الگوي نگارش مقاله

براي بیست و پنجمین كنفرانس بین‎المللی انجمن کامپیوتر ايران

محمدامین خردپژوه، امیرعلی طاهری

چكيده

در این مقاله راجب DNA و کاربردهای آن از جمله جهش و ترکیب و جابجایی دودویی و کد های آن صحبت میکنیم.

كلمات كليدي

جابجایی دودویی – جا بجائي حقيقي - جهش – ترکیب – دی ان ای – وراثت –چرخه- طرحواره

# مقدمه

قوله ژنتيك با انتشار كتاب مهم و جنجالي چارلز داروين انگليسي كه در آن فرضيه تكاملي خود را مطرح كرده بود درتاريخ 24 نوامبر سال 1859 ميلادي به طور جدي مطرح شد.او در كتاب خود كه در فارسي با نام شهرت پيدا كرده است,مباني فكري و فرضيه خود دال برتكامل سير پيش رونده و روبه جلوي را ارائه كرد . ناگفته پيداست كه اين مساله در تعارض شديد با نظريات كليساي آن زمان كه به آفرينش آني و انسان معتقد بود، قرار داشت. در سال 1865 ميلادي تحقيقات گريگوري مندل كشيش اتريشي درباره وراثت و تكامل و اصولي كه به طور تجربي به دست آورده بود چند سال پس از مرگش انتشار يافت. اين تحقيقات توجه بسياري را معطوف به اين موضوعات نمود . در سال 1903 به عنوان واحد وراثت معرفي گرديد . درسال 1905 براي اولين بار واژه توسط يك زيست شناس انگليسي به نام ويليام بيتسون وضع گرديد و مورد استفاده قرار گرفت در سال 1927 واژه براي بيان تغييرات فيزيكي در ژنها وضع شد . در سال 1931 واژه يا وضع گرديد . در سال 1953 ميلادي ساختار DNA بطور كامل به شكل مارپيچي توسط جيمز واتسون وفرانسيس كريك توضيح داده شد كه براي آنان جايزه نوبل را نيز به ارمغان آورد.در سال 1977 ميلادي اولين تلاشها براي دستيابي به مدل كامل ژنتيكي يعني ژنوم انساني به بار نشست

# ويژگي­هاي عنوان و نويسندگان مقاله

## پاتريك و همكاران 1983)، بهينه سازي گروه ذرات (پاراساپولوس و وارهاتيس 2002)، بهينه سازي مستعمري ( دوريگو وماريا 1997) ونهايتاً الگوريتم هاي تكاملي (اسونل 1995). تمامي اين الگوريتم هاي جديد با اعمال عملگرهائي روي نقاط اوليه، نقاط جديدي را در فضاي جستجوي تابع هزينه توليد ميكنند و تدريجاً به سوي مكانهاي بهينه اين فضا پيش ميروند. اين روشها مبتني بر نوعي جستجوي هوشمند در فضايي بزرگ اما محدود هستند .اين الگوريتم ها برخلاف الگوريتم هاي قديم نيازي به محاسبه مشتقات توابع ندارند و از رو محدوديتي براي توابع هزينه ناپيوسته و همچنين متغيير هاي گسسته پيش نمي آيد

## ويژگي­هاي چكيده و كلمات كليدي

## درحالت كلي سه دسته از الگوريتمهاي هيوريستيك قابل تشخيص است: الگو ريتمهايي كه بر ها ويژگي ي ساختاري مسئله و ساختار جواب متمركز ميشوند و با استفاده ازآنها الگوريتمهاي سازنده يا جستجوي محلي تعريف ميكنند. .1 الگوريتمهايي كه بر هدايت هيوريستيك يك الگوريتم سازنده يا جستجوي محلي متمركز ميشوند به گونهاي كه آن الگوريتم بتواند بر شرايط حساس (مانند فرار از بهينه محلي) غلبه كند. به اين الگوريتمها، متاهيوريستيك گفته ميشود . .2 الگوريتمهايي كه بر تركيب يك چارچوب يا مفهوم هيوريستيك با گونههايي از برنامهريزي رياضي (معمولاً روشهاي دقيق) متمركز ميشوند

## ويژگي­هاي مقدمه

در درج مقدمه سعی کردیم نکات کلیدی و مهم بحث را بصورت چکیده وارد کنیم.

# جابجایی دودویی

روش هاي معمول جا به جائي تك نقطه، دو نقطه،چند نقطه و جابجايي يكنواخت مي باشد. ساده ترين حالت جا به جا كردن، جا به جائي تك نقطه اي (point Single (است. در جا به جايي تك نقطه اي، ابتدا جفت كروموزوم والد(رشته دودوئي) در نقطه مناسبي در طول رشته بريده شده و سپس قسمت هاي از نقطه برش، با هم عوض مي شوند. بدين ترتيب دو كروموزوم جديد بدست مي آيد كه هر نقطه از ان ها ژنهايي را از كروموزوم هاي والد به ارث ميبرند

1. جابجایی حقیقی

در كد كذاري حقيقي كه كروموزوم ها به صورت برداري از اعداد حقيقي مي باشند. روش هاي زيادي براي عملگر جا بجائي حقيقي ارائه شده كه اكثر ان ها در دو دسته زير خلاصه مي شود : -1جا بجائي عمومي 2 - جا به جائي محاسباتي عملگر هاي جا بجائي عمومي با توسعه روش هاي جا بجائي دودوئي براي كد گذاري حقيقي تهيه مي شود كه مثال ساده از ان، عملگر جا به جائي ساده مي باشد كه شامل جا به جائي تك نقطه، دو نقطه و چند نقطه است كه مشابه همان حالت دودوئي مي باشند با اين تفاوت كه د راين جا به جاي يك بيت دودوئي (0و1) ، يك عدد حقيقي در رشته است. با فرض اينكه دو كروموزومي مي باشند كه تحت عمل جا بجائي قرار مي گيرند و نقطه نقطه جا بجائي باشد دو كروموزوم جديد كه از اعمال عملگر جابجائي ساده حاصل مي شود و به صورت روابط زير خواهد بود : جا به جائي محاسباتي بر اساس مفهوم تركيب خطي بردار ها تهيه شده است با . اين فرض كه دو فرزند كه , 2 1 = k است بر اساس اين عملگر توليد شده باشند د, ر اين صورت تحت شرايط مختلف براي ضرايب در روابط مذكور، سه نوع مختلف از اين عملگر ايجاد مي شود : -1 Crossover near كه در ان هر دو حقيقي هستند. -2 Crossover Affine كه در ان است. -3 Crossover Convex كه در ان بوده و و هر دو حقيقي مثبت هستند. اسامي linear , Affine , Convex از تعوري مجموعه هاي محدب وام گرفته شده است . عملگر convex معمولا بيشتر از بقيه كاربرد دارد. اين عملگر ها به طور شماتيكي در شكل 9 نشان داده شده است .

1. روش های پیاده سازی ترکیب

تركيب تك نقطه اي تركيب تكنقطهاي، دو كروموزوم را با انتخاب تصادفي موقعيتي مانندP ، تركيب ميكند P مقداري كمتر يـا مساوي طول كروموزومها است .اگر تعداد) طول (ژنها در كروموزومها N ، باشد، از دو كروموزوم والد، دو فرزند به صورت زير بوجود ميĤيد.

ك فرزند با كپي كردن ژن هاي (-1P(1... از كروموزوم والد اول و ژن هاي N…P از كرومـوزوم والـد دوم، ساخته ميشود و فرزند ديگر به طور مشابه، اين بار با كپي كردن ژن هاي (-1P(1... از والـد دوم و نژ هاي N…P از والد اول، بوجود ميĤيد .در اين نوع تركيب از دو والد، دو فرزند بوجود مي آيد .به عنوان مثال، اين نوع تركيب در شكل ....نشان داده شده است .در اين مثال 4=P ميباشد.

## تركيب دو نقطه اي در تركيب دونقطهاي، دو موقعيت 1p و 2p به عنوان موقعيتهاي تركيب، به طـور تصـادفي بـين 1 و طـول كروموزومها (N (انتخاب ميشود .روش ايجاد فرزندان مانند تركيب تك نقطهاي است. فرزند اول، ژنهاي (1-1P(1... را از والد اول، ژن هاي (2-1P(1...P را از والد دوم و ژن هاي N2...p را مجددا از والد اول، به ارث ميبرد. فرزند دوم، ژنهاي (1-1P(1... را از والد دوم، ژن هاي (2-1P(1...P را از والد اول و ژن هاي N…2P را مجددا از والد دوم، بدست ميĤورد . در اين روش تركيب نيز، از يك جفت، دو فرزند بوجود ميĤيد .در اين روش احتمال اينكـه والـدها بـدون تغيير به جمعيت بعد منتقل شوند، كمتر است .در شكل ....نمونه هاي از اين تركيـب بـا موقعيتهـاي تركيـب 2=1P و5 =2P نشان داده شده است.

# 4.ترکیب یکنواخت

# در تركيب يكنواخت، هـر ژن كرومـوزوم جديـد بـه صـورت جداگانـه انتخـاب ميشـود .هـر ژن وابسـته بـه موقعيتش به صورت تصادفي از يكي از دو والد انتخاب ميشود .مثلا ژن اول از والـد دوم، ژن دوم از والـد دوم، ژن سوم از والد اول و تا ژن آخر .برخلاف تركيبهايي كه قبلا ذكر شد، اين نوع تركيب، يك فرزند بوجود مي آورد . در واقع در اين حالت از يك ماسك استفاده ميِشود جمعيت جديدي كه با تركيب يكنواخت بوجود ميĤيد، داراي تنوع ژنتيكي بيشتري نسبت به تركيبهاي تك نقطه اي و دو نقطه اي ميباشد .به همين دليل اين نوع تركيب در جمعيتهايي كـه اعضـايي كمـي دارنـد اثـر بهتري دارد تا جمعيتهايي كه تعداد اعضاي زيادي دارند. در جمعيتهاي كوچك، ممكـن اسـت بـه تنـوع ژنتيكـي نيـاز باشـد تـا روش، سـريعتر همگـرا شـود .امـا در جمعيتهاي بزرگ، معمولا تنـوع ژنتيكـي لازم، فـراهم اسـت .در شـكل ....نمونـه اي از تركيـب يكنواخـت مشاهده مي شود

# 6.ترتیب

اين روش توسط ديويس معرفي گرديده و به روش X O معروف ميباشد در اين روش دو عدد را به صورت تصادفي به عنوان نقاط برش به دست آورده سپس قسمت مابين را در دو طرف كروموزوم ثابت نگه داشته ولي قسمتهاي دو طرف به اين صورت به دست ميآيد كه براي نوزاد اول در والد دوم از ابتداي كروموزوم شورع كرده و آنهايي را كه در قسمت مابين نوزاد وجود ندارد در جاي خالي قرار ميگيرند با مثال زير بحث روشن ميشود : والد اول: 476/3598/12 والد دوم: 835/7641/29 براي نوزاد اول قسمت مابين والد يك، بدون تغيير جابجا ميشود . نوزاد اول: --/ ---/3598 حال قسمت خالي از روي والد دوم پر ميگردد

# 7.چرخه

چرخه اين روش توسط اليور، اسميت و هالند معرفي شده و به نام عملگر CX معروف مي باشد و به اين گونه عمل ميشود كه ابتدا اولين ژن را عيناً از والد اول به نوزاد اول كپي كرده، سپس يك چرخه بين ژنهايي كه در دو كروموزوم والد اول و دوم وجود دارد ايجاد ميگردد، نقطه شروع همان ژن فوق ميباشد. براي ايجاد چرخه بايد ابتدا همان ژن را در كروموزوم دوم يافته و مكان آن را در نظر بگيريم. سپس ژن موجود در همان مكان از كروموزوم اول تثبيت كنيم. اين عمل تا جايي كه چرخه كامل شود ادامه مييابد (تا جايي كه به نقطه شروع برسد). در اين لحظه براي تكميل نوزاد اول بايد ژنهاي باقيمانده از كروموزوم دوم را به همان ترتيب نوزاد اول جايگذاري نمود . كه مثال زير بحث را روشن ميكند . والد اول: 346578291 والد دوم: 794356281 براي توليد نوزاد اول، ابتدا اولين ژن از كروموزوم والد اول را منتقل كرده و عمل ادامه مييابد : نوزاد اول: 3---57---- حال كه چرخه كامل شد عددهاي به دست آمده را در والد دوم حذف كرده باقيمانده به ترتيب عبارت است از 946281 كه به همين حالت در جاهاي خالي نوزاد اول قرار ميگيرد : نوزاد اول: 394576281 براي نواد دوم نيز به همان صورت عمل ميشود . نوزاد دوم: 35---—7 كه با ادامه روند فوق

# محدب

در اين عملگر اگر والد اول 1P و والد دوم 2P شود نوزاد اول و دوم به صورت زير حاصل ميشود : 2 2 1 1 1 نوزاد اول: c = λ p + λ p 2 2 2 1 2 نوزاد دوم: c = λ p + λ p = 2λ = 1λ به آن عملگر تقاطعي متوسط ميگويند. اگر 5.0 − = 2λ و 5.1 = 1λ باشد به آن نسبت سلبي اگر 5.0 1λ به صورت تصادفي از بازه [d + 1, d− [انتخاب شود به آن تقاطعي ميانه توسعه 2λ و گفته و در صورتي كه يافته ميگويند تقاطعي متوسط توسط ديويس و تقاطعي ميانه توسعه يافته توسط مولن بين و نسبت سلبي توسط رايت ارائه 2 1 شده اند البته چنگ وجن حالتي را كه λ, λ دو عدد تصادفي بوده و داراي شرط 1< 1λ و 0 < 2λ و ≥ 2λ + 1λ باشد را تحت عنوان عملگر خطي ارائه نمودن

# احتمال ترکیب

تركيب لازم نيست رد هر نسل اتفاق بيفتد .در واقع ممكن است نسلهايي بدون عملگر تركيب به نسل هـاي جديد، تبديل شوند .براي تعيين رخ دادن يا ندادن تركيـب از پـارامتري بـه نـام احتمـال تركيـب Pc اسـتفاده ميشود كه اين پارامتر مقدار بين 0 و 1 است .از آنجا كه تركيب نقشي اساسي در رشد مقدار ميـانگين تطـابق جمعيت دارد، مقدار Pc بين 0/5 تا 0/8 و بيشتر بين 0/7 تا 0/8 درنظر گرفته ميشود. اگر تركيبي صورت نگيرد، فرزندان دقيقا همانند والدين خواهند بود. اگر تركيب صورت بگيرد، فرزندان از بخش هايي از كروموزوم هاي والدين به وجود مي ايند. اگر احتمال تركيب %100 باشد ، در اين صورت همه فرزندان در نتيجه تركيب به وجود امده اند. اگر اين احتمال %0 باشد، كل نسل جديد،در اثر نسخه برداري عيني كروموزوم هاي نسل قديم بوجود امده است. (اين به اين معني نيست كه نسل جديد همانند نسل قديم است.) تركيب با اين اميد صورت مي گيرد كه كروموزوم هاي جديد، حاوي بخشهاي مناسب كروموزوم هاي قديمي است و در نتيجه كروموزوم هاي جديد بهتر خواهد بود. با اين حال، خوب است كه برخي از قسمت هاي نسل قديم براي نسل بعدي باقي بمانند.

# جهش

در طبيعت برخي عوامل مانند تابش اشعه ماوراي بنفش باعث به وجود آمدن تغيرات غير قابل پيش بيني در كروموزومها ميشوند.از آنجايي كه الگوريتمهاي ژنتيكي از قانون تكامل پيروي ميكنند در اين الگوريتمها نيز عملگر جهش با احتمال كم اعمال ميشود.جهش باعث جستجو در فضاهاي دست نخورده مسئله ميشود.ميتوان استنباط كرد كه مهمترين وظيفه جهش اجتناب از همگرايي به بهينه محلي است.در اشكال زير نحوه جهش و كاركرد آن نمايش داده شده است.

# تقسیم بندی روش های جهش

نوع اول: جهش باينري (Mutation Binary( در الگوريتم ژنتيك با كد گذاري باينري، اين عملگر اغلب با توليد تصادفي يكي از اعداد 0 و 1 جايگزيني ان به جاي بيت مورد نظر صورت مي گيرد( شكل (7)). اما در برخي كاربرد هاي ژنتيك، عمل جهش دودوئي در يك بيت با متمم ساختن ان بيت انجام مي شود. به اين صورت كه اگر بيت مورد نظر 0 بوده به بيت 1 و بر عكس تبديل خواهد شد، كه آزمايش ها نشان داده شده است كه روش دوم مناسب تر است . شكل 7 - عملگر جهش دودوئي نوع دوم: جهش حقيقي (Mutation Real( در كد گذاري حقيقي، عملگر جهش باعث توليد تصادفي يك مقدار جديد در يك موقعيت خاص در كروموزوم مي شود. در نتيجه اين تغييرات تصادفي در جمعيت كروموزوم ها ، نواحي بيشتري از فضاي كاوش بررسي شده است و از همگرائي بي موقع (نا گهاني محلي) الگوريتم جلو گيري مي شود . يك مثال از عملگر جهش حقيقي، جهش تصادفي يا يك نواخت مي باشد. با اين فرض كه i C i يك ژني باشد كه تحت عمل جهش قرار مي گيرد انگاه يك كروموزوم و C يك مقدار انتخابي تصادفي Ci در كروموزوم جديد جايگذاري خواهد شد. مثال ديگري Ci مي باشد، كه به جاي ژن جديد از محدوده براي اين روش عملگر جهش مرزي كه در ان يكي از ژن هاي كروموزوم به طور تصادفي با حد پايين يا بالاي i = Ci محدوده ان ژن، جايگزين مي شود ( b a يا Ci = i (

# احتمال جهش

اگر مرحله جهش صورت نگيرد، فرزندان بلا فاصله بعد از تركيب و بدون هيچ تغييري بوجود مي ايند(يا مستقيما نسخه برداري مي شوند عمل تركيب هم صورت نگرفته است). اگر تغيير صورت بگيرد، يك يا بيش از يك قسمت از كروموزوم تغيير مي كند. اگر احتمال تغيير %100 باشد، يعني همه كروموزوم هاي تتغيير كرده اند و اگر %0 باشد، هيچ چيز تغيير نكرده است . به طور كلي جهش از قرار گرفتن GA در اكسترمم هاي محلي جلو گيري مي كند. جهش نبايد زياد صورت بگيرد زيرا در اين صورت بهGA به ج ستجوي كاملا تصادفي تبديل خواهد شد . GA پارامترهاي ديگري نيز دارد. از پارامترهاي مهم ديگرتعداد جمعيت و احتمال تركيب مي باشد .

# استدلال همگرایی ژنتیک الگوریتم

در اين قسمت قضيه طرحواره 1 بيان ميشود .قبل از پرداختن به خود قضيه نياز به تعريفها و بررسيهايي است كه در ادامه انجام ميشود. طرحواره يك طرحواره الگويي است كه با 1 ها ، 0 ها و \* ها ساخته ميشود.\* مقداري است كـه ميتوانـد 0 يـا 1 مـي باشد به. عنوان مثال 0\*0\*\*1=H يك طرحواره است كه ميتواند به 8 شكل( نمونه )نوشته شود .يكي از اين نمونه ها عبارتست از101010

# تاثیر ترکیب

اگرچه طبق لم 1 طرحواره هاي بد از جمعيت حذف مي شوند اما طرحواره جديدي هب جمعيت اضافه نمـي شود .براي ايجاد طرحواره هاي جديد، به عبارت ديگر كروموزوم ها و ژنهاي جديد از عملگر تركيـب در الگوريتم ژنتيك استفاده مي شود .در اينجا ساده ترين شكل تركيب در نظر گرفته ميشود. در اين تركيب، يك جفت به تصادف انتخاب مي شوند .نقطه اي باز به تصادف در رشته هاي جفت تعيـين مي شود و زير رشته هاي وابسته به اين نقطه در دو عضو تعويض مي شـوند تركيـب تـك نقطـه اي كـه در قسمت عناصر الگوريتم ژنتيك به صورت كامل به آن پرداخته شده است .

# قضیه طرحواره

فرض كنيد H .يك طرحواره باشد (t,H(m تعداد نمونه هاي اين طرحواره در جمعيت (t(p در زمان (نسل) t است . فرض كنيد 0p وpm به ترتيب احتمال تركيب و احتمال جهش باشد .با اين فرضيات تعداد نمونههاي مورد انتظار طرحواره h در جمعيت جديد، (+1t(P با وجود تركيب جهش عبارتست از به بيان ديگر، نمونههاي طرحوارهايي كه طول مشخصه كوچك دارند، داراي مرتبـه پـايين هسـتند و مقـدار تطابقشان بيشتر از مقدار تطابق ميانگين است، به صورت نمايي افزايش مييابند.

# انواع الگوریتم های ژنتیکی

الگوريتم هاي ژنتيك كه نمونه اوليه ان توسط هالند در سال 1975 ارائه شد، تكامل طبيعي را در سطح ژن و كروموزوم شبيه سازي مي كنند. عملكرد غالب در توليد نسل جديد، پيوند كروموزوم هاست، گر چه جهش در ژن ها نيز به عنوان يك عملكرد ثانوي به كار مي رود . تا كنون سه شاخه اصلي در اين روش اصلي در اين روش ارائه شده است : -1 الگوريتم ژنتيك سري -2 الگوريتم ژنتيك موازي -3 برنامه ريزي ژنتيك

# الگوریتم ژنتیکی موازی

تا كنون دو مدل اصلي در الگوريتم ژنتيك موازي مطرح گشته است. يكي مدل جزيره اي (model island (و ديگري مدل همسايگي(Model Grained find (در مدل جزيره اي چندين زير جمعيت مجزا مطابق با الگوريتم ژنتيك معمولي تكامل مي يابد و هر از چند گاهي زير جمعيت هاي همسايه، بهترين كروموزوم يكديگر را معاوضه مي كنند. در مدل همسايگي يك مدل منفرد تكامل مي يابد. هر كروموزوم اين جمعيت در يك سلول از يك شبكه مشبك قرار دارد و الگوريتم ژنتيك سري، به صورت مجزا به هر سلول و همسايگانش كه بر حسب شعاع همسايگي مشخص مي شوند، اعمال مي گردد. شبكه به صورت ترويد(triode (در نظر گرفته مي شود تا از اثرات مرزي اجتناب گردد . مقايسه اي بين رفتار اين اين الگوريتم با الگوريتم هاي معمولي نشان مي دهد كه مدل همسايگي به خاطر مكانيزم انتخاب محلي كه از فشار انتخاب مي كاهد، كاوش دقيق تري را در فضاي جستجوفراهم مي سازد . از اين جهت در مسائل ساده تر بدون بهبودي در عملكرد روش ، تنها بار محاسباتي اضافه تر تحمل مي گردد. ولي مسائل مشكل تر از اين طريقه جستجو سود خواهد برد . شعاع همسايگي مناسب نيز به مسئله مورد حل بستگي دارد ولي حتي همسايگي هاي كوچك به شعاع يك يا دو، انتخابي مقاوم و اطمينان از رفتاري خوب را فراهم مي سازند .

# محدودیت های GA

يك مشكل چگونگي نوشتن عملگر Fitness است كه منجر به بهترين راه حل براي مسئله شود.اگر اين كاركرد برازش به خوبي و قوي انتخاب نشود ممكن است باعث شود كه راه حلي براي مسئله پيدا نكنيم يا مسئله اي ديگر را به اشتباه حل كنيم. به علاوه براي انتخاب تابع مناسب براي Fitness ،پارامترهاي ديگري مثل اندازه جمعيت،نرخ جهش وCrossover ،قدرت ونوع انتخاب هم بايد مورد توجه قرار گيرند . مشكل ديگر،كه آن را نارس مي ناميم اين است كه اگر يك ژنوم كه فاصله اش با ساير ژنوم هاي نسل اش زياد باشد(خيلي بهتر از بقيه باشد)و خيلي زود ديده شود(ايجاد شود)ممكن است محدوديت ايجاد كند و راه حل را به سوي جواب بهينه محلي سوق دهد.اين اتفاق معمولاً در جمعيت هاي كم اتفاق مي افتد.روش هاي Rank Scaling, selection tournament بر اين مشكل غلبه مي كنند.

# الگوريتم ژنتيك و حل مسالهTSP

مساله فروشنده دوره گرد (Problem Salesman Traveling The (به اين شكل است كه مي خواهيم در يك تعداد شهر ( n ( دوري پيدا كنيم كه از هر شهر دقيقا يك بار عبور كند و در پايان به شهر آغازين بازگردد به طوري كه طول دور مينيمم باشد . هر چند منشا TSP دقيقا مشخص نيست ولي قطعا در حدود سال 1931 بوده است. اولين نمونه شبيه به اين مساله توسط Euler در سال 1759 مطرح شد و به اين صورت بود كه يك مهره اسب مي بايست روي برد شطرنج حركت كند و از هر خانه دقيقا يك بار عبور كند . اين مساله را مي توان به صورت رياضي هم شبيه سازي كرد. به اين ترتيب كه ما در يك گراف وزن دار G دوري فراگير (اويلري) با مينيمم مجموع وزنهاي يالهاي گذرنده مي خواهيم بيابيم . به روش رياضي مساله با يافتن تعداد جايگشت هاي n شي متمايز وسپس ارزيابي هر حالت بررسي مي شود . تعداد جايگشتها !n است. براي يافتن مينيمم دورها نيز به حداكثر !n محاسبه احتياج داريم. ولي اگر n را زياد فرض كنيم تعداد محاسبات بسيار بالا خواهد بود به همين دليل گفته مي شود كه الگوريتم حل مساله در زمان چند جمله اي نيست.(Polynomial-None( حال مي خواهيم چند الگوريتم ارائه شده براي حل مساله TSP را مطرح كنيم. تا به امروز الگوريتمي بدست نيامده است كه اين مساله را در زمان چندجمله اي (Polynomial (حل كند. به همين دليل ما بهينگي را فداي زمان مي كنيم تا بتوانيم در يك زمان معقول يه يك جواب خوب برسيم

**نتیجه گیری**

در اين مقاله، مشخصات يك مقاله قابل چاپ در بیست و پنجمین كنفرانس بین‌المللی انجمن کامپیوتر ايران بيان شد. مهمترين مشخصات عبارتند از: ابعاد و حاشيه‌هاي صفحه، نحوه آماده كردن صفحه اول، بخش‌هاي اصلي مقاله، نحوه شماره‌گذاري‌ها، شكل‌ها، جدول­ها، فرمول­ها، منابع، و بالاخره چگونگي نگارش متن مقاله.

نويسندگان محترم مقالات سعي كنند تمام موارد ذكر شده را دقيقاٌ رعايت كنند، و از همين سند بعنوان الگوي نگارش مقاله خود استفاده كنند.

# حل مسئله TSP به وسيله الگوريتم ژنتيك

مراحل الگوريتم ژنتيك براي مسئله به صورت زير است:

:Encoding .1

براي encoding مي توانيم يك ماتريس مجاورت گراف ايجاد كنيم كه شامل 1 در مكان i و j است اگر يك يال از راس i به راس j وجود داشته باشد و در غير اين صورت 0 است . حال مي توانيم از اين ماتريس همان گونه كه هست استفاده كنيم يا به اين صورت كه سطرهاي ماتريس را به هم الحاق كنيم و رشته اي طولاني از 0 و 1 ها ايجاد كنيم ولي توجه داريم كه اين رشته نمايش باينري عدد نيست . به اين صورت اولين متد encoding ساخته مي شود.

Crossover .2:

**متد-اول:**

(Crossover Matched Partially) PMX مي باشد .ولي ما در اين روش لزوما يك دور مجاز توليد نمي كنيم به همين دليل نياز داريم تا با يك روتين بهتر براي crossover راه حل بهتري پيدا كنيم و دورهايي كه مجازند را توليد كنيم.

**متد-دوم:**

Crossover Cycle) CX) مي باشد . لازم به ذكر است كه اين متد crossover روي اولين شيوه encoding عمل مي كند يعني رشته 1234 به اين مفهوم است كه به ترتيب از 1 به 2 و به 3 و به 4 مي رويم و در آخر به 1 بر مي گرديم .

**متد-سوم:**

Crossover Order مي باشد كه خيلي به PMX شبيه است . همان دو نقطه را در نظر مي گيرد ولي به جاي اصلاح كروموزومها با تعويض تكرارها به طور ساده تري بقيه ژن ها را مرتب مي كند تا يك دور مجاز بدهد.

**متد-چهارم:**

Metrix Crossover مي باشد . همان crossover يك يا دو نقطه اي مي باشد. نقاط crossover را بعد از اولين ستون و بعد از دومين ستون انتخاب مي كنيم. حالا ما چندين 1 در بعضي سطرها داريم و بعضي از سطرها اصلا 1 ندارند. اين را بوسيله انتقال يكي از 1 ها از سطري كه چندين 1 دارد به سطري كه هيچ يكي ندارد درست مي كنيم . اين انتخاب بين سطرهاي شامل چند 1 تصادفي است . حال با ملاحظه ماتريس اول مي بينيم كه a ↔ a و b → c → b . پس ما دو دور مختلف ايجاد كرده ايم ولي اين را بوسيله برش و متصل كردن درست مي كنيم . يال a به a را و همچنين يكي از يالهاي بين b و c را ميبريم و a را به b و c وصل مي كنيم.

**متد-پنجم:**

(Crossover Order Modified) MOXشبيه crossover ي ك نقطه اي است . يك نقطه crossover تصادفي در parent انتخاب مي كنيم و به طور معمول ژنهاي قبل از نقطه را همان طور كه هستند رها مي كنيم. سپس ژنهاي بعد از نقطه crossover را به ترتيبي كه در دومين كروموزوم parent ظاهر شده اند دوباره مرتب مي كنيم. r تا حالا تمركز روي موقعيت شهر در دور را جستجو كرده در حاليكه در واقع يالها مهمترين قسمتهاي سفر فروشنده دوره گرد هستند زيرا آنها وزنها را معين مي كنند بنابراين چيزيكه ما واقعا مي خواهيم اين است كه با يالها بيشتر از موقعيت هر شهر سروكار داشته باشيم

.

**: (1981) Grefenstette.**

يك روتين crossover اختراع كرده كه هر راس را از يكي از آنهايي كه براي راس جاري در يكي از parentها لازم است بر مي دارد . اين را بوسيله ايجاد يك ليست يال براي هر راس انجام مي دهيم. ابتدا يكي از نخستين راسها را از يكي از parentها يعني1 يا 3 در اين مثال انتخاب مي كنيم آن را كه كمترين عدد از راسهاي لازم را دارد انتخاب مي كنيم و يا اگر آنها عدد يكساني دارندتصادفي يكي را انتخاب مي كنيم . سپس مشاهده مي كنيم كه راسهايي با راس 1 تلاقي مي كنند. چون اين همان راسي است كه اول انتخاب كرديم دوباره راسي با كمترين عدد از راسهاي لازم كه قبلا انتخاب نشده اند انتخاب مي كنيم سپس راس 2 را انتخاب مي كنيم اين فرايند انتخاب راسهاي فرضي را ادامه مي دهيم اگر به حالتي برخورد كنيم كه نتوانيم راسي را كه قبلا انتخاب نشده را انتخاب كنيم يك گره كه قبلا انتخاب نشده است را تصادفي انتخاب مي كنيم . اين به آن معني است كه ما مي خواهيم راسي را بدست آوريم كه در راس جاري ما در يكي از parent ها روي نداده است اما متاسفانه اين اجتناب ناپذير است بنا براين كروموزوهاي parent ما مي توانند فرزند توليدكنند . توجه داشته باشيد كه ما در تمام مدت در توانايي انتخاب راس هايي كه در يكي از parent ها لازم بودند موفق بوديم . ما فقط يك فرزند از اين crossover بدست مي آوريم تا بسياري از crossover ها را دوبار انجام دهيم تا يك نسل جديد ايجاد كنيم . همچنين عملگرهاي crossover اي داريم كه از اطلاعات مكاشفه اي استفاده مي كند.

**: Crossover Heuristic**

يك راس تصادفي براي شروع انتخاب مي كند و سپس به دو يالي كه راس جاري را در كروموزومهاي parent رها مي كند توجه مي كند و كوتاهترين يالي را كه يك دور را نشان نمي دهد بر مي دارد. اگر هر دو يال يك دور را نشان دهند به طور تصادفي يالي را كه اين كار را انجام ندهد انتخاب مي كنيم .

: Mutation .3

ابتدا عملگر دو گزينه اي را نشان مي دهيم. دو يالb,a و d,c را از دورمان انتخاب مي كنيم و چك مي كنيم كه آيا مي توانيم اين 4 راس را با يك روش متفاوت به هم وصل كنيم تا كمترين وزن را به ما بدهد يا خير. براي انجام اين كار چك مي كنيم كه اگر Cdb +Cac > Ccd+ Cab با شد يالهاي b,a و d,c را با يالهاي c,a (و b, d عوض كنيم. توجه كنيد كه فرض كرده ايم كه a و b و c و d با ترتيب مشخصي در دور ظاهر شده اند حتي اگر b و c متصل نباشند . همچنين يك عملگر سه گزينه اي (opt 3- (داريم كه به جاي دو يال سه يال تصادفي را نشان مي دهد. اگر يالهاي (b ,a (و (d ,c (و (f ,e (را داشته باشيم چك مي كنيم كه اگر (a,c) يالهاي با را) e,f) و) c,d) و) a,b) يالهاي باشد Cab + Ccd + Cef > Cac + Cbe + Cdf و (e,b (و (f,d (عوض كنيم . عملگر (opt-or (شبيه (opt2- (است.يك مجموعه از راس هاي متصل را تصادفي انتخاب مي كنيم و چك مي كنيم كه آيا اين رشته مي تواند بين دو راس ديگر اضافه شود تا وزن تقليل يابد يا خير . ما مي توانيم اين را بوسيله پيدا كردن مجموع وزن هاي يالهاي اضافه شده و مجموع وزن هاي يالهاي حذف شده محاسبه كنيم. اگر وزن يالهاي حذف شده بيشتر بود تعويض انجام گيرد . سه عملگر Mutation ديگر نيز وجود دارند كه يك شهر انتخابي تصادفي را به يك مكان انتخاب شده تصادفي اضافه مي كند.

# مقايسه روشهاي مختلف الگوريتم ژنتيك براي TSP

تا به حال فرمهاي مختلفي از رمزگذاري ها encoding و عملگرهاي crossover و mutation را در حل مساله TSP به روش الگوريتم ژنتيك ديديم. اين حالتها مي توانند با هم تركيب شوند و منجر به رسيدن به راه حل هاي مختلفي براي TSP به روش الگوريتم ژنتيك شوند. ولي از آنجايي كه متدهاي crossover روي encoding هاي خاصي عمل مي كنند در نتيجه الگوريتمهاي ژنتيك خيلي متفاوتي براي جستجو نداريم . حال به بررسي الگوريتمهاي ژنتيك محض يعني بدون استفاده از Information Heuristic مي پردازيم . فرض كنيد كه crossover PMX را انتخاب كرده ايم و هيچ عملگري را براي mutation اتخاذ نكرده ايم. با اين شرايط در 33 شهر به جوابي مي رسيم كه طول آن 10 درصد از جواب بهينه بيشتر است. و براي 100 شهر اين ميزان به 210 درصد مي رسد. اگر در يك مساله كه از 30 شهر تشكيل شده است اگر از PMX استفاده كنيم بهترين طول 498 و اگر از Crossover Order استفاده كنيم اين ميزان به 425 كاهش مي يابد. در حالي كه Crossover Cycle نتيجه اي برابر 517 مي دهد.از آنجايي كه مي دانيم در اين مساله خاص( 30 شهر) بهترين جواب طولي برابر 420 دارد به نظر مي رسد كه Crossover Order جوابي بهتر از بقيه بر مي گرداند . حال به بررسي Crossover Matrix مي پردازيم. اگر از يك crossover دو نقطه اي استفاده كنيم مشاهده مي كنيم كه براي 30 و 50 و 75 و 100 و 318 دورهايي با طول 420 و 426 و 535 و 629 و 42154 را ارائه مي كند. كه همه اين جوابها كمتر از 2 درصد بيشتر از جواب بهينه هستند. پس احتمالا استفاده از يالها بسيار اميدوار كننده تر از استفاده از راسها به عنوان متغير است.توجه كنيد كه به هر حال نمايش ماتريس فضاي بيشتري را براي ذخيره كردن نسبت به نمايش به صورت عدد صحيح و crossover ساده مي خواهد و در ضمن محاسبات crossover و mutation در ماتريس پيچيده تر و زمانبرتر است . همچنين روش ديگري كه تست شده اينست كه ما از (opt2- (براي mutation استفاده كنيم و از crossover استفاده نكنيم. اين روش نيز جواب خوبي ارائه مي دهد ولي جواب قبلي بهتر از اين روش است. در ضمن براي وقتي كه n را زياد فرض مي كنيم اين روش جوابي مناسب ارائه نمي دهد. m Heuristic نيز به جواب خوبي مي رسد. Algorithm Heuristic وقتي كه با (opt–2( mutation تركيب مي شود بهترين جواب را در مقايسه با متدهايي كه تا به حال گفتيم برمي گردا . ند به طوري كه اين جواب بسيار نزديك به مقدار بهترين جواب است. البته اين روش فضاي زيادي را اشغال مي كند و نيز وزن هر يال بايد در جايي ذخيره شود . در نتيجه مي بينيم كه الگوريتم ژنتيك وقتي كه از نمايش ماتريس براي encoding و از Matrix Crossover يا Crossover Heuristic استفاده مي كند بهترين جواب رابرمي گرداند و بهتر از ديگر روشها كار مي كند.در هر دو روش crossover بالا استفاده از mutation)opt–2(كيفيت الگوريتم را افزايش مي دهد.

# نتیجه گیری:

الگوريتمهاي ژنيتيك به نظر مي رسد كه يك جواب خوب براي TSP پيدا مي كند. در حاليكه كارايي الگوريتم به ميزان زيادي به نحوه encode كردن و نيز crossover و mutation بستگي دارد. به نظر مي رسد كه استفاده از نمايش Matrix و Information Heuristic بهتر از بقيه روشها كار مي كند و جواب قابل قبولي را برمي گرداند كه به جواب واقعي بسيار نزديك است . احتمالا الگوريتم ژنتيك روش بهتري نسبت به ديگر روشها براي TSP است ولي هنوز جواب بهتري نسبت به ديگر روشهاي موجود پيدا نكرده است. ولي اين را نيز مي دانيم كه بهترين الگوريتمهاي غير ژنتيكي ارائه شده براي TSP در حالتهاي خاصي از الگوريتمهاي ژنتيك ارائه شده است. پس ما اميدواريم كه با ارائه روتين هاي بهتري براي Encoding و Crossover و Mutation راه حلهاي مناسب تري براي مسئله فروشنده دوره گرد ارائه شود**.**

سپاسگزاري

پیوست ها

داده‌ها و اطلاعات مربوط به مطالعه موردي

نتايج كار ديگر محققان و داده‌هاي مربوط به مقايسه آنها

ساير موضوع‌های مرتبط كه جزء بخش‌هاي اصلي مقاله نباشند.

مراجع

* 1 .عباس راستگو, رضا شفيعي زاده - طراحي و تركيب بندي مكانيزم ها به كمك الگوريتم ژنتيك . .
* 2.محمد جوادي – الگوريتم ژن يت ك – انتشارات دانشگاه امام حسين
* 3. سايت برنامه نويس
* com.barnamenevis.www .4
* com.ccwmagazine.www .5
* www.talkorigins.org .6
* www.gpwiki.org .7
* .8 پاورپوينتKoza [www.smi.stanford.edu/people/koza .9](http://www.smi.stanford.edu/people/koza%20.9)
* .10 دانشكده كامپيوتر دانشگاه McGill كانادا
* www.cgm.cs.mcgill.ca .11 www.sharifthinktank.com .12
* [www.itna.com](http://www.itna.com)
* .13
* Guided operators for a hipper-heuristic Genetic Algorithm
* .14
* www.cs.nott.ac.ukIT university of Nottingham