

# mekanizm-e-baz-jeini-ye-slowi-zintiki'

مهدي لسانی<sup>\*</sup>، محمد رضا ميدي<sup>†</sup>

## چكيده

محلی کردن ارتباط بین کروموزومها در الگوریتمهای زنتیکی علاوه بر سرعت دادن به محاسبات می‌تواند باعث بهبود کیفیت جوابهای بدست آمده گردد. یکی از مدل‌هایی که برای محلی کردن عملگرهای زنتیکی ارایه شده است اتماتای سلوی زنتیکی می‌باشد. در این مقاله برای اولین بار مکانیزمی به نام بازچینی به منظور بهبود عملکرد اتماتای سلوی زنتیکی پیشنهاد می‌شود. این مکانیزم در فواصل مشخص به تغییر همسایگی‌ها و ایجاد آرایش جدید در سلوهای می‌پردازد. مزیت استفاده از این مکانیزم کاهش تعداد همگرایی‌های زودرس و نامطلوب در همسایگی‌ها و ایجاد فرصت‌های بهتر برای افراد جمعیت به منظور تولید نسل می‌باشد. به منظور نشان دادن کارایی مکانیزم بازچینی روشهای مختلف بازچینی بر روی مسایل متعددی مانند مسایل کوله‌پشتی، فروشنده دوره‌گرد و مینیمم کردن توابع آزمایش شده است.

## كلمات کليدي

الگوریتمهای زنتیکی، اتماتای سلوی، اتماتای سلوی زنتیکی، مکانیزم بازچینی

## Rearrangement Mechanism for Genetic Cellular Automata

Mahdi Lessani, Mohammad Reza Meybodi

### Abstract

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

### Keywords

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

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

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

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

## ۲- اتوماتای سلولی ژنتیکی

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

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

## ۱- مقدمه

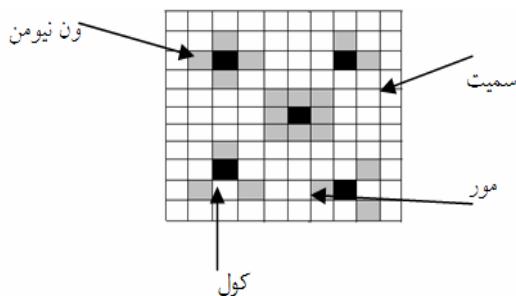
الگوریتم‌های تکاملی گروهی از الگوریتم‌های بهینه سازی تصادفی می‌باشند که در آنها از قوانین تکاملی موجود در طبیعت بمنظور بهینه سازی استفاده می‌شود. این الگوریتم‌ها عموماً برای حل مسائل بهینه سازی پارامتری که سایر روش‌های رسمی از حل آنها عاجزند مورد استفاده قرار می‌گیرند. دسته بزرگی از این الگوریتم‌ها را الگوریتم‌های ژنتیکی تشکیل می‌دهد. الگوریتم‌های ژنتیکی کلاسیک به دلیل سادگی و عدم نیاز به معادلات دیفرانسیل پیچیده در حل مسائل پیچیده با فضای جستجوی غیر هموار مورد استفاده قرار می‌گیرند. این الگوریتم‌ها بر پایه انتخاب و ترکیب مجدد جواب‌های مجاز مساله کار می‌کنند. مجموعه جواب‌های تولید شده در هر دوره الگوریتم را یک نسل و هر کدامها از جوابها را یک کروموزوم می‌نامند. هر کروموزوم ترکیبی از متغیرهای مساله است. در بعضی مسائل متغیرهای مساله به هم وابسته و در بعضی دیگر از هم مستقل هستند. ولی همواره ارتباط و تبادل اطلاعات بین کروموزومها از طریق انتخاب و ترکیب مجدد کروموزومها در یک نسل صورت می‌پذیرد. این جابجایی اطلاعات سبب می‌شود تا جوابهای جزئی با یکدیگر ترکیب و احتمالاً جوابهایی با کیفیت بالاتر بدست آیند. اما با وجود ویژگی‌های مثبت الگوریتم ژنتیکی استاندارد، این الگوریتم تنها در موقعی که متغیرها از هم مستقل و یا در فاصله کمی از هم در کروموزومها قرار گرفته باشند، کارایی مناسبی دارد [۳۶]. به عبارت دیگر رفتار الگوریتم ژنتیکی واستنگی شدیدی به پارامترهایی از جمله نحوه تعریف عملگرهای جهش و تولید نسل، احتمال جهش و تولید نسل، اندازه جمعیتها و تعداد نسلهای تولید شده دارد. به همین دلیل گاهی در ترکیب کروموزومها با یکدیگر نه تنها بهبودی در جوابها حاصل نمی‌شود، بلکه الگوریتم در نقاط بهینه محلی به دام می‌افتد. به منظور رفع این مشکل نسخه‌های متعددی از الگوریتم‌های ژنتیکی بوجود آمده اند، که می‌توانیم آنها را به سه دسته تقسیم کنیم. دسته اول الگوریتم‌های ژنتیکی استاندارد، این الگوریتم تنها در موقعی که متغیرها از هم مستقل و یا در فاصله کمی از هم در کروموزومها قرار گرفته باشند، کارایی مناسبی دارد [۳۶]. به عبارت دیگر رفتار الگوریتم ژنتیکی واستنگی شدیدی به پارامترهایی از جمله نحوه تعریف عملگرهای جهش و تولید نسل، احتمال جهش و تولید نسل، اندازه جمعیتها و تعداد نسلهای تولید شده دارد. به همین دلیل گاهی در ترکیب کروموزومها با یکدیگر نه تنها بهبودی در جوابها حاصل نمی‌شود، بلکه الگوریتم در نقاط بهینه محلی به دام می‌افتد. به منظور رفع این مشکل نسخه‌های متعددی از الگوریتم‌های ژنتیکی بوجود آمده اند، که می‌توانیم آنها را به سه دسته تقسیم کنیم. دسته اول الگوریتم‌های ژنتیکی استاندارد، این الگوریتم تنها در موقعی که متغیرها از هم مستقل و یا در فاصله کمی از هم در کروموزومها قرار گرفته باشند، کارایی مناسبی دارد [۳۶]. به عبارت دیگر رفتار الگوریتم ژنتیکی استاندارد این است که هر کروموزوم می‌تواند با هر کروموزوم دیگری در جمعیت کروموزومها ارتباط داشته و ساختار ارتباطی به صورت یک گراف کامل می‌باشد. در سالهای اخیر تلاش محققان برای موازی محاسبات در این حوزه سبب شده تا مساله ارتباطات محلی بین کروموزومها به صورت جدی مطرح شود. تحقیقات صورت گرفته نشان می‌دهد مساله محلی کردن ارتباط بین کروموزومها علاوه بر ساده سازی محاسبات موازی می‌تواند سبب

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

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

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

**اتوماتای سلولی:** اتماتای سلولی در اوخر دهه ۱۹۴۰ توسط جان ون نیومن<sup>۱</sup> مطرح و پس از او توسط ریاضیدانی بنام استانیسلا اولم<sup>۲</sup> به عنوان مدلی بررسی رفتار سیستم‌های پیچیده پیشنهاد شد. اتماتای سلولی سیستم‌های دینامیکی گستته‌ای هستند که رفتارشان کاملاً بر اساس ارتباط محلی استوار است. در اتماتای سلولی، فضا بصورت یک شبکه تعریف می‌گردد که به هر خانه آن یک سلول گفته می‌شود. زمان بصورت گستته پیش می‌رود و قوانین آن بصورت سرتاسری است که از طریق آن در هر مرحله، هر سلول وضعیت جدید خود را با درنظر گرفتن وضعیت همسایه‌های مجاور خود بدست می‌آورد. اتماتای سلولی با چهارتایی  $\{\Sigma, d, V, \phi\}$  تعریف می‌شود که در آن  $d$  تعداد ابعاد اتماتای سلولی،  $V$  حالات همسایه‌ها، و  $\phi$  قانون اتماتای سلولی است. چهار نمونه از همسایگی‌های معروف در اتماتای سلولی دو بعدی به نامهای اسمیت، کول، مور و ون نیومن در شکل ۲ نمایش داده است. برای اطلاعات بیشتر درباره اتماتای سلولی میتوان به [1][19][5] مراجعه کرد.



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

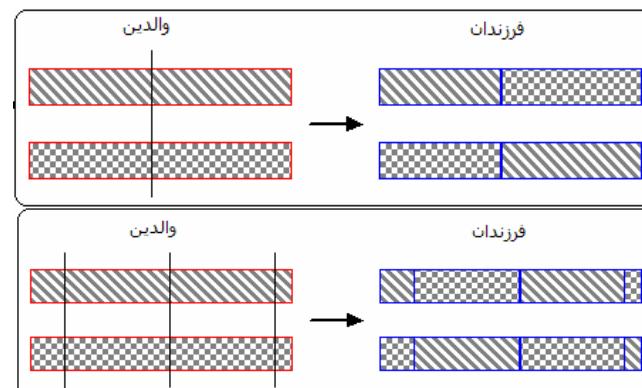
**اتوماتای سلولی ژنتیکی:** اتماتای سلولی ژنتیکی از ترکیب الگوریتم‌های ژنتیکی و اتماتای سلولی حاصل شده است. در اتماتای سلولی ژنتیکی جمعیت ژنومها بر روی یک شبکه سلولی قرار می‌گیرند، به نحوی که هر ژنوم در یک سلول قرار گیرد. ژنومها در این مدل محاسباتی به صورت همزمان و از طریق عملگرهای محلی با همسایگان خود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

الف) انتخاب<sup>۳</sup>: عملگر انتخاب افرادی که نسل جدید را تولید خواهند کرد (والد) تعیین می‌کند. این عملگر افراد را با توجه به شایستگی آنها که متناسب با مقدار تابع هدف و یا متناسب با رتبه فرد در جمعیت می‌باشد انتخاب می‌کند. یکی از روش‌های انتخاب روش انتخاب بهترین می‌باشد. در این روش، افراد دارای بالاترین رتبه انتخاب می‌شوند. ساده‌ترین مکانیزم انتخاب روش انتخاب توسط چرخ رولت<sup>۴</sup> است که به آن نمونه برداری تصادفی یا جایگزینی نیز گفته می‌شود.

ب) بازترکیبی: عملگر بازترکیبی، افراد جدیدی (فرزنده) را با استفاده از اطلاعات موجود در والدین تولید می‌کند. با توجه به نحوه نمایش ژنهای الگوریتم‌هایی برای بازترکیبی مقادیر صحیح و گستته وجود دارند. به عمل بازترکیبی در حالت گستته، Crossover گفته می‌شود.

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

**چند نقطه‌ای crossover:** در این روش،  $m$  نقطه از میان  $[1, \dots, N_{var}-1]$  به طور تصادفی، بدون تکرار و به صورت صعودی انتخاب می‌شوند. سپس متغیرهای میان هر دو نقطه متوالی، یکی در میان جایجا می‌شوند. اولین بخش جایجا نخواهد شد. (شکل ۱ - پایین)



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

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

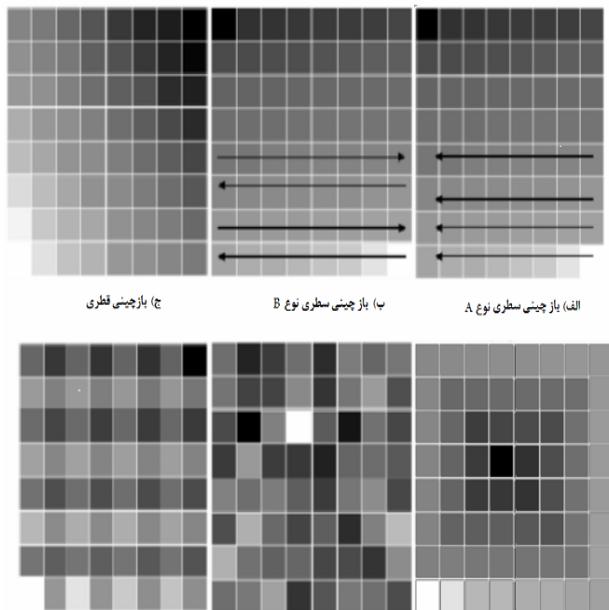
**جایگذاری<sup>۵</sup>:** پس از آنکه فرزندان جدید با استفاده از جمعیت قدیمی ساخته شدند و میزان شایستگی آنها نیز تعیین گردید، می‌بایست یک نسل جدید از میان فرزندان و والدین موجود انتخاب

- چینش مرکزی(چینش حلزونی): در چینش مرکزی بهترین فرد در وسط قرار می‌گیرد، و افراد دیگر به ترتیب نزولی شایستگی، به صورت مارپیچی، به دور آن چیده می‌شوند. (شکل ۵-۲)

بازچینی حداکثر فاصله: در بازچینی حداکثر فاصله برخلاف چهار روش قبل، سعی شده افرادی که در مجاورت همیگر قرار دارند دارای حداکثر اختلاف در شایستگی باشند (شکل ۵-۳).

- بازچینی تصادفی: در بازچینی تصادفی موقعیت جدید افراد به صورت تصادفی تعیین می‌شود (شکل ۵-۴).

گرچه عمل بازچینی میتوانند در حین اجرای اتماتای سلوی ژنتیکی به هر تعداد دفعات تکرار شود ولی افزایش تعداد بازچینی‌ها باعث افزایش زمان اجرای الگوریتم میگردد.



شکل ۳- از چپ به راست، روش‌های بازچینی سط्रی (الف و ب)،  
قطري، حداکثر فاصله، تصادفي و مرکزي

### ۳- نتایج آزمایشها

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

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

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

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

جدول ۱- الگوریتم ژنتیکی سلوولی و الگوریتم ژنتیکی کلاسیک

الگوریتم ژنتیکی کلاسیک	اتوماتای سلوی ژنتیکی
فرد	سلول
جمعیت	شبکه سلوولها
کروموزوم	حالت سلوول
عملگرهای ژنتیکی	قوانين
-	همسایگی

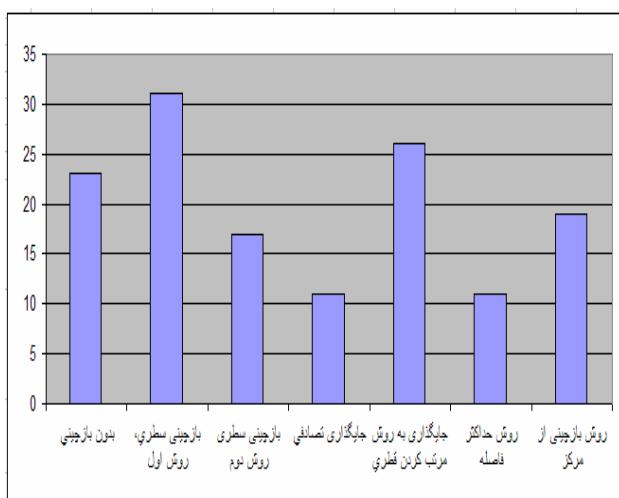
### مکانیزم بازچینی سلوولها<sup>۱۵</sup>:

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

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

**- بازچینی قطري:** در بازچینی قطري افراد جمعیت بر حسب شایستگی مرتب شده و به صورت پشت‌سرهم در قطراهای توری چیده می‌شوند. همانند بازچینی سطري اين روش بازچینی باعث می‌شود افراد با شایستگی مشابه در نزدیکی یکدیگر قرار گيرند (شکل ۲-ج).

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



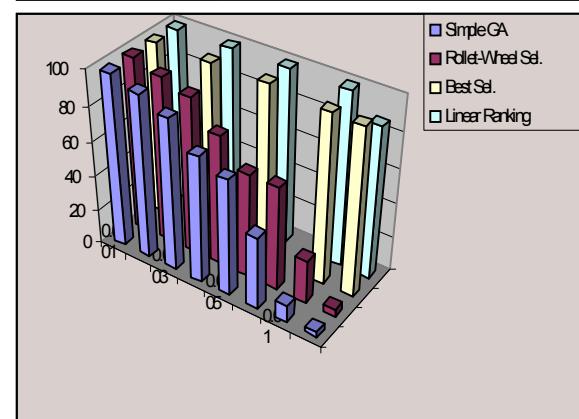
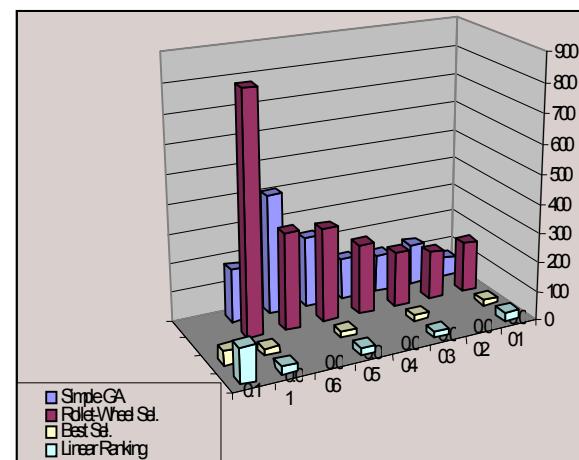
نودار-۲- مقایسه زمان دست یابی به حداقل یک جواب بھینه در حالات مختلف بازچینی ( مسالہ کولہ پشتی، متده انتخاب : انتخاب پہترین، نرخ جہش ۰.۰۱ )

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

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

برای حل مسایل فوق از دو روش الگوریتم ژنتیکی کلاسیک و اتوماتای سلولی ژنتیکی استفاده و نتایج بدست آمده با یکدیگر مقایسه گردیده است. تاثیر بعضی از پارامترهای اساسی (نظیر روش انتخاب و احتمال جهش) در الگوریتم ژنتیکی کلاسیک و پارامتر همسایگی، روشهای باز چینی و روشهای جایگذاری بر عملکرد اتوماتای ژنتیکی سلولی نیز مورد بررسی قرار گرفته است. آزمایشها برای اتوماتای سلولی ژنتیکی با سه اندازه  $20 \times 20$ ،  $40 \times 40$  و  $60 \times 60$  انجام شده است.

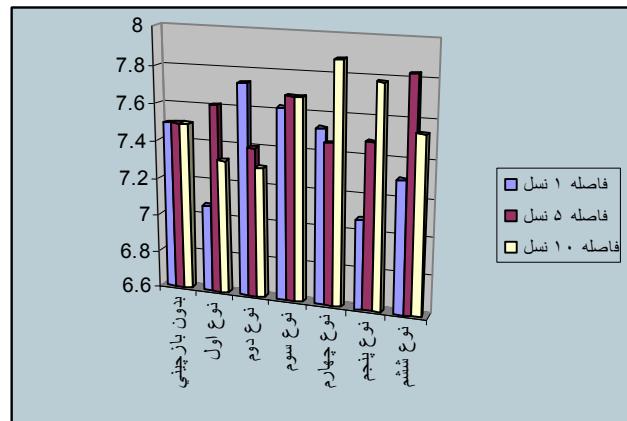
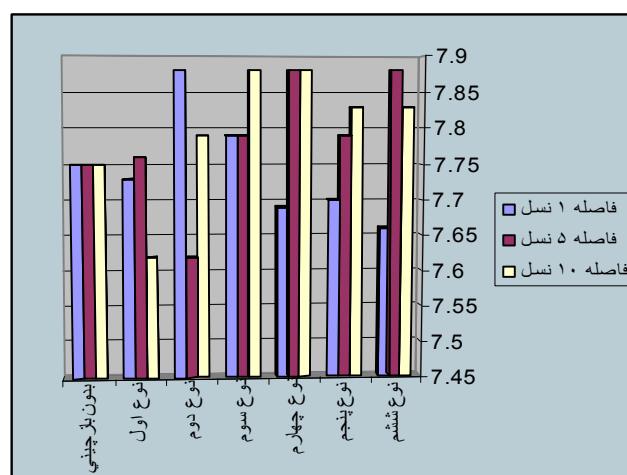
نرخ جهش بین  $1\% \text{ تا } 10\%$  تعییر میکند. نتایج آزمایشها با انتخاب جمعیت اولیه متفاوت چندین بار تکرار شده و مقادیر نهایی، پس از حذف داده‌های غیرقابل قبول، با میانگین‌گیری از نتایج بدست آمده است. در آزمایشها چهار الگوریتم، ژنتیکی ساده (مکانیزم انتخاب سراسری، چرخ رولت)، اتوماتای سلولی ژنتیکی (مکانیزم انتخاب محلی چرخ رولت)، اتوماتای سلولی ژنتیکی (مکانیزم انتخاب محلی بر اساس بهترین همسایه) و اتوماتای سلولی ژنتیکی (مکانیزم انتخاب محلی بر اساس رتبه توسط چرخ رولت) مورد مقایسه قرار گرفته اند.



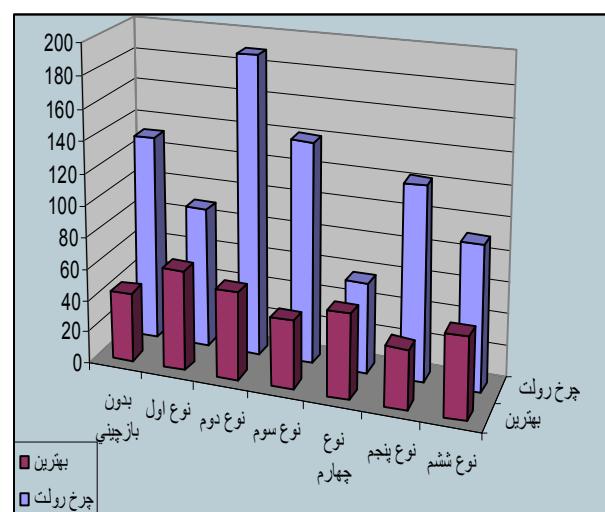
نمودار ۱- بالا: زمان رسیدن به جواب پیمینه در چهار الگوریتم، با تغییر نرخ جهش در مساله کوله پشتی پایین: میزان همگرایی در چهار الگوریتم، با تغییر نرخ جهش در مساله کوله پشتی



نمودار ۵- زمان رسیدن به جواب بهینه بر حسب مدل همسایگی برای مساله کوله‌پشتی و نرخ جهش ۰.۰۱



نمودار ۳- نمودارهای بهترین شایستگی و مقدار همگرایی جمعیت در انواع بازچینی، مساله فروشنده دوره گرد (نرخ جهش ۰.۰۱ در هر کروموزوم، ابعاد ۲۰×۲۰)



نمودار ۴- تعداد نسلهای لازم برای رسیدن به جواب بهینه با مکانیزم‌های مختلف انتخاب در مساله مینیمم کردن تابع

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

## مراجع

- Learning", Technical Report CMU-CS-94-163, Carnegie Mellon University, Pittsburgh, Pennsylvania, 1994.
- [21] Baluja, S., and Caruana, R., "Removing The Genetics from The Standard Genetic Algorithm", In Proceedings of ICML'95, pp. 38–46, Morgan Kaufmann Publishers, Palo Alto, CA, 1995.
- [22] De Bonet, J. S., Isbell, C. L., and Viola, P., "MIMIC: Finding Optima by Estimating Probability Densities", In Proceedings of NIPS'97, pp. 424–431, MIT Press, Cambridge, MA, 1997.
- [23] Goldberg, D. E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, New York, 1989.
- [24] Smith, J., and Fogarty, T. C., "Self Adaptation of Mutation Rates in a Steady State Genetic Algorithm", Proceedings of 3rd IEEE Conf. on Evolutionary Comp. IEEE Press, 1996.
- [25] Harik, G. R., Lobo, F. G., and Goldberg, D. E., "The Compact Genetic Algorithm", IEEE Transaction on Evolutionary Computing, vol. 3, no. 4, pp. 287–297, 1999.
- [26] Howell, M. N., Gordon, T. J., and Brandao, F. V., "Genetic Learning Automata for Function Optimization", IEEE Transaction on Systems, Man, and Cybernetics-Part B: Cybernetics, Vol 32, No. 6, PP. 804-815, 2002.
- [27] Mühlenbein, H., and Mahnig, T., "Evolutionary Algorithms: From Recombination to Search Distributions", *Theoretical Aspects of Evolutionary Computing*, Springer Publication, 2001.
- [28] Lessani, M. and Meybodi, M. R. "Genetic Cellular Automata", Technical Report, Computer Engineering Department, Amirkabir University, 2004.
- [29] Tomassini, M., "The Parallel Genetic Cellular Automata: Application to Global function Optimization", Proceedings of International Artificial Neural Nets and Genetic Algorithms Conference, Austria, pp. 385-391, Springer, Wein, 1993.
- [30] Mühlenbein, H., and Pelikan, M., "The Bivariate Marginal Distribution Algorithm", Advances in Soft Computing-Engineering Design and Manufacturing, pp. 521-535, 1999.
- [31] Munetomi, M., Takai, Y., and Sato, Y., "StGA: An Application of Genetic Algorithm to Stochastic Learning Automata", Syst. Comput. Jpn., vol. 27, pp. 68-78, 1996.
- [32] Pelikan, M., Goldberg, D. E., and Cant-Paz, E., "Linkage Problem, Distribution Estimation and Bayesian Networks", Evolutionary Computation, vol. 8, no. 3, pp. 311-340, 2000.
- [33] Pelikan, M., Goldberg, D. E., and Lobo, F., "A Survey of Optimization by Building and Using Probabilistic Model", Illinois Genetic Algorithm Report, no. 99018, Illinois University, Illinois, USA, September 1999.
- [34] Rastegar, R. and Meybodi, M. R., "A New Estimation of Distribution based on Learning
- [3] Burke, E. K. and Varley, D. B., A Genetic Algorithms Tutorial Tool for Numerical Function Optimisation, SIGCSE Bulletin, USA, 1997.
- [4] Cantu-Paz, E., A Survey of Parallel Genetic Algorithms, IlliGAL Reprot No. 97003, May 1997.
- [5] Cellular Automata Links, <http://www.soc.surrey.ac.uk/research/simsoc/ca.htm>
- [6] Pohlheim, H., Genetic and Evolutionary Algorithm Toolbox for use with Matlab (GEATbx), [http://www.systemtechnik.tu-ilmenau.de/~pohlheim/GA\\_Toolbox](http://www.systemtechnik.tu-ilmenau.de/~pohlheim/GA_Toolbox).
- [7] Genetic Algorithms Archive, Repository for GA related information, <http://www.aic.nrl.navy.mil/galist>.
- [8] Genetic Algorithms Tutorials, <http://geneticalgorithms.ai-depot.com/Tutorials.html>, July 2002.
- [9] Genetic Programming Notebook, <http://www.geneticprogramming.com>.
- [10] Kohlmorgen, U., Schmeck, H. and Haase, K., Experiences with Fine-Grained Parallel Genetic Algorithms, Annals of Operations Research, Vol.90, S.203-219, 1999.
- [11] Mitchell, M., Crutchfield, J. and Das, R., "Evolving Cellular Automata with Genetic Algorithms: A Review of Recent Work", Proceedeing of First International Conference on Evolutionary Computation and Its Applications, EvCA'96, Moscow, Russian Academy of Sciences, 1996.
- [12] Rudolph, G. and Sprave, J., "A Cellular Genetic Algorithm with Self-Adjusting Acceptance Threshold", Proceedings of the First International Conference on Evolutionary Computation and Its Applications, Russian Academy of Sciences, 1996.
- [13] Spillman, R., Cryptanalyst of Knapsak Ciphers Using Genetic Algorithms, Cryptologia, Volume XVII, No. 4 , pp. 367 – 377, October 1993.
- [14] Rennard, J., Introduction to Cellular Automata, [www.rennard.org/alife/english/acgb.html](http://www.rennard.org/alife/english/acgb.html), 2000.
- [15] Veetil, S., "A Genetic Algorithm for 0/1 Knapsack Problem", Lecture Notes on Analysis of Algorithms, [www.cs.uwm.edu/sandhya/reports/GA401Knapsak.pdf](http://www.cs.uwm.edu/sandhya/reports/GA401Knapsak.pdf).
- [16] Wolfram, S., "Cellular Automata as Models of Complexity", Nature, 311, pp. 419—424, 1984.
- [17] Lawler, E. and Lenstra, J. K., *The Traveling Salesman*, John Wiley and Sons, 1986.
- [18] A. Schatten, Cellular Automata Digital Worlds, <http://www.ifs.tuwien.ac.at/~aschatt/info/ca/ca.html>, 1999.
- [19] Cantú-Paz, E. "A Survey of Parallel Genetic Algorithms, A Survey of Parallel Genetic Algorithms", Calculateurs Paralleles, Reseaux et Systems Repartis. Vol. 10, No. 2, pp. 141-171, 2002.
- [20] Baluja, S., "Population Based Incremental Learning: A Method for Integrating Genetic Search Based Function Optimization and Competitive

Automata ", Journal of Electrical and Computer Engineering of Iran, Vol. 2, No. 2, Fall/Winter 2005.

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

## زیرنویس‌ها

<sup>1</sup> Genetic Cellular Automata ( GCA )

<sup>2</sup> Individuals

<sup>3</sup> Initial Population

<sup>4</sup> Selection

<sup>5</sup> Roulette-wheel Selection

<sup>6</sup> Single-Point Crossover

<sup>7</sup> Multipoint Crossover

<sup>8</sup> Mutation

<sup>9</sup> Reinsertion

<sup>10</sup> John von Neumann

<sup>11</sup> Stanislaw Ulam

<sup>12</sup> Rearrangement

<sup>13</sup> Knapsack

<sup>14</sup> TSP