1780497164141406

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 82 - سطر دهم *Trap*

در نمودار بالا می‌بینیم که در شرایطی که عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، احتمال جهش 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 50 می‌باشد، نتوانسته‌ایم به بهترین برازندگی دست یابیم. با

پارامترهای این سطر و تابع Trap تفاوتی ندارد که از کدام نمودار استفاده کنیم. در هر دو صورت مقدار بهترین برازندگی منفی بوده است.

#### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 100 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [-50, -46, -46, -52, -51, -54, -40, -53, -39, -48]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: -47.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 5.195083145522205

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [-51, -46, -50, -49, -47, -49, -43, -52, -55, -59]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

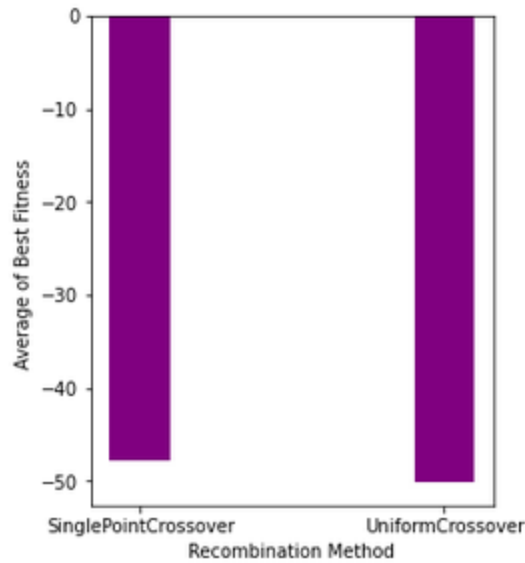
best\_fitness\_avg: -50.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 4.557045826702499

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم





نمودار 83 - سطر یازدهم *Trap*

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که روش بازترکیب چندان موثر نمی‌باشد. به عبارتی در هر دو حالت رسیدن به بهترین پاسخ امکان پذیر نبوده است. البته این موضوع بستگی به پارامترهای دیگر نیز دارد. اما با شرایط این سطر از جدول استفاده از تابع تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد. هرچند تفاوت بسیار زیادی هم ندارد.

#### سطر دوازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 0.9، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 30 می‌باشد.

Recombination Method = function SinglePointCrossover

Best Fitness List = [-15, -13, -17, -18, -16, -13, -17, -9, -12, -11]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: -14.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.960855732160327

Recombination Method = function UniformCrossover

Best Fitness List = [-16, -17, -17, -16, -17, -13, -16, -21, -16, -17]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

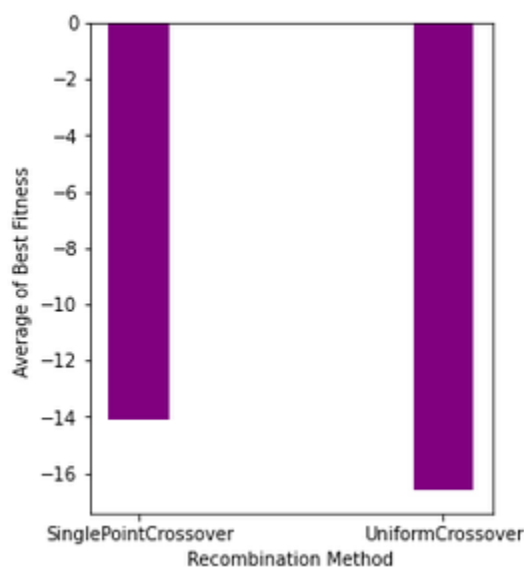
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: -16.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.9550504398153574

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 84 - سطر دوازدهم *Trap*

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که روش بازترکیب چندان موثر نمی‌باشد. به عبارتی در هر دو حالت رسیدن به بهترین پاسخ امکان پذیر نبوده است. البته این موضوع بستگی به پارامترهای دیگر نیز دارد. اما با شرایط این سطر از جدول استفاده از تابع تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد. هرچند تفاوت بسیار زیادی هم ندارد. در مقایسه با سطر قبلی می‌توان این نکته که تابع تقطیع تک نقطه‌ای بهتر می‌باشد را تایید کرد.

### بخش عددی

در این بخش توابع برازندگی متفاوت هستند. مقدار بالاترین برازندگی برای هر تابع مشخص می‌باشد. بازه عددی ژن‌ها در محدوده [0,9] می‌باشد.

در ادامه تاثیر تغییر مقدار هر متغیر را در شرایطی که یکی از عوامل مقادیر ثابتی دارد بررسی می‌کنیم.

### تابع برازندگی اول

در این تابع برازندگی، چنانچه ما مقداری متفاوت از کلیدواژه داشته باشیم مقدار برازندگی 0 می‌باشد. تنها در حالتی که ژن ما با مقدار کلیدواژه برابر باشد تابع مقدار برازندگی 1 را خواهد داشت. لذا بالاترین مقدار برازندگی 1 می‌باشد. در ادامه این تابع برازندگی را با مقادیر جدول 3 بررسی می‌کنیم.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 5، 7، 10 و 15 می‌باشد.

Population Size = 5

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 7

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 10

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 15

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

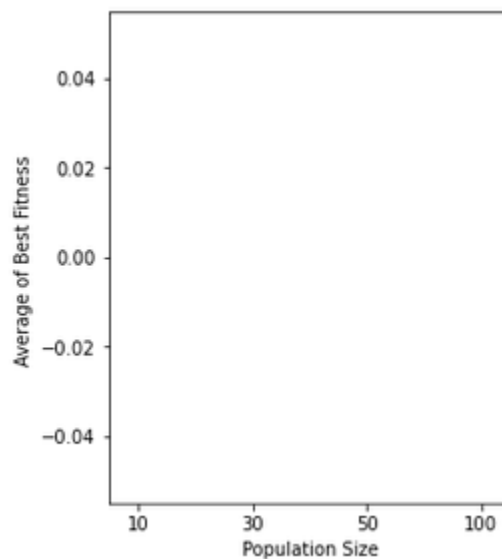
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 85- سطر اول F1

اینکه نتوانسته باشیم کلیدواژه را بیابیم امری عادی می‌باشد. این نمودار نشان می‌دهد که اندازه مسئله در رسیدن به بهترین برازندگی دخیل نمی‌باشد. چراکه به طور کلی داشتن یک کروموزوم خاص در یک جمعیت بسیار شانس پایینی دارد.

محور x نمودار به اشتباه برچسب گذاشته شده است. به علت بی دقتی این برچسب به جای ProblemSize، popultionSize نوشته شده است که اشتباه می‌باشد. اما فقط برچسب گذاری اشتباه بوده است و منظور ProblemSize می‌باشد.

### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 5، 7، 10 و 15 می‌باشد.

Population Size = 5

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 7

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 10

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Population Size = 15

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

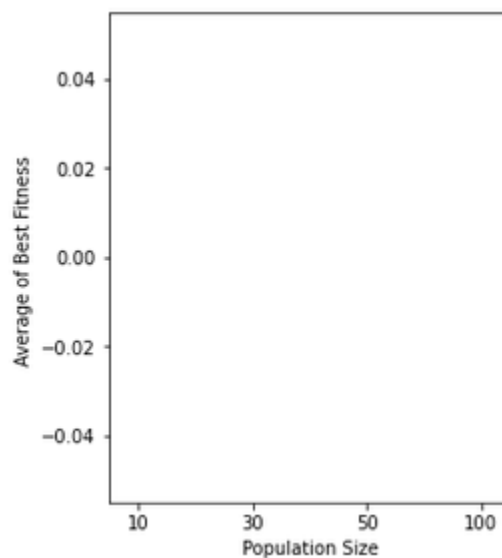
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 86- سطر دوم F1

این نمودار نشان می‌دهد که اندازه مسئله در رسیدن به بهترین برازندگی دخیل نمی‌باشد. چراکه به طور کلی داشتن یک کروموزوم خاص در یک جمعیت بسیار شانس پائینی دارد. و اینکه نتوانسته باشیم کلیدواژه را بیابیم امری عادی می‌باشد.

محور X نمودار به اشتباه برچسب گذاشته شده است. به علت بی دقتی این برچسب به جای ProblemSize، popultionSize نوشته شده است که اشتباه می باشد. اما فقط برچسب گذاری اشتباه بوده است و منظور ProblemSize می باشد.

#### سطر سوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزومها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیستهای بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می کنید. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 0.5، اندازه مسئله 5 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می باشد.

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

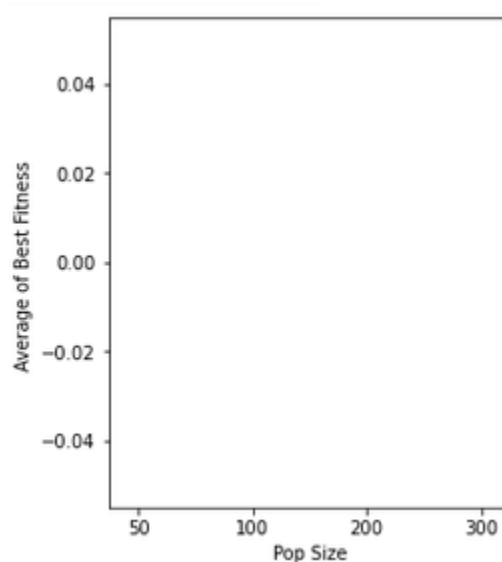
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 87 - سطر سوم F1

نرسیدن به کلیدواژه به علت تنوع ژن‌ها و انتخاب رندوم می‌باشد. لذا طبیعی است که نتوانیم حتی با افزایش جمعیت کلیدواژه را بیابیم. در نتیجه طبیعتاً همه کروموزوم‌ها مقدار برازندگی 0 دارند و میانگین 0 می‌شود. لذا با توجه به نمودار بالا نیز می‌توان گفت افزایش جمعیت کروموزوم‌ها با اینکه احتمال حضور کروموزوم‌های بیشتر و حتی یافتن پاسخ مسئله را افزایش می‌دهد، اما به تنهایی نمی‌تواند تضمین کننده یافتن کلیدواژه باشد. منظور از Population Size، PopSize می‌باشد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای،



روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 1، اندازه مسئله 15 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می باشد.

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pop Size = 300

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

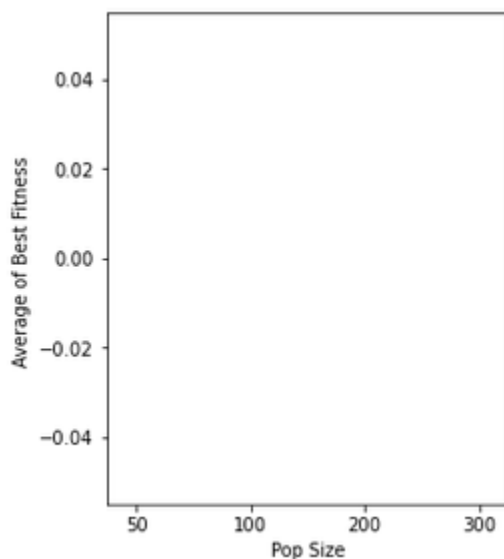
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 88 - سطر چهارم F1

نرسیدن به کلیدواژه به علت تنوع ژن‌ها و انتخاب رندوم می‌باشد. لذا طبیعی است که نتوانیم حتی با افزایش جمعیت کلیدواژه را بیابیم. در نتیجه طبیعتاً همه کروموزوم‌ها مقدار برازندگی 0 دارند و میانگین 0 می‌شود. لذا با توجه به نمودار بالا نیز می‌توان گفت افزایش جمعیت کروموزوم‌ها با اینکه احتمال حضور کروموزوم‌های بیشتر و حتی یافتن پاسخ مسئله را افزایش می‌دهد، اما به تنهایی نمی‌تواند تضمین کننده یافتن کلیدواژه باشد. منظور از PopSize، Population Size می‌باشد.

سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال Pc را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، اندازه جمعیت 200 و اندازه مسئله 10 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

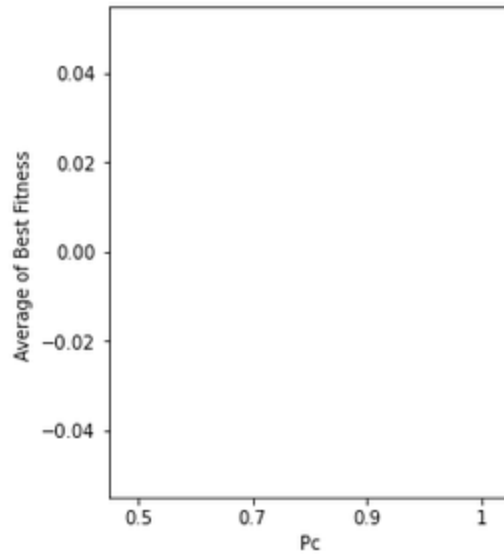
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.7  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب



نمودار 89 - سطر پنجم F1

در نمودار این سطر نیز نشان می‌دهد، میانگین تمام برازندگی‌ها صفر می‌باشد. این امر به این دلیل است که ما نتوانستیم در طی 300 نسل کروموزومی را تولید کنیم که با کلیدواژه برابر باشد. لذا بقیه مسائل که برازندگی 0 داشتند انتخاب شدند. به این ترتیب میانگین 0 شده است. نرسیدن به کلیدواژه به علت تنوع ژن‌ها و انتخاب رندوم می‌باشد. لذا طبیعی است که نتوانیم حتی با افزایش احتمال بازترکیب کلیدواژه را بیابیم.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 5 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

$P_c = 0.5$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.7

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 0.9

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Pc = 1

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

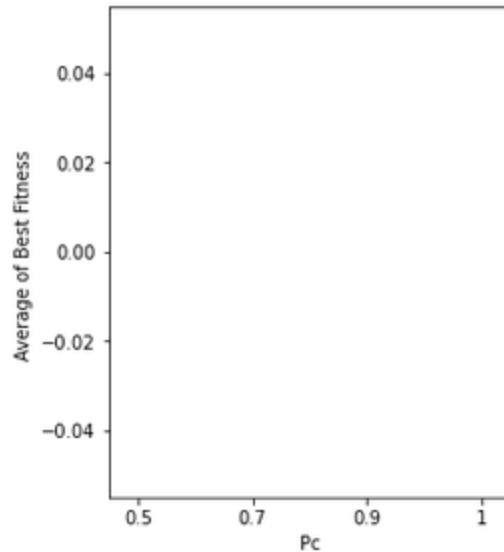
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب



نمودار 90 - سطر ششم F1

در نمودار این سطر نیز نشان می‌دهد، میانگین تمام برازندگی‌ها صفر می‌باشد. این امر به این دلیل است که ما نتوانستیم در طی 300 نسل کروموزومی را تولید کنیم که با کلیدواژه برابر باشد. لذا بقیه مسائل که برازندگی 0 داشتند انتخاب شدند. به این ترتیب میانگین 0 شده است. نرسیدن به کلیدواژه به علت تنوع ژن‌ها و انتخاب رندوم می‌باشد. لذا طبیعی است که نتوانیم حتی با افزایش احتمال بازترکیب کلیدواژه را بیابیم. در مقایسه با سطر قبل نیز که پارامتر احتمال بازترکیب ثابت بوده است و بقیه عوامل نسبت به این سطر تغییر کرده‌اند، می‌توان گفت که تنوع کروموزوم‌ها مانع از تشکیل پاسخ بهینه شده است.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش  $P_m$  را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.5، 0.3، 0.1 و 0.05، احتمال بازترکیب 0.9، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله 7 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

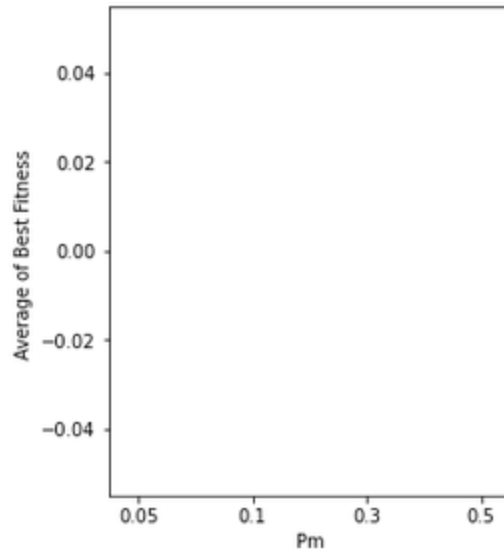
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.1  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.3  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.5  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال جهش



نمودار 91 - سطر هفتم F1

در نمودار این سطر نیز نشان می‌دهد، میانگین تمام برازندگی‌ها صفر می‌باشد. این امر به این دلیل است که ما نتوانستیم در طی 300 نسل کروموزومی را تولید کنیم که با کلیدواژه برابر باشد. لذا میانگین 0 شده است. نرسیدن به کلیدواژه به علت تنوع ژن‌ها و انتخاب رندوم می‌باشد. لذا طبیعی است که نتوانیم حتی با افزایش احتمال جهش کلیدواژه را بیابیم.

در مقایسه با سطر قبل نیز که پارامتر احتمال جهش ثابت بوده است و بقیه عوامل نسبت به این سطر تغییر کرده‌اند، می‌توان گفت که تنوع کروموزوم‌ها مانع از تشکیل پاسخ بهینه شده است.

لذا می‌توان گفت که یکتایی پاسخ بهینه برازندگی 0 را نتیجه می‌دهد. چراکه اصلاً یافت نمی‌شود.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 15 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0



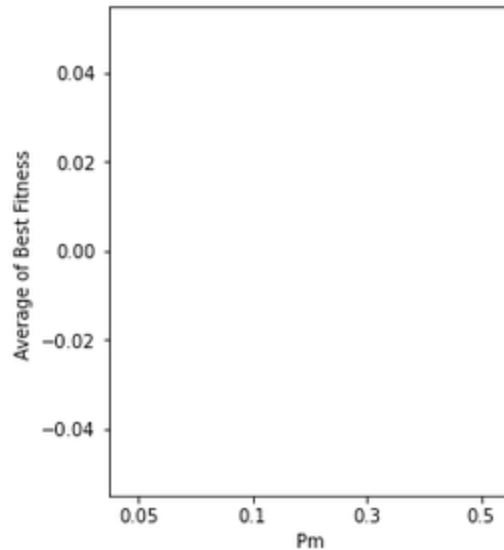
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.1  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.3  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

Pm = 0.5  
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]  
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
Fitness\_count\_avg: 90300.0  
best\_fitness\_avg: 0.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 92 - سطر هشتم F1

در نمودار این سطر نیز نشان می‌دهد، میانگین تمام برازندگی‌ها صفر می‌باشد. این امر به این دلیل است که ما نتوانستیم در طی 300 نسل کروموزومی را تولید کنیم که با کلیدواژه برابر باشد. لذا میانگین 0 شده است. نرسیدن به کلیدواژه به علت تنوع ژن‌ها و انتخاب رندوم می‌باشد. لذا طبیعی است که نتوانیم حتی با افزایش احتمال جهش کلیدواژه را بیابیم.

در مقایسه با سطر قبل نیز که پارامتر احتمال جهش ثابت بوده است و بقیه عوامل نسبت به این سطر تغییر کرده‌اند، می‌توان گفت که تنوع کروموزوم‌ها مانع از تشکیل پاسخ بهینه شده است. لذا می‌توان گفت که یکتایی پاسخ بهینه برازندگی 0 را نتیجه می‌دهد. چراکه اصلاً یافت نمی‌شود.

#### سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

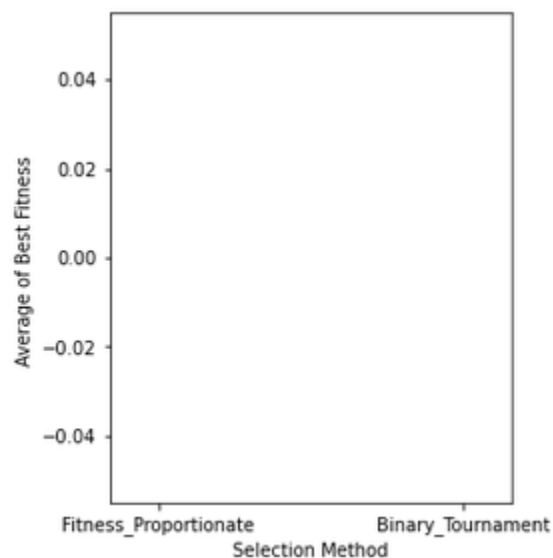
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 93 - سطر نهم  $F1$

این نمودار نشان می‌دهد که رسیدن به پاسخ بهینه ربطی به روش انتخاب والدین ندارد. یکتایی کلیدواژه و تنوع بالای کروموزوم‌ها باعث می‌شود که شانس ساختن پاسخ بهینه در طی 300 نسل و 10 اجرا وجود نداشته باشد. لذا طبیعی است که نمودار مقدار 0 را نمایش دهد.

بنابراین در شرایط یکتایی کلیدواژه و حتی غیرقابل قبول بودن کروموزوم‌هایی که شباهت زیادی به کلیدواژه دارند، باعث می‌شود عواملی چون روش انتخاب چندان تاثیرگذار نباشند. یا حتی اگر در ساختن کروموزومی شبیه به کلیدواژه دست دارند، نتوانند کروموزومی دقیقاً مانند کلیدواژه را بسازند.

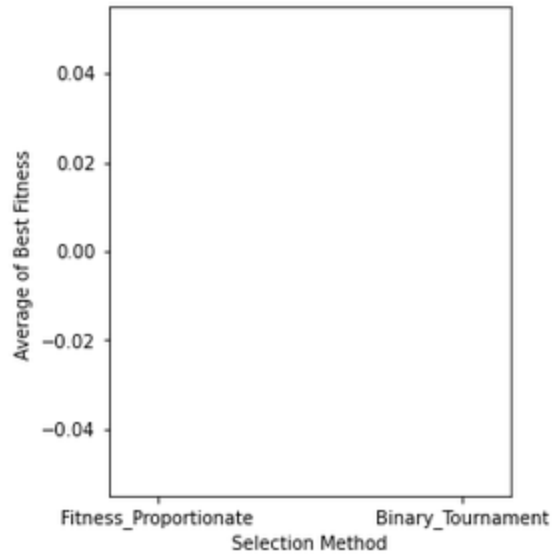
#### سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 7 می‌باشد.

```
Selection Method = function Fitness_Proportionate
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]
Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]
Fitness_count_avg: 15050.0
best_fitness_avg: 0.0
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 0.0
```

```
Selection Method = function Binary_Tournament
Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]
Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]
Fitness_count_avg: 15050.0
best_fitness_avg: 0.0
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 0.0
```

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب والدین



نمودار 94 - سطر دهم F1

این نمودار نشان می‌دهد که رسیدن به پاسخ بهینه ربطی به روش انتخاب والدین ندارد. یکتایی کلیدواژه و تنوع بالای کروموزوم‌ها باعث می‌شود که شانس ساختن پاسخ بهینه در طی 300 نسل و 10 اجرا وجود نداشته باشد. لذا طبیعی است که نمودار مقدار 0 را نمایش دهد.

بنابراین در شرایط یکتایی کلیدواژه و حتی غیرقابل قبول بودن کروموزوم‌هایی که شباهت زیادی به کلیدواژه دارند، باعث می‌شود عواملی چون روش انتخاب چندان تاثیرگذار نباشند. یا حتی اگر در ساختن کروموزومی شبیه به کلیدواژه دست دارند، نتوانند کروموزومی دقیقاً مانند کلیدواژه را بسازند.

#### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 7 می‌باشد.

Recombination Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Recombination Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

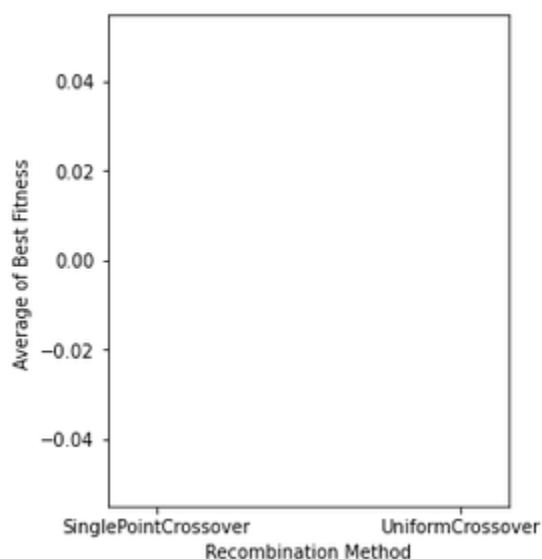
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 95 - سطر یازدهم F1

سطر دوازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 5 می‌باشد.

Recombination Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

Recombination Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

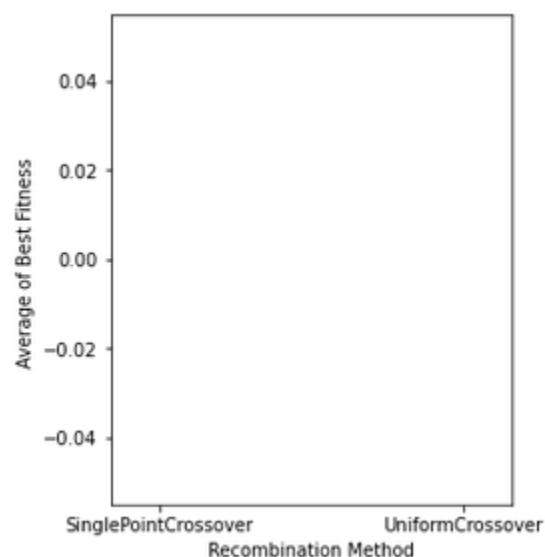
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.0

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 96 - سطر دوازدهم  $F1$

تابع برازندگی دوم

این تابع هر رقم از گذرواژه را به صورت جداگانه مورد بررسی قرار می‌دهد. اگر یک رقم با رقم متناظر در گذرواژه اصلی یکسان باشد، امتیاز 1 و در غیر این صورت امتیاز 0 می‌گیرد. در نهایت مقدار برازندگی کل رشته از مجموع امتیاز تمام ارقام آن به دست می‌آید.

در ادامه تاثیر این تابع را بر روی سطرهای جدول 3 بررسی می‌کنیم.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 5، 7، 10 و 15 می‌باشد.

Population Size = 5

Best Fitness List = [1, 1, 2, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 1]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.4714045207910317

Population Size = 7

Best Fitness List = [2, 1, 0, 1, 1, 2, 1, 2, 1, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.6749485577105528

Population Size = 10

Best Fitness List = [1, 2, 2, 2, 1, 2, 1, 1, 0, 3]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.8498365855987975



Population Size = 15

Best Fitness List = [5, 2, 5, 2, 5, 4, 3, 4, 5, 3]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

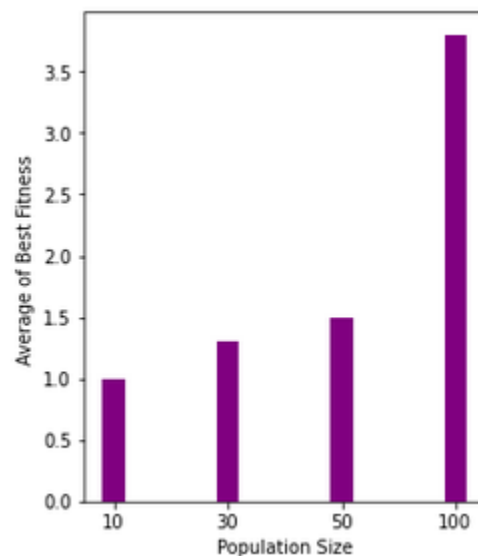
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 3.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2292725943057183

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 97 - سطر یکم F2

این نمودار نشان می‌دهد که تاثیر افزایش سایز مسئله بسیار زیاد می‌باشد. به گونه‌ای که چنانچه سایز مسئله را به 100 افزایش دهیم، برازندگی بهتری را خواهیم داشت. می‌توانیم هنگام برخورد با چنین مسائلی با افزایش طول رشته برازندگی را افزایش دهیم.

محور X نمودار به اشتباه برچسب گذاشته شده است. به علت بی دقتی این برچسب به جای ProblemSize، popultionSize نوشته شده است که اشتباه می‌باشد. اما فقط برچسب گذاری اشتباه بوده است و منظور ProblemSize می‌باشد.

سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند.

عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 5، 7، 10 و 15 می باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [2, 2, 1, 0, 2, 2, 0, 0, 0, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9944289260117533

Population Size = 10

Best Fitness List = [2, 1, 1, 2, 1, 1, 2, 2, 1, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.5270462766947299

Population Size = 10

Best Fitness List = [3, 1, 3, 1, 3, 4, 2, 3, 3, 3]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9660917830792959

Population Size = 10

Best Fitness List = [3, 2, 1, 2, 3, 3, 5, 3, 4, 4]

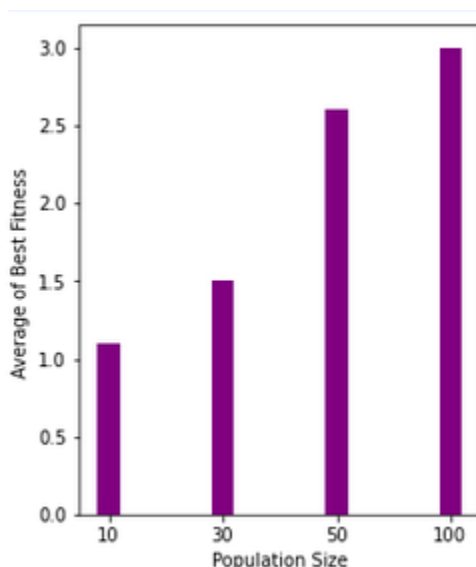
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 3.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.1547005383792515

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 98 - سطر دوم F2

در نمودار بالا می‌بینید که با افزایش طول کروموزوم مقدار برازندگی هم افزایش یافته است. این موضوع به این علت است که ژن‌هایی بیشتری حضور دارند و حتی این ژن‌ها این شانس را دارند که با همان شماره ژن در کلیدواژه برابر باشند و در نتیجه مقدار برازندگی را افزایش دهند. لذا افزایش اندازه مسئله تاثیرگذار است.

در این نمودار محور x برچسب ProblemSize می‌گیرد. اما به علت بی‌دقتی در نمایش نمودار اشتباهی PopulationSize نوشته شده است. به علت کمبود زمان قادر به تعویض آن نبودهام.

### سطر سوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه مسئله 5 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [1, 0, 1, 1, 1, 1, 2, 0, 2, 2]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.7378647873726218

Pop Size = 100

Best Fitness List = [1, 1, 1, 2, 2, 1, 0, 2, 0, 0]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.816496580927726

Pop Size = 200

Best Fitness List = [2, 1, 2, 1, 2, 1, 0, 1, 1, 0]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.7378647873726218

Pop Size = 300

Best Fitness List = [1, 1, 2, 0, 0, 1, 0, 0, 2, 1]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

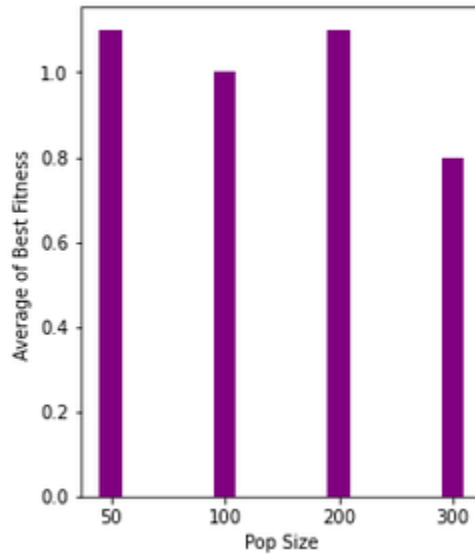
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.7888106377466155

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 99 - سطر سوم F2

در این نمودار مشاهده می‌شود که اندازه جمعیت تاثیر چندان زیادی نداشته است. البته درست است که وقتی اندازه جمعیت زیاد می‌شود به علت تعدد کروموزوم‌ها شانس حضور کروموزوم کلیدواژه یا حتی کروموزومی شبیه به کلیدواژه افزایش می‌یابد، اما باید در نظر داشت که الزاما بهترین کروموزوم‌ها حضور نخواهند یافت. لذا نمی‌توان بر روی تاثیر اندازه جمعیت نظر قطعی داد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 1، اندازه مسئله 15 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [4, 4, 2, 4, 2, 4, 2, 1, 1, 5]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 2.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.449137674618944

Pop Size = 100

Best Fitness List = [2, 4, 2, 1, 3, 3, 2, 2, 1, 2]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 2.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9189365834726815

Pop Size = 200

Best Fitness List = [4, 3, 1, 5, 3, 3, 4, 3, 3, 3]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 3.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.0327955589886444

Pop Size = 300

Best Fitness List = [2, 3, 6, 1, 3, 4, 5, 4, 3, 4]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

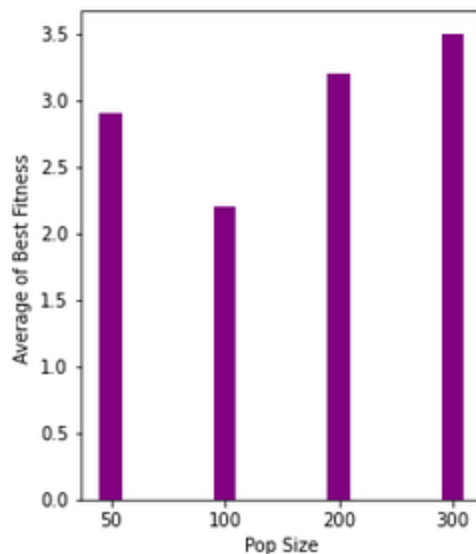
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 3.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.4337208778404378

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 100 - سطر چهارم F2

در این نمودار مشاهده می‌شود که اندازه جمعیت تاثیر چندان زیادی نداشته است. چراکه میانگین بهترین برازندگی در 4 مقدار اندازه جمعیت نزدیک به یکدیگر است. البته وقتی اندازه جمعیت زیاد می‌شود به علت تعدد کروموزوم‌ها شانس حضور کروموزوم کلیدواژه یا حتی کروموزومی شبیه به کلیدواژه افزایش می‌یابد، اما باید در نظر داشت که الزاما بهترین کروموزوم‌ها حضور نخواهند یافت. در شرایطی که عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال باز ترکیب 1، اندازه مسئله 15 می‌باشد، بالا رفتن اندازه جمعیت میانگین بهترین برازندگی را افزایش داده است.

#### سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال Pc را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، اندازه جمعیت 200 و اندازه مسئله 10 و احتمال باز ترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [2, 0, 2, 2, 3, 3, 3, 1, 3, 3]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.2  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.0327955589886444

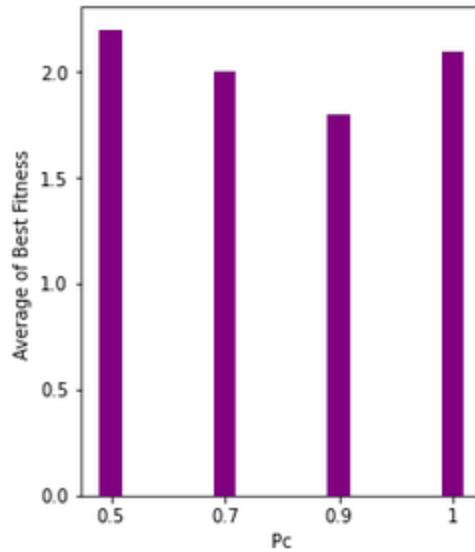
Pc = 0.7  
Best Fitness List = [3, 2, 3, 0, 2, 2, 2, 2, 2, 2]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 2.0  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.816496580927726

Pc = 0.9  
Best Fitness List = [2, 0, 3, 2, 1, 1, 3, 1, 3, 2]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 1.8  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.0327955589886444

Pc = 1  
Best Fitness List = [2, 1, 2, 2, 3, 3, 3, 2, 1, 2]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 2.1  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 0.7378647873726218

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس PC





نمودار 101 - سطر پنجم F2

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که احتمال بازترکیب تاثیرچندانی در رسیدن به بهترین پاسخ ندارد و همانطور که می‌بینید مقدار میانگین‌ها به یکدیگر نزدیک می‌باشند.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 5 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [0, 1, 1, 1, 2, 1, 2, 1, 1, 2]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.6324555320336759

Pc = 0.7

Best Fitness List = [1, 2, 1, 1, 0, 2, 0, 0, 1, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.7888106377466155

Pc = 0.9

Best Fitness List = [0, 1, 2, 1, 1, 0, 1, 0, 2, 1]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 0.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.7378647873726218

Pc = 1

Best Fitness List = [1, 0, 1, 2, 1, 1, 1, 2, 0, 2]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

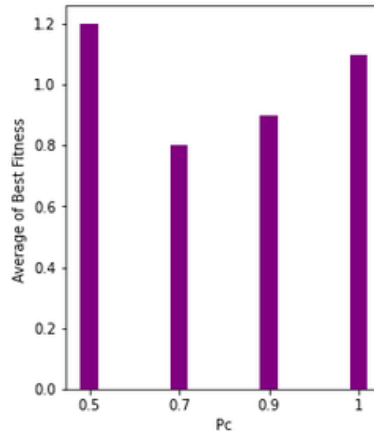
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.7378647873726218

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سائز کروموزوم



نمودار 102 - سطر ششم F2

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که احتمال بازترکیب تاثیرچندانی در رسیدن به بهترین پاسخ ندارد و همانطور که می‌بینید مقدار میانگین‌ها به یکدیگر نزدیک می‌باشند. البته در شرایطی که عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 5 می‌باشد، بهتر است از مقدار احتمال بازترکیب 0.5 استفاده شود.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش Pm را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.5، 0.3، 0.1 و 0.05، احتمال بازترکیب 0.9، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله 7 می‌باشد.

Pm = 0.05

Best Fitness List = [2, 2, 2, 2, 1, 2, 3, 2, 2, 3]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 2.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.5676462121975467

Pm = 0.1

Best Fitness List = [2, 1, 0, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.6749485577105528

Pm = 0.3

Best Fitness List = [2, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 2, 2, 2]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.6749485577105528

Pm = 0.5

Best Fitness List = [2, 2, 1, 0, 1, 1, 0, 2, 1, 1]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

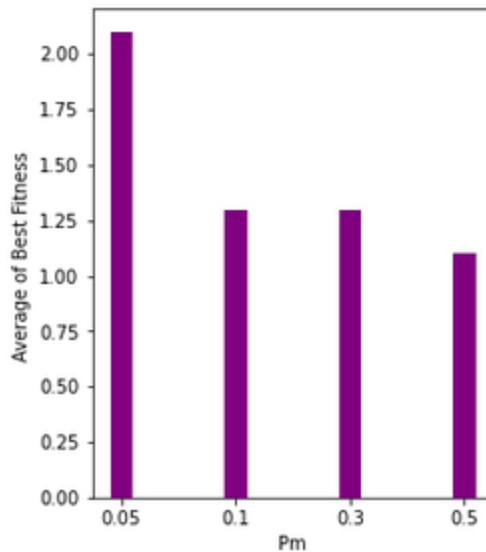
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 1.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.7378647873726218

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال جهش



نمودار 103 - سطر هفتم F2

نمودار بالا نشان می‌دهد که اگر احتمال جهش کم باشد، به به میانگین برازندگی بالاتری می‌رسیم. لذا توصیه می‌شود از میانگین برازندگی پایین‌تری استفاده شود.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 15 می‌باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [6, 1, 4, 2, 4, 3, 5, 3, 6, 4]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 3.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.6193277068654826

$P_m = 0.1$

Best Fitness List = [2, 4, 4, 3, 2, 4, 2, 1, 3, 3]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.0327955589886444

Pm = 0.3

Best Fitness List = [2, 2, 2, 2, 2, 0, 3, 3, 4, 1]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 2.1

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.1005049346146119

Pm = 0.5

Best Fitness List = [2, 2, 4, 4, 4, 4, 3, 2, 3, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

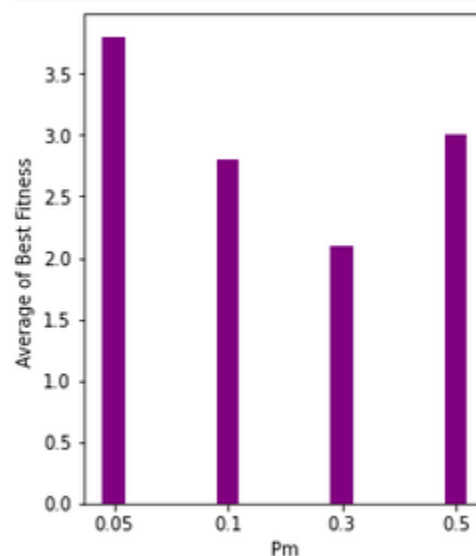
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 3.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9428090415820634

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال جهش



## نمودار 104 - سطر هشتم F2

نمودار بالا نشان می‌دهد که اگر احتمال جهش کم باشد، به به میانگین برازندگی بالاتری می‌رسیم. لذا توصیه می‌شود از میانگین برازندگی پایین‌تری استفاده شود.

### سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 0.7، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 10 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [2, 2, 3, 0, 1, 2, 2, 1, 1, 3]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9486832980505138

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [0, 3, 2, 1, 0, 4, 2, 1, 3, 1]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

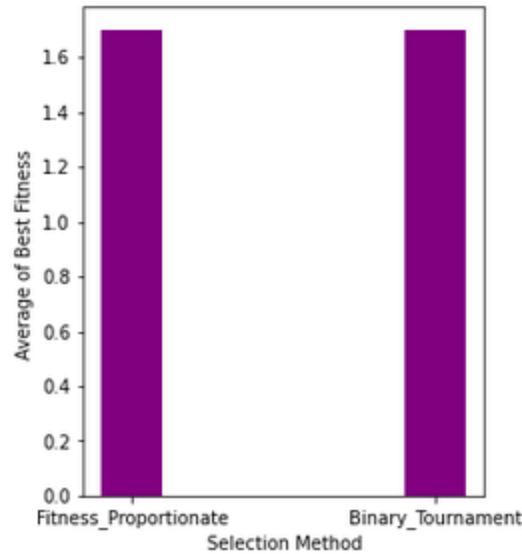
Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 1.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.3374935098492586

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 105 - سطر نهم F2

نمودار بالا نشان می‌دهد که تفاوتی ندارد از کدام روش انتخاب استفاده کنید. در هر دو صورت ما به علت تنوع ژن‌ها به بهترین برازندگی نرسیده‌ایم. در هر دو روش نیز میانگین‌ها شباهت بالایی دارند.

#### سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 7 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [2, 2, 1, 1, 3, 1, 2, 2, 1, 1]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.699205898780101

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [3, 1, 2, 3, 1, 1, 2, 2, 1, 1]



Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

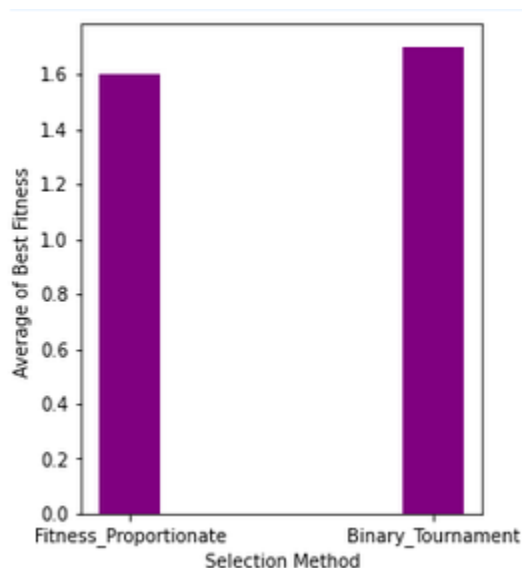
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.8232726023485646

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 106 - سطر دهم F2

نمودار بالا نشان می‌دهد که تفاوتی ندارد از کدام روش انتخاب استفاده کنید. در هر دو صورت ما به علت تنوع ژن‌ها به بهترین برازندگی نرسیده‌ایم. در هر دو روش نیز میانگین‌ها شباهت نزدیکی دارند. اما با شرایط سطر دهم جدول سه اگر از روش رقابت دودویی استفاده کنیم بهتر می‌باشد.

سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش باز ترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 7 می‌باشد.

Recombination Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [3, 1, 1, 3, 2, 2, 1, 1, 0, 2]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9660917830792959

Recombination Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [1, 2, 2, 2, 2, 2, 3, 1, 1, 0]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

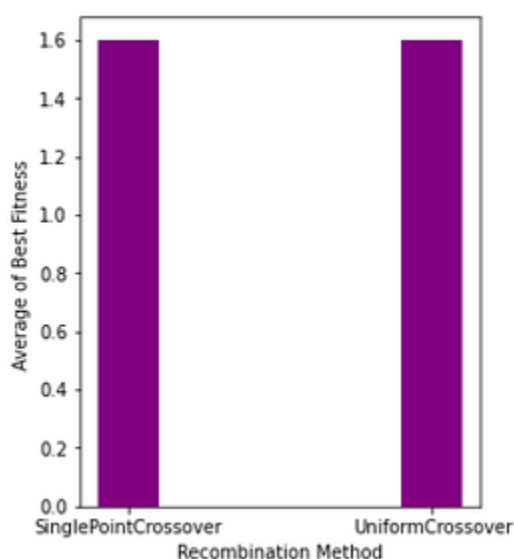
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 1.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.8432740427115678

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 107 - سطر یازدهم F2

نمودار بالا نشان می‌دهد که تفاوتی ندارد از کدام روش بازترکیب استفاده کنید. در هر دو صورت ما به علت تنوع ژن‌ها به بهترین برازندگی نرسیده‌ایم. در هر دو روش نیز میانگین‌ها شباهت بالایی دارند.

سطر دوازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه

میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 5 می‌باشد.

Recombination Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [1, 2, 1, 1, 0, 1, 2, 0, 0, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 1.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.816496580927726

Recombination Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [0, 0, 1, 1, 0, 1, 1, 0, 1, 2]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

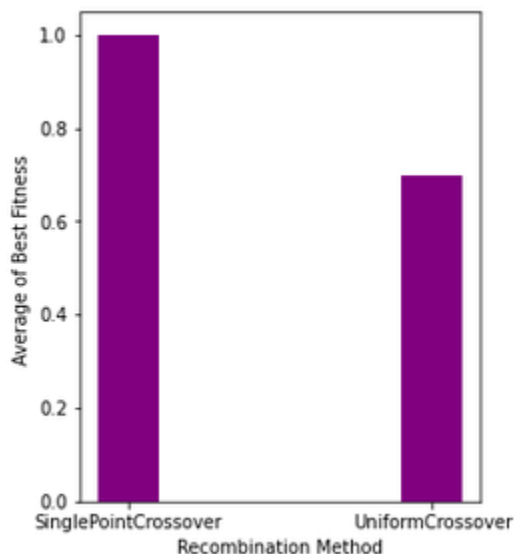
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 0.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.6749485577105528

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



## نمودار 108 - سطر دوازدهم F2

نمودار بالا نشان می‌دهد که استفاده از روش تقطیع تک نقطه‌ای با شرایط سطر دوازدهم بهتر می‌باشد. علیرغم نرسیدن به بهترین پاسخ اما توانسته‌ایم به میانگین برازندگی بهتری برسیم.

### تابع برازندگی سوم

این تابع هم هر رقم از گذرواژه را به صورت جداگانه مورد بررسی قرار می‌دهد. اگر یک رقم با رقم متناظر در گذرواژه اصلی یکسان باشد، امتیاز 0 و در غیر این صورت امتیازی برابر قدر نسبت حاصل تفریق فاصله رقم تخمینی تا رقم اصلی می‌گیرد. در نهایت مقدار برازندگی کل رشته از مجموع امتیاز تمام ارقام آن به دست می‌آید.

در ادامه تاثیر این تابع را بر روی سطرهای جدول 3 بررسی می‌کنیم.

دقت شود در سطرهای این جدول اختلاف‌ها علامت منفی ندارند. به همین علت کمترین مقدار به معنی مقدار بهتر می‌باشد.

### سطر اول

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 100 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 5، 7، 10 و 15 می‌باشد.

Population Size = 5

Best Fitness List = [12, 11, 12, 12, 12, 10, 12, 13, 13, 13]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 12.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9428090415820634

Population Size = 7

Best Fitness List = [15, 16, 15, 16, 15, 14, 18, 15, 16, 15]

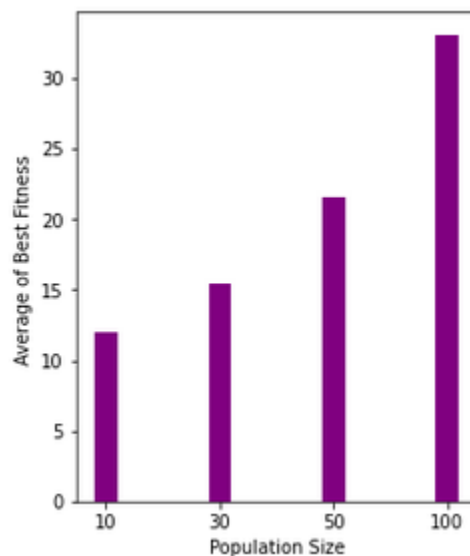
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 15.5  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.0801234497346435

Population Size = 10  
Best Fitness List = [24, 23, 21, 23, 20, 20, 20, 23, 21, 21]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 21.6  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.505545305418162

Population Size = 15  
Best Fitness List = [35, 30, 31, 32, 34, 33, 35, 33, 34, 34]  
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]  
Fitness\_count\_avg: 30100.0  
best\_fitness\_avg: 33.1  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.66332999331662

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 109 - سطر اول F3

این نمودار نشان می‌دهد که تاثیر افزایش سائز مسئله مضر می‌باشد. می‌توانیم هنگام برخورد با چنین مسائلی با کاهش طول رشته، برازندگی را بهتر کنیم. به عبارتی طول رشته کمتر بهتر می‌باشد. محور X نمودار به اشتباه برچسب گذاشته شده است. به علت بی دقتی این برچسب به جای ProblemSize، popultionSize نوشته شده است که اشتباه می‌باشد. اما فقط برچسب گذاری اشتباه بوده است و منظور ProblemSize می‌باشد.

### سطر دوم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش اندازه کروموزوم را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 1، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله متغیر با مقادیر 5، 7، 10 و 15 می‌باشد.

Population Size = 10

Best Fitness List = [10, 12, 13, 11, 9, 11, 12, 13, 12, 12]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 11.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2692955176439846

Population Size = 10

Best Fitness List = [18, 16, 14, 14, 14, 18, 18, 16, 14, 15]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 15.7

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.766981104093143

Population Size = 10

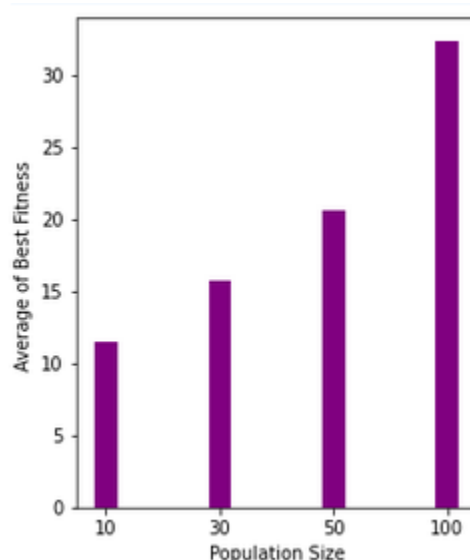
Best Fitness List = [21, 21, 20, 23, 18, 20, 20, 21, 22, 20]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 20.6  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.349897115421106

Population Size = 10  
Best Fitness List = [33, 28, 33, 34, 33, 31, 34, 32, 36, 30]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 32.4  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 2.270584848790187

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سایز کروموزوم



نمودار 110 - سطر دوم F3

این نمودار نشان می‌دهد که تاثیر افزایش سایز مسئله مضر می‌باشد. می‌توانیم هنگام برخورد با چنین مسائلی با کاهش طول رشته برازندگی را بهتر کنیم. به عبارتی داشتن رشته کوتاه‌تر بهتر است. محور x نمودار به اشتباه برچسب گذاشته شده است. به علت بی دقتی این برچسب به جای ProblemSize، popultionSize نوشته شده است که اشتباه می‌باشد. اما فقط برچسب گذاری اشتباه بوده است و منظور ProblemSize می‌باشد.

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده کردید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی قابل مشاهده هستند. در ادامه نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه مسئله 5 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [12, 12, 11, 12, 13, 12, 11, 10, 11, 11]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 11.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.8498365855987975

Pop Size = 100

Best Fitness List = [10, 12, 12, 13, 11, 11, 11, 12, 10, 12]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 11.4

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9660917830792959

Pop Size = 200

Best Fitness List = [11, 13, 9, 10, 12, 11, 9, 12, 10, 12]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 10.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

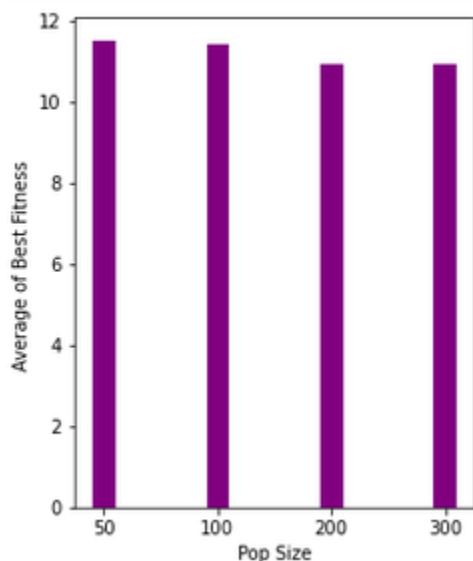
best\_fitness\_stdv: 1.3703203194062976

Pop Size = 300



Best Fitness List = [13, 13, 12, 10, 10, 10, 12, 10, 9, 10]  
 Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
 Fitness\_count\_avg: 90300.0  
 best\_fitness\_avg: 10.9  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 1.449137674618944

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس اندازه جمعیت



نمودار 111 - سطر سوم F3

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که تاثیر افزایش جمعیت چندان زیاد نمی‌باشد. به عبارتی به علت نزدیک بودن میانگین برازندگی‌ها به یکدیگر می‌توانیم بگوییم با شرایط این سطر از جدول، افزایش اندازه جمعیت تاثیری ندارد. اما با نگاه به جزئیات افزایش اندازه جمعیت اندکی بهتر می‌باشد.

#### سطر چهارم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش جمعیت کروموزوم‌ها را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، احتمال بازترکیب 1، اندازه مسئله 15 و اندازه جمعیت متغیر با مقادیر 50، 100، 200 و 300 می‌باشد.

Pop Size = 50

Best Fitness List = [34, 37, 29, 35, 33, 30, 32, 33, 32, 33]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 32.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.2997584414213788

Pop Size = 100

Best Fitness List = [33, 32, 31, 33, 33, 34, 33, 33, 33, 31]

Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]

Fitness\_count\_avg: 30100.0

best\_fitness\_avg: 32.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9660917830792959

Pop Size = 200

Best Fitness List = [32, 32, 31, 33, 34, 33, 37, 31, 32, 35]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 33.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.8856180831641267

Pop Size = 300

Best Fitness List = [32, 30, 33, 32, 32, 31, 35, 31, 33, 33]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

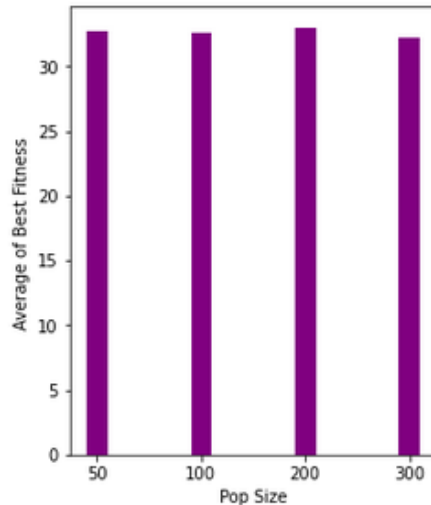
Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 32.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.398411797560202

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس سائز کروموزوم



نمودار 112 - سطر چهارم F3

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که تاثیر افزایش جمعیت چندان زیاد نمی‌باشد. به عبارتی به علت نزدیک بودن میانگین برازندگی‌ها به یکدیگر می‌توانیم بگوییم با شرایط این سطر از جدول، افزایش اندازه جمعیت تاثیری ندارد.

#### سطر پنجم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال  $P_c$  را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. نمودار میانگین بهترین برازندگی را مشاهده می‌کنید. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.5، اندازه جمعیت 200 و اندازه مسئله 10 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

$P_c = 0.5$

Best Fitness List = [24, 19, 21, 21, 22, 19, 22, 23, 21, 21]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 21.3

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.5670212364724212

$P_c = 0.7$

Best Fitness List = [19, 21, 22, 19, 21, 23, 20, 18, 23, 20]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 20.6  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.7126976771553506

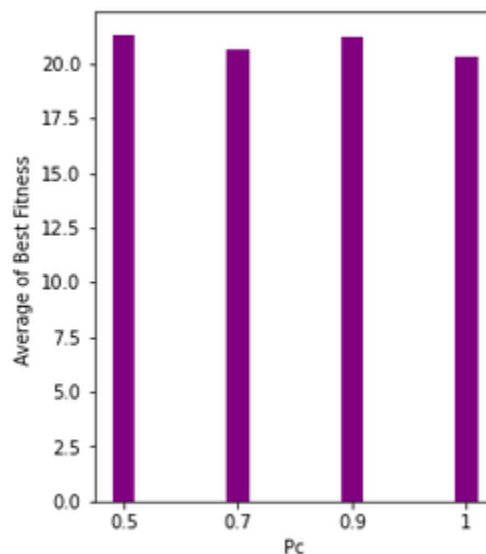
Pc = 0.9

Best Fitness List = [20, 24, 20, 22, 23, 20, 21, 20, 20, 22]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 21.2  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.4757295747452437

Pc = 1

Best Fitness List = [19, 22, 19, 20, 19, 22, 20, 21, 22, 19]  
Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]  
Fitness\_count\_avg: 60200.0  
best\_fitness\_avg: 20.3  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.3374935098492586

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب



نمودار 113 - سطر پنجم F3

در نمودار بالا مشاهده می‌شود که افزایش احتمال بازترکیب در رسیدن به بهترین برازندگی تاثیری ندارد. اما اگر به جزئیات توجه کنیم بهتر است از احتمال بازترکیب بالاتر در مسائل استفاده شود.

#### سطر ششم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.3، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 5 و احتمال بازترکیب متغیر با مقادیر 0.5، 0.7، 0.9 و 1 می‌باشد.

Pc = 0.5

Best Fitness List = [10, 8, 10, 11, 11, 12, 11, 11, 10, 12]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 10.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.1737877907772674

Pc = 0.7

Best Fitness List = [10, 11, 11, 10, 12, 9, 11, 12, 11, 13]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 11.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.1547005383792515

Pc = 0.9

Best Fitness List = [10, 13, 10, 9, 10, 12, 11, 8, 11, 12]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 10.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.505545305418162

$P_c = 1$

Best Fitness List = [10, 11, 11, 12, 10, 9, 12, 10, 9, 11]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

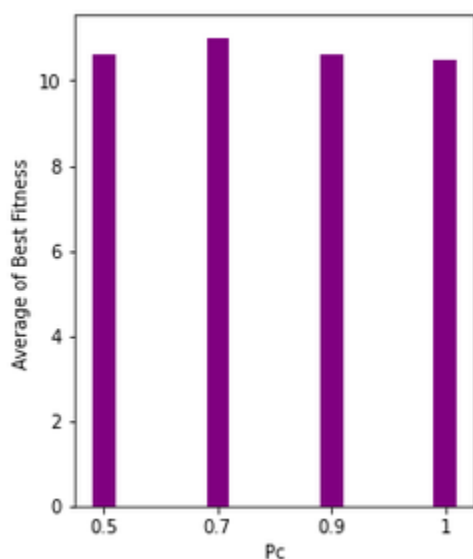
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 10.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.0801234497346435

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس احتمال باز ترکیب



نمودار 114 - سطر ششم F3

در نمودار بالا مشاهده می شود که افزایش احتمال باز ترکیب در رسیدن به بهترین برازندگی تاثیری ندارد. اما تغییر سایر پارامترها می تواند تاثیرگذار باشد چراکه همانطور که در این سطر می بینید، در مقایسه با سطر قبلی میانگین برازندگی همه مقادیر احتمال باز ترکیب کاهش یافته است.

#### سطر هفتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش  $P_m$  را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع یکنواخت، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.5، 0.3، 0.1 و 0.05، احتمال باز ترکیب 0.9، اندازه جمعیت 200 و عامل اندازه مسئله 7 می باشد.

$P_m = 0.05$

Best Fitness List = [16, 16, 16, 14, 16, 16, 15, 18, 16, 17]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 16.0

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.0540925533894598

Pm = 0.1

Best Fitness List = [15, 17, 16, 14, 13, 16, 16, 15, 16, 14]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 15.2

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.2292725943057183

Pm = 0.3

Best Fitness List = [13, 17, 15, 16, 15, 16, 16, 15, 13, 13]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 14.9

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.449137674618944

Pm = 0.5

Best Fitness List = [16, 15, 16, 15, 18, 14, 16, 16, 16, 16]

Count Fitness List = [60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200, 60200]

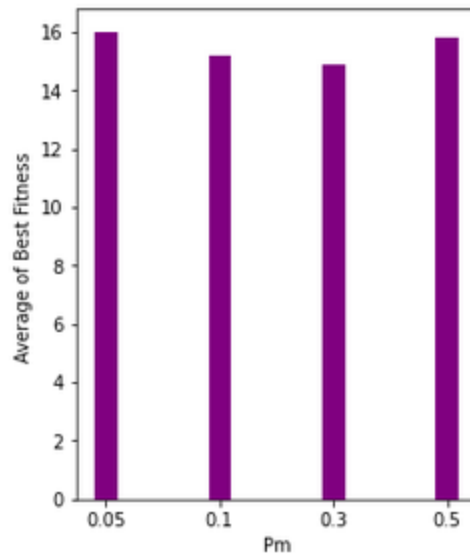
Fitness\_count\_avg: 60200.0

best\_fitness\_avg: 15.8

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.0327955589886444

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر احتمال جهش



نمودار 115 - سطر هفتم F3

در شرایطی که سطر هفتم دارد اگر مقدار احتمال جهش را افزایش دهیم میانگین برازندگی همچنان نزدیک به سایر مقادیر باقی می ماند. لذا می توان گفت که افزایش احتمال جهش تاثیر چندانی ندارد. با این حال بهترین احتمال جهش مقدار 0.3 بوده است.

#### سطر هشتم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر افزایش احتمال جهش را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش متغیر با مقادیر 0.05، 0.1، 0.3 و 0.5، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 15 می باشد.

Pm = 0.05

Best Fitness List = [31, 37, 33, 32, 31, 31, 35, 32, 30, 34]

Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]

Fitness\_count\_avg: 90300.0

best\_fitness\_avg: 32.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 2.1705094128132942

Pm = 0.1

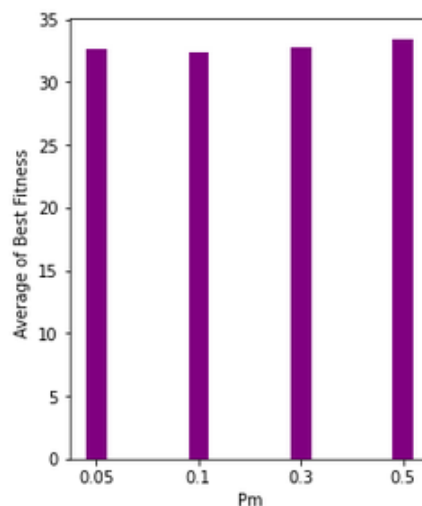


Best Fitness List = [31, 33, 33, 31, 30, 33, 32, 33, 35, 32]  
 Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
 Fitness\_count\_avg: 90300.0  
 best\_fitness\_avg: 32.3  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 1.4181364924121764

Pm = 0.3  
 Best Fitness List = [34, 36, 30, 31, 35, 34, 34, 35, 30, 28]  
 Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
 Fitness\_count\_avg: 90300.0  
 best\_fitness\_avg: 32.7  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 2.7100635498903793

Pm = 0.5  
 Best Fitness List = [35, 34, 34, 32, 33, 34, 32, 33, 33, 34]  
 Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]  
 Fitness\_count\_avg: 90300.0  
 best\_fitness\_avg: 33.4  
 Fitness\_count\_stdv: 0.0  
 best\_fitness\_stdv: 0.9660917830792959

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر احتمال جهش



### نمودار 116 - سطر هشتم F3

در شرایطی که سطر هفتم دارد اگر مقدار احتمال جهش را افزایش دهیم میانگین برازندگی همچنان نزدیک به سایر مقادیر باقی می ماند. لذا می توان گفت که افزایش احتمال جهش تاثیر چندانی ندارد. اما شرایط این سطر به گونه بوده است که میانگین بهترین برازندگی برای 4 مقادیر احتمال جهش کاهش یافته است.

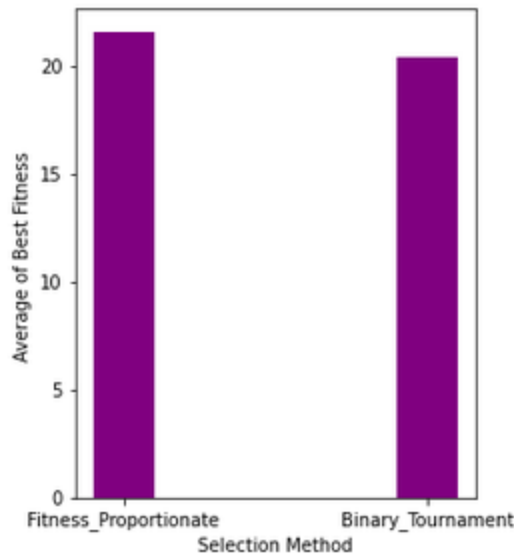
#### سطر نهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب والدین را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل باز ترکیب تقطیع تک نقطه ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.1، احتمال باز ترکیب 0.7، اندازه جمعیت 100 و اندازه مسئله 10 می باشد.

```
Selection Method = function Fitness_Proportionate
Best Fitness List = [23, 22, 22, 19, 21, 21, 21, 24, 23, 20]
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]
Fitness_count_avg: 30100.0
best_fitness_avg: 21.6
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 1.505545305418162
```

```
Selection Method = function Binary_Tournament
Best Fitness List = [22, 17, 21, 23, 20, 20, 19, 19, 23, 20]
Count Fitness List = [30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100, 30100]
Fitness_count_avg: 30100.0
best_fitness_avg: 20.4
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 1.8973665961010275
```

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 117 - سطر نهم F3

روش انتخاب والدین در این تابع تاثیری ندارد. اما در شرایط سطر نهم جدول می‌توان گفت که استفاده از تابع رقابت دودویی بهتر می‌باشد.

#### سطر دهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش انتخاب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی و متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 7 می‌باشد.

Selection Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [15, 14, 14, 17, 14, 17, 18, 14, 17, 15]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 15.5

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 1.5811388300841898

Selection Method = function Binary\_Tournament

Best Fitness List = [14, 15, 16, 15, 15, 16, 17, 16, 17, 15]

Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

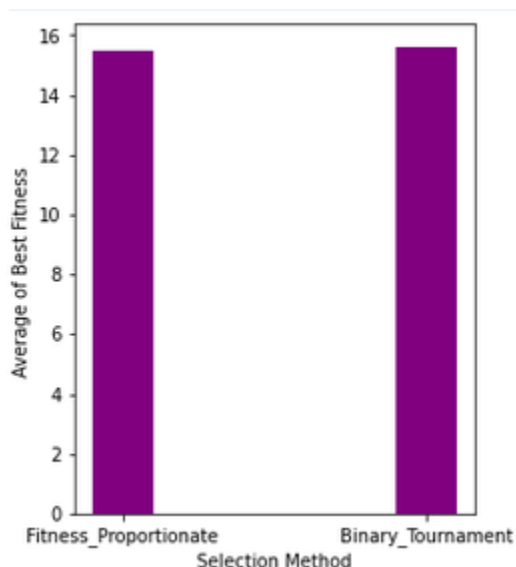
Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 15.6

Fitness\_count\_stdv: 0.0

best\_fitness\_stdv: 0.9660917830792959

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش انتخاب



نمودار 118 - سطر دهم F3

نمودار بالا نشان می‌دهد که روش انتخاب والدین در این تابع تاثیری ندارد. میانگین بهترین برازندگی در هر دو روش بسیار نزدیک به یکدیگر می‌باشد.

#### سطر یازدهم

در این سطر ما به دنبال آن هستیم که روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک نقطه‌ای، روش انتخاب متناسب با برازندگی، احتمال جهش 0.05، احتمال بازترکیب 1، اندازه جمعیت 50 و اندازه مسئله 7 می‌باشد.

Recombination Method = function Fitness\_Proportionate

Best Fitness List = [18, 17, 14, 17, 15, 16, 13, 16, 16, 17]

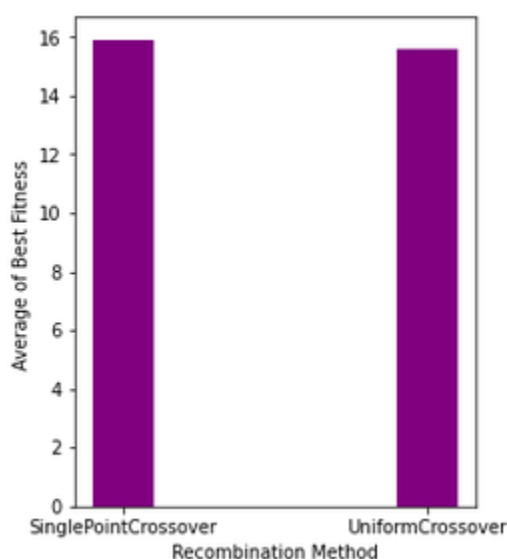
Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]

Fitness\_count\_avg: 15050.0

best\_fitness\_avg: 15.9  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.5238839267549948

Recombination Method = function Binary\_Tournament  
Best Fitness List = [14, 18, 17, 13, 15, 14, 16, 15, 17, 17]  
Count Fitness List = [15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050, 15050]  
Fitness\_count\_avg: 15050.0  
best\_fitness\_avg: 15.6  
Fitness\_count\_stdv: 0.0  
best\_fitness\_stdv: 1.6465452046971292

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 119 - سطر یازدهم F3

در این نمودار مشاهده می‌شود که اگر از هر کدام روش‌ها استفاده کنیم به علت نزدیک بودن مقادیر میانگین برازندگی‌ها تفاوتی ندارد.

سطر دوازدهم

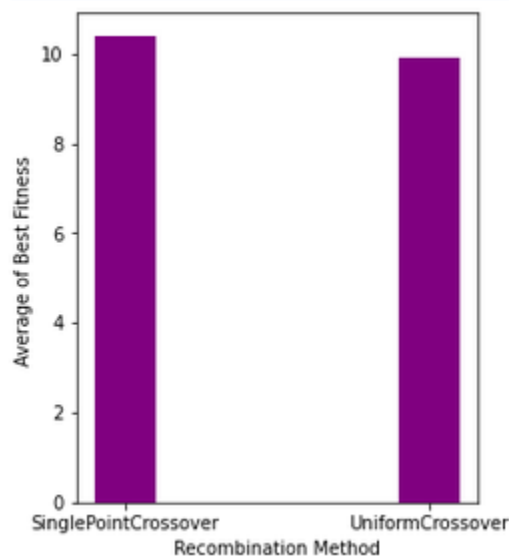
در این سطر ما به دنبال آن هستیم که تاثیر روش بازترکیب را بر روی میانگین بهترین برازندگی بررسی کنیم. لیست‌های بهترین برازندگی و تعداد فراخوانی تابع برازندگی را در نتیجه 10 بار اجرا مشاهده می‌کنید. در ادامه میانگین و انحراف معیار این دو لیست قابل مشاهده هستند. عامل بازترکیب تقطیع یکنواخت و تقطیع تک

نقطه‌ای، روش انتخاب رقابت دودویی، احتمال جهش 0.1، احتمال بازترکیب 0.5، اندازه جمعیت 300 و اندازه مسئله 5 می‌باشد.

```
Recombination Method = function Fitness_Proportionate
Best Fitness List = [11, 10, 11, 9, 10, 9, 11, 12, 10, 11]
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]
Fitness_count_avg: 90300.0
best_fitness_avg: 10.4
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 0.9660917830792959
```

```
Recombination Method = function Binary_Tournament
Best Fitness List = [9, 11, 10, 10, 10, 11, 10, 9, 9, 10]
Count Fitness List = [90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300, 90300]
Fitness_count_avg: 90300.0
best_fitness_avg: 9.9
Fitness_count_stdv: 0.0
best_fitness_stdv: 0.7378647873726218
```

نمودار میانگین بهترین برازندگی بر اساس روش بازترکیب



نمودار 120 - سطر دوازدهم F3

در این نمودار مشاهده می‌شود که اگر از هرکدام روش‌ها استفاده کنیم به علت نزدیک بودن مقادیر میانگین برازندگی‌ها تفاوتی ندارد.

پاسخگویی به پرسش‌های کادرهای سبز رنگ

سوال 1

سوال ۱: فرض کنید در نمایش دودویی در خط ۵ الگوریتم EvolSearchExercise دو والد ۱۱۱۰۰۰۱۱۱۱ و ۱۰۰۰۱۱۱۱۰۰ با هم جفت (pair) شوند و در خط ۶ با احتمال  $P_c = 1$  عمل بازترکیب انجام شود، به سوالات زیر پاسخ دهید:

ا. با فرض این که در خط ۶ از تقطیع تک نقطه‌ای (Single-point Crossover) استفاده شود، آیا رشته ۱۰۱۰۰۰۰۱۱۱ می‌تواند یکی از فرزندان حاصل باشد؟

ب. با فرض این که در خط ۶ از تقطیع دو نقطه‌ای (Double-point Crossover) استفاده شود، آیا رشته ۱۱۱۰۰۰۰۱۱۱۱ می‌تواند یکی از فرزندان حاصل باشد؟

ج. با فرض این که در خط ۶ از تقطیع یکنواخت (Uniform Crossover) استفاده شود، آیا رشته ۱۰۱۰۱۰۱۱۰۰ می‌تواند یکی از فرزندان حاصل باشد؟

در هر مورد اگر پاسخ مثبت است، نحوه تولید آن را توضیح دهید و فرزند دیگر را به دست بیاورید و اگر پاسخ منفی است، علت آن را تشریح کنید.

الف) خیر.

Child = 1010000111

Parent1 = 1110001111

Parent2 = 1000111100

در تقطیع تک نقطه‌ای ما از یک نقطه والدین را جدا کرده، نیمی از والد اول و نیمی از والد دوم را به فرزند اول می‌دهد. بنابراین باید نقطه‌ای را بیابیم که نیمی از فرزند در والد 1 و نیمی از فرزند در والد 2 باشد. این نقطه در این دو والد دیده نمی‌شود. ژن 7 در این دو والد 1 است. به هیچ روشی نمی‌توان این دو را ادغام کرد تا ژن 7 در فرزند 0 شود. بنابراین این دو والد نمی‌توانند فرزند مذکور را ایجاد کنند.

ب) بله. در تقطیع دو نقطه‌ای والدین از دو نقطه تقسیم می‌شوند. و بخش‌ها را تقسیم کرده و فرزندان را تولید می‌کنیم. حال باید به گونه ای نقاط انتخاب شوند تا این کروموزوم تولید شود.

Child = 1110001111

Parent1 = 1110001111

Parent2 = 1000111100

اگر به شکل زیر تقسیم بندی کنیم می‌توانیم رشته فرزند را داشته باشیم. نواحی قرمز رنگ مورد استفاده قرار می‌گیرند. بخش اول از والد دوم بخش دوم و سوم از والد اول دریافت می‌شود.

Parent1 = 1-11000-1111

Parent2=1-00011-1100

(ج) بله می‌توان این فرزند را به دست آورد.

Child 1 = 1-0-1-0-1-0-1-1-0-0

Parent1=1-1-1-0-0-0-1-1-1-1

Parent2=1-0-0-0-1-1-1-1-0-0

Child 2 = 1-0-1-0-1-0-1-1-0-0

سوال دوم) با فرض رشته ای با ProblemSize = 10

سوال ۲: به ازای هر یک از توابع برازندگی بالا راه حل (های) بهینه چیست؟ مقدار برازندگی آن (ها) چقدر است؟  
(در توابع FourPeaks و SixPeaks مقدار T را برابر ۲ در نظر بگیرید و فرض کنید که طول رشته حداقل ۵ است)  
راهنمایی: مثلاً در تابع OneMax راه حل بهینه رشته تمام ۱ (۱۱...۱۱) است، زیرا اگر حتی یکی از بیت‌ها هم صفر باشد، مجموع آن از رشته تمام ۱ کمتر و در نتیجه طبق تابع برازندگی OneMax، ارزش آن هم کمتر خواهد بود.

ProblemSize:OneMax

از آنجایی که ژن‌ها از 0 و 1 تشکیل شده‌اند و نیز این تابع حاصل جمع ژن‌های کروموزوم می‌باشد، بنابراین زمانی که تمام ژن‌ها 1 باشند به پاسخ بهینه می‌رسیم. به عبارتی کروموزوم با ساختار تمام 1، جواب بهینه می‌باشد که مقدار برازندگی آن ProblemSize می‌باشد.

پاسخ بهینه: 1111111111

1 : Peak

از آنجایی که ژن‌ها از 0 و 1 تشکیل شده‌اند و نیز این تابع حاصل ضرب ژن‌های کروموزوم می‌باشد، بنابراین زمانی که تمام ژن‌ها 1 باشند به پاسخ بهینه می‌رسیم. اگر یکی از بیت‌ها 0 باشند حاصل ضرب ژن‌ها 0 می‌شود. به عبارتی کروموزوم با ساختار تمام 1، جواب بهینه می‌باشد که مقدار برازندگی آن 1 می‌باشد.

پاسخ بهینه: 1111111111



### ProblemSize-1 : FlipFlop

از آنجایی که ژن‌ها از 0 و 1 تشکیل شده‌اند و نیز این تابع حاصل Xor ژن‌های کنار هم می‌باشد، بنابراین زمانی که ژن‌ها یکی در میان 0 و 1 باشند، به پاسخ بهینه می‌رسیم. مقدار برازندگی جواب بهینه ProblemSize-1 می‌باشد.

پاسخ بهینه: 1010101010

### (2 \* ProblemSize) – (T + 1) : FourPeaks

رشته‌ای که به دو بخش T+1 و ProblemSize-(T+1) تقسیم می‌شود، زیرا در شرط تابع R صدق می‌کند و نیز تابع Max نیز برآورده می‌شود و این دو عدد بالاترین اعدادی هستند که می‌توانیم برای رسیدن به پاسخ بهینه در نظر بگیریم.

اگر طبق فرض مسئله T=2 باشد در اینصورت پاسخ بهینه به شکل زیر خواهد بود:

1111111000

### (2 \* ProblemSize) – (T + 1) : SixPeaks

رشته‌ای که به دو بخش T+1 و ProblemSize-(T+1) تقسیم می‌شود، زیرا در شرط تابع R صدق می‌کند و نیز تابع Max نیز برآورده می‌شود و این دو عدد بالاترین اعدادی هستند که می‌توانیم برای رسیدن به پاسخ بهینه در نظر بگیریم.

اگر طبق فرض مسئله T=2 باشد در اینصورت پاسخ بهینه به شکل زیر خواهد بود:

0001111111 یا 1111111000

### 2\*ProblemSize:Trap

بخش حاصل ضرب فرمول نباید صفر شود، بنابراین نمی‌توانیم رشته‌ای با ژن 0 داشته باشیم. زیرا بخش منهای فرمول برازندگی را منفی می‌کند. لذا بهترین برازندگی برابر خواهد بود با 3\*ProblemSize-ProblemSize که برابر با 2\*ProblemSize خواهد بود.

پاسخ بهینه به صورت زیر است:

1111111111

سوال سوم) پاسخ این مسئله برای هر دو تابع صدق می‌کند. با افزایش  $T$  برازندگی کاهش می‌یابد. احتمال رسیدن به پاسخ بهینه افزایش می‌یابد.

سوال ۳: در توابع FourPeaks و SixPeaks اگر مقدار ابرپارامتر  $T$  افزایش پیدا کند، برازندگی راه حل بهینه و احتمال رسیدن به راه حل بهینه (سهولت دستیابی به آن) چه تغییری می‌کند؟ به طور خاص تغییر مقدار  $T$  از ۱ تا ۴ را در یک مسئله با  $problemSize=10$  بررسی کنید.

$$T=1 \rightarrow bestFitness=2*10-(1+1)=18$$

$$T=2 \rightarrow bestFitness=2*10-(2+1)=17$$

$$T=3 \rightarrow bestFitness=2*10-(3+1)=16$$

$$T=4 \rightarrow bestFitness=2*10-(4+1)=15$$

سوال چهارم)

سوال ۴: هر یک از توابع برازندگی معرفی شده در مسئله حدس گذرواژه (بخش ۳) از نظر چشم‌انداز برازندگی به کدام یک از توابع برازندگی معرفی شده در نمایش دودویی (بخش ۲) شباهت دارد؟ این شباهت را به طور دقیق بررسی کنید.

Peak : F1

OneMax : F2 و در الویت بعد FlipFlop

سوال پنجم)

سوال ۵: همان طور که می‌دانید رویکرد تکاملی یکی از روش‌های بهینه‌سازی توابع هدف است که این فرآیند را به صورت هوشمند طی می‌کند. هر یک از توابع معرفی شده در بخش‌های ۲ و ۳ چه ویژگی خاصی دارند؟ آیا نیروهای انتخاب و تغییر در رویکرد تکاملی در مواجهه با این ویژگی‌های خاص در فرآیند بهینه‌سازی موفق عمل کرده‌اند؟ توضیح دهید.

تاثیر هریک از عوامل بر روی این توابع در زیر نمودارها تحلیل شد.

نتیجه گیری آخر

پس از بررسی‌هایی که بر روی توابع و مقادیر تاثیرگذار تابع ژنتیک صورت گرفت، حال می‌توان گفت که بهتر است در زمان استفاده از این تابع، مسئله مورد نظر کاملاً مورد ارزیابی قرار گیرد. باید این موضوع که تغییر پارامترها می‌توانند بسیار تاثیرگذار باشند در نظر گرفته شود و در زمان انتخاب دقت بالایی داشت.

چنانچه تابع ارزیابی بسیار سختگیرانه باشد، به طوری که مانند تابع Peak و F1 نتوانیم به کروموزوم‌هایی غیر از هدف اهمیت دهیم، پاسخ‌های دیگر را نیز از دست می‌دهیم. در نتیجه در شرایطی که بهترین کروموزوم را نداریم، به کروموزوم نه چندان خوبی بدون بررسی برازندگی آن دست خواهیم یافت.

لذا بهتر است از توابعی استفاده کنیم که ضمن در نظر گرفتن بهترین پاسخ به پاسخ‌های دیگر که برازندگی خوبی دارند نیز توجه می‌کند.

#### پیشنهاد

- در این تمرین ما الگوریتم ژنتیک را طور کامل شناختیم. اگر چنین پروژه‌ای را برای الگوریتم‌های بهینه سازی دیگر نیز پیاده سازی کنیم، به درک قوی‌تری از بهینه‌سازی خواهیم رسید. در نتیجه می‌توانیم در زمان انتخاب الگوریتم، آگاه‌تر تصمیم‌گیری کنیم.
- می‌توانیم بر روی مسائل متنوع دیگر و با تنوع ژن‌های دیگر الگوریتم ژنتیک را بررسی کنیم. بدین ترتیب تاثیر پارامترها روشن‌تر می‌شود.