مكانيزم بازچيني براي اتوماتاي سلولي ژنتيكي[1]

مهدي لساني[*]، محمدرضا ميبدي[†]

چكيده

محلي كردن ارتباط بين كروموزومها در الگوريتمهاي ژنتيكي علاوه بر سرعت دادن به محاسبات مي تواند باعث بهبود كيفيت جوابهای بدست آمده گردد. يكي از مدلهايي كه براي محلي كردن عملگرهاي ژنتيكي ارايه شده است اتوماتاي سلولي ژنتيكي ميباشد. در اين مقاله براي اولين بار مكانيزمي به نام بازچيني به منظور بهبود عملكرد اتوماتاي سلولي ژنتيكي پيشنهاد ميشود. اين مكانيزم در فواصل مشخص به تغيير همسايگي‌ها و ايجاد آرايش جديد در سلولها مي‌پردازد. مزيت استفاده از اين مكانيزم كاهش تعداد همگراييهاي زودرس و نامطلوب در همسايگي‌ها و ايجاد فرصت‌هاي بهتر براي افراد جمعيت به منظور توليد نسل مي‌باشد. به منظور نشان دادن كارايي مكانيزم باز چيني روشهاي مختلف باز چيني بر روي مسايل متنوعي مانند مسايل كوله‌پشتي، فروشنده دوره‌گرد و مينميم كردن توابع آزمايش شده است.

كلمات كليدي

الگوريتمهاي ژنتيكي، اتوماتاي سلولي، اتوماتاي سلولي ژنتيكي، مكانيزم بازچيني

Rearrangement Mechanism for Genetic Cellular Automata

Mahdi Lessani, Mohmmad 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

[*]آزمايشگاه محاسبات نرم، دانشكده مهندسي كامپيوتر و فناوري اطلاعات ، دانشگاه صنعتي اميركبير، تهران، ايران؛ Lessani@ce.aut.ac.ir .

[†]آزمايشگاه محاسبات نرم، دانشكده مهندسي كامپيوتر و فناوري اطلاعات ، دانشگاه صنعتي اميركبير، تهران، ايران؛ Meybodi@ce.aut.ac.ir .

۱- مقدمه

الگوريتمهاي تكاملي گروهي از الگوريتمهاي بهينه سازي تـصادفي مـي باشند كه در آنها از قوانين تكاملي موجـود در طبيعـت بمنظـور بهينـه سازي استفاده مي شود. اين الگوريتمها معمولا براي حل مسائل بهينـه سازي پارامتري كه ساير روشـهاي رسـمي از حـل آنهـا عاجزنـد مـورد استفاده قرار مي گيرند. دسته بزرگي از اين الگوريتمها را الگوريتمهـاي ژنتيكي تشكيل مـي دهـد. الگوريتمهـاي ژنتيكـي كلاسـيك بـه دليـل سادگي و عدم نياز بـه معـادلات ديفرانـسيل پيچيـده در حـل مـسائل پيچيده با فضاي جستجوي غير هموار مورد اسـتفاده قـرار مـي گيرنـد. اين الگوريتمها بر پايه انتخاب و تركيب مجدد جوابهـاي مجـاز مـساله كار مي كنند. مجموعه جوابهاي توليد شده در هر دوره الگوريتم را يك نسل و هر كدامها از جوابها را يك كروموزوم مي نامند. هـر كرومـوزوم تركيبي از متغيرهاي مساله است. در بعضي مسائل متغيرهاي مساله بـه هم وابسته و در بعضي ديگر از هم مستقل هستند. ولي همواره ارتبـاط و تبادل اطلاعات بين كروموزومها از طريـق انتخـاب و تركيـب مجـدد كروموزومها در يك نسل صورت مـي پـذيرد. ايـن جابجـايي اطلاعـات سبب مي شود تا جوابهاي جزئي با يكديگر تركيب و احتمالا جوابهـايي با كيفيت بالاتر بدست آيند. اما بـا و جـود ويژگيهـاي مثبـت الگـوريتم ژنتيكي استاندارد، اين الگـوريتم تنهـا در مـواقعي كـه متغيرهـا از هـم مستقل و يا در فاصله كمي از هم در كروموزومهـا قـرار گرفتـه باشـند، كارايي مناسـبي دارد[۳۶]. بـه عبـارت ديگـر رفتـار الگـوريتم ژنتيكـي وابستگي شديدي بـه پارامترهـايي از جملـه نحـوه تعريـف عملگرهـاي جهش و توليد نسل، احتمال جهش و توليـد نـسل، انـدازه جمعيتهـا و تعداد نـسلهاي توليـد شـده دارد. بـه همـين دليـل گـاهي در تركيـب كروموزومها با يكديگر نه تنها بهبودي در كيفيت در جوابها حاصل نمي شود، بلكه الگوريتم در نقاط بهينه محلي به دام مي افتد. به منظور رفع اين مشكل نسخه هاي متعددي از الگوريتهاي ژنتيكي بوجود آمده انـد، كه مي توانيم آنها را به سه دسته تقسيم كنيم. دسته اول الگوريتمهايي هستند كه در آنها عملگرهاي ژنتيكـي همزمـان بـا فراينـد تكامـل بـه صورت خودكار بهبود مي يابند[۳۸]در دسته دوم به طور مـشابه نحـوه بازنمايي مساله همزمان با تكامل متحـول مـي شـود[۲۵] دسـته سـوم الگوريتمها نيز با ساخت مدلهاي احتمالاتي از متغيرها سعي در افزايش سرعت همگرايي به سمت جواب مناسب مي كننـد[۳۱][۳۲][۲۷-۳۰] [۲۴-۲۵][۲۰-۲۲][۳۷][۳۳-۳۵].

ويژگي ديگر الگوريتم ژنتيكي استاندارد اين است كه هر كرومـوزوم مي تواند با هر كروموزوم ديگري در جمعيت كروموزومها ارتباط داشـته و ساختار ارتباطي به صورت يك گراف كامل مي باشد. در سالهاي اخير تلاش محققان براي موازي سازي محاسبات در اين حوزه سبب شده تـا مساله ارتباطات محلي بين كروموزومها به صورت جـدي مطـرح شـود. تحقيقات صورت گرفته نشان مي دهد مساله محلي كردن ارتبـاط بـين كروموزومها علاوه بر ساده سـازي محاسـبات مـوازي مـي توانـد سـبب افزايش كيفيت جواب الگوريتم گردد[۳۷] [۱۰-۱۲] .[۱] از دلايل اين بهبود كيفيت در انتقال تدريجي اثر يك كروموزوم بر ساير كروموزومهـا است كه باعث مي شود تا تعصب گرايي در الگوريتم كاهش يابد يكـي از مدلهايي كه با استفاده از آن فرايند محلي سازي عملگرهاي ژنتيكـي و ارتباط بين كروموزومها صورت پذيرفته است، اتوماتاي سلولي ژنتيكي ميباشد. اتوماتاي سلولي ژنيتكي كه از تركيب الگوريتمهـاي ژنتيكـي و اتوماتاي سلولي حاصل شده است به دليل ماهيت توزيع شدگي براحتي بر روي پردازنده هاي موازي قابل پياده سازي است[۴۲] [۳۹][۳۷].

در اين مقاله، براي اولين بار مكانيزمي به نـام بـازچيني بـراي بهبـود عملكرد اتوماتاي سلولي ژنتيكي ارايه ميگردد. اين مكانيزم در فواصـل مـشخص بـه تغييـر همـسايگيهـا و ايجـاد آرايـش جديـد در سـلولها مي‌پردازد. مزيـت ايـن مكـانيزم كـاهش تعـداد همگراييهـاي‌زودرس و نامطلوب در همسايگي‌ها و ايجاد فرصت‌هاي بهتر براي افـراد جمعيـت به منظور توليد نسل مي‌باشد. روشهاي باز چينـي مختلفـي پيـشنهاد گرديده و كارايي آنها بر روي مسايل متنوعي مانند مسايل كوله‌پشتي، فروشنده دوره‌گرد و مينميم كردن توابع مورد ارزيابي قرار گرفته است. ادامه مقاله بدين صـورت سـازماندهي شـده اسـت. در بخـش ۲ شـرح مختصري بر الگوريتمهاي ژنتيكي، اتوماتاي سلولي و اتوماتاي سـلولي ژنتيكي داده ميشود و سـپس مكـانيزم بـازچيني مطـرح ميگـردد. در بخش ۳ از طريق آزمايش كارايي مكانيزم بازچيني مـورد بررسـي قـرار ميگردد. بخش نهايي مقاله نتيجه گيري ميباشد.

۲- اتوماتاي سلولي ژنتيكي

در اين قسمت ابتدا الگوريتمهاي ژنتيكي و اتوماتاي سـلولي بطـور مختـصر شـرح داده ميـشود و سـپس اتوماتـاي سـلولي ژنتيكـي و مكانيزمهاي مختلف باز چيني براي آن ارايه ميگردد.

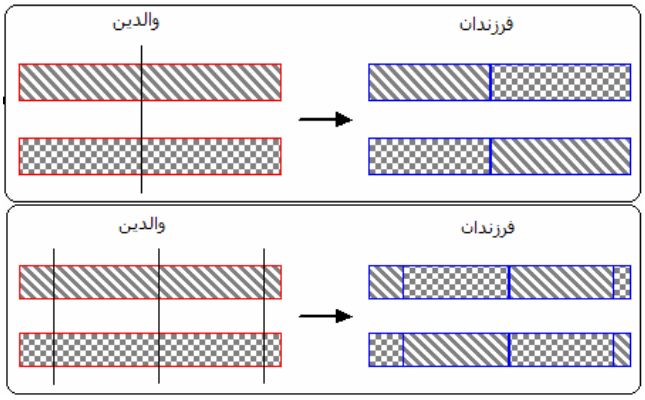
الگوريتم‌هاي ژنتيكي: الگوريتمهاي ژنتيكي كـه برمبنـاي ايـده تكامل در طبيعت عمل منمايد، برروي جمعيتي از راه‌حلهاي بالقوه بـه جستجوي راه حل نهايي مي‌پردازد. در هـر نـسل، بهترينهـاي ان نـسل انتخاب مي‌شوند، و پس از زاد و ولد، مجموعـة جديـدي از فرزنـدان را توليد مي‌كنند. در اين فرايند افـراد مناسـبتر بـا احتمـال بيـشتري در نسلهاي بعد باقي خواهند ماند. در آغاز الگـوريتم، تعـدادي از افـراد[۲] – جمعيت اوليه[۳]- به صورت تـصادفي سـاخته شـده و تـابع هـدف بـراي تك‌تك آنها ارزيابي مي‌شود. اگر شرط رسيدن به جواب برقرار نباشـد (به جواب بهينه نرسيده باشيم)، نسل بعدي با انتخاب والدين براسـاس ميزان تناسبشان توليد مي‌شوند و فرزندان با احتمالي ثابت دچار جهش مي‌شوند. سپس ميزان تناسب فرزندان جديد محاسبه شده و جمعيـت جديد، از جايگزيني فرزندان با والدين ايجاد مي‌شود و ايـن فرآينـد تـا برقرار شدن شرط خاتمـه تكـرار مـي‌شـود. الگـوريتم هـاي ژنتيكـي از عملگرهاي متفاوتي استفاده ميكند. تعدادي از ايـن عملگرهـا كـه در اين مقاله به آنها اشاره شده است در ادامه بطـور خلاصـه توضـيح داده ميشود.

الف) انتخاب[۴] : عملگر انتخاب افرادي كه نسل جديد را توليد خواهند كرد(والدها) تعيين ميكند. اين عملگر افراد را با توجه به شايستگي انها كه متناسب با مقدار تابع هدف و يا متناسب با رتبة فرد در جمعيت ميباشد انتخاب ميكند. يكي از روشهاي انتخاب روش انتخاب بهترين ميباشد. در اين روش، افراد داراي بالاترين رتبه‌ها انتخاب مي‌شوند. ساده‌ترين مكانيزم انتخاب روش انتخاب توسط چرخ رولت[۵] است كه به آن نمونه برداري تصادفي يا جايگزيني نيز گفته مي‌شود.

ب) بازتركيبي : عملگر بازتركيبي، افراد جديدي (فرزندان) را با استفاده از اطلاعات موجود در والدين توليد مي‌كند. با توجه به نحوه نمايش ژنها، الگوريتمهايي براي بازتركيبي مقادير صحيح و گسسته وجود دارند. به عمل بازتركيبي در حالت گسسته، Crossover گفته مي‌شود.

crossover تک نقطه‌اي[۶]: در crossover تک‌نقطه‌اي، يک نقطه k از ميان [1,2,..,Nvar-1] به طور تصادفي و يکنواخت انتخاب مي‌شود.(Nvar تعداد متغييرها در هر ژن است) عمل ترکيب با تعويض متغييرها در دوطرف اين نقطه ميان دو والد صورت مي‌پذيرد.(شکل ۱- بالا)

crossover چند نقطه‌اي[۷]: در اين روش، m نقطه از ميان [1,…,Nvar-1] به‌طور تصادفي، بدون تکرار و به صورت صعودي انتخاب مي‌شوند. سپس متغييرهاي ميان هر دو نقطه متوالي، يکي‌درميان جابجا مي‌شوند. اولين بخش جابجا نخواهد شد. (شکل ۱- پايين)



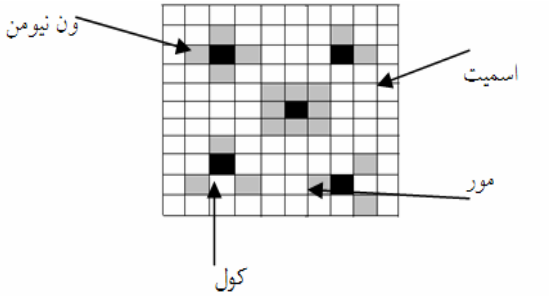
شکل ۱: **corossorver** تك نقطه‌اي(بالا) و چند نقطه‌اي(پايين)

جهش[۸]: پس از ايجاد هر فرزند، امكان جهش برروي ژنهاي آن وجود دارد، بدين صورت كه مغييرها با احتمال كمي دچار تغييرات كوچكي مي‌شوند. احتمال جهش در هر متغيير با معكوس تعداد متغييرهاي موجود در هر كروموزوم متناسب است. هرچه تعداد متغييرها بيشتر باشد احتمال جهش هر متغيير كمتر خواهد شد.

جايگذاري[۹] : پس از آنكه فرزندان جديد با استفاده از جمعيت قديمي ساخته شدند و ميزان شايستگي آنها نيز تعيين گرديد، مي‌بايست يک نسل جديد از ميان فرزندان و والدين موجود انتخاب شوند. روشهاي مختلفي براي اين انتخاب وجود دارد كه تحت عنوان جايگذاري شناخته مي‌شود. تعيين روش جايگذاري معمولاً باتوجه به روش انتخاب صورت مي‌پذيرد.

براي اطلاعات بيشتر در باره الگوريتمهاي ژنتيكي ميتوان به [18][16][14][6-9][4][3] مراجعه كرد.

اتوماتاي سلولي: اتوماتاي سلولي در اواخر دهه ۱۹۴۰ توسط جان ون نيومن[۱۰] مطرح و پس از او توسط رياضيداني بنام استانيسلا اولم[۱۱] به‌عنوان مدلي براي بررسي رفتار سيستم‌هاي پيچيده پيشنهاد شد. اتوماتاي سلولي سيستم‌هاي ديناميكي گسسته‌اي هستند كه رفتارشان كاملاً بر اساس ارتباط محلي استوار است. در اتوماتاي سلولي، فضا بصورت يك شبكه تعريف مي‌گردد كه به هر خانه آن يك سلول گفته مي‌شود. زمان بصورت گسسته پيش مي‌رود و قوانين آن بصورت سرتاسري است كه از طريق آن در هر مرحله، هر سلول وضعيت جديد خود را با درنظر گرفتن وضعيت همسايه‌هاي مجاور خود بدست مي‌آورد. اتوماتاي سلولي با چهارتايي $\{\Sigma, d, V, \phi\}$ تعريف مي‌شود كه در آن d تعداد ابعاد اتوماتاي سلولي، V حالات همسايه‌ها، و ϕ قانون اتوماتاي سلولي است. چهار نمونه از همسايگي هاي معروف در اتوماتاي سلولي دو بعدي به نامهاي اسميت، كول، مور و ون نيومن در شكل ۲ نمايش داده شده است. براي اطلاعات بيشتر در باره اتوماتاي سلولي ميتوان به [1][19][5] مراجعه كرد.



شكل۲: چهار نمونه از همسايگي هاي معروف در اتوماتاي سلولي دو بعدي

اتوماتاي سلولي ژنتيكي: اتوماتاي سلولي ژنتيكي از تركيب الگوريتمهاي ژنتيكي و اتوماتاي سلولي حاصل شده است. در اتوماتاي سلولي ژنتيكي جمعيت ژنومها برروي يك شبكه سلولي قرار مي گيرند، به نحوي كه هر ژنوم در يك سلول قرار گيرد. ژنومها در اين مدل محاسباتي به صورت همزمان و از طريق عملگرهاي محلي با همسايگان خود تكامل مي يابند. پژوهشهاي صورت گرفته نشان مي دهد مساله محلي كردن ارتباط بين ژنومها علاوه بر ساده كردن محاسبات موازي مي تواند سبب افزايش كيفيت جواب بدست آمده گردد[37] . هر سلول در اتوماتاي سلولي داراي تعدادي ژن در قالب كروموزوم است كه نمايش‌دهندة يک جواب ممكن براي مساله مورد مطالعه مي‌باشد. از طرف ديگر ژن‌ها معرف حالت سلول در اتوماتاي سلولي هستند. حالت بعدي اتوماتاي سلولي (نسل بعدي در اين جمعيت) با كمک قوانين

اتوماتاي سلولي كه در واقع قوانين توليد نسل ميباشند توليد مي‌گـردد. مدل اتوماتاي سلولي ژنيتكي داراي دو تفاوت عمده با اتوماتاي سـلولي ميباشد. اولا مجموعه حالات يک سـلول در اتومات‌ـاي سـلولي ژنيتكـي بسيار بزرگتر از مجموعه حالات در اتوماتاي سلولي مي‌باشـد و ثانيـا در اتوماتاي سلولي ژنيتكي قوانين مورد استفاده عملگرهـاي ژنتيكـي غيـر قطعي مي‌باشـند. جـدول ۱ تنـاظر ميـان اجـزاي الگـوريتم ژنيتكـي و اتوماتاي سلولي ژنتيكي را نشان ميدهد.

جدول ۱- الگوريتم ژنتيكي سلولي و الگوريتم ژنتيكي كلاسيک

اتوماتاي سلولي ژنتيكي	الگوريتم ژنتيكي كلاسيك
سلول	فرد
شبكه سلولها	جمعيت
حالت سلول	كروموزوم
قوانين	عملگرهاي ژنتيكي
همسايگي	-

مكانيزم بازچيني سلولها[12] : بـازچيني سـلولها، در اتومات‌ـاي سلولي ژنتيكي، كه در اين مقاله مطرح شده است، مكانيزمي اسـت كـه از طريق آن ميتوان نحوه قـرار گـرفتن كروزومهـا در شـبكه سـلولهاي اتوماتاي سلولي ژنتيكـي را تغييـر داد. عمـل بـاز چينـي باعـث ايجـاد همسايگي‌هاي جديد براي سلوها مي‌گردد. يكي از خصوصيات اتوماتاي سلولي ژنتيكي اين است كـه معمـولاً پـس از چنـد نـسل خـصوصيات مشترک مابين همسايه‌ها افزايش مييابد و منجر به تـشكيل گونـه‌هـاي بزرگي در همسايگيهاي محلي ميشود. البته اين امر تـا حـدي مطلـوب است زيرا كه اين خاصيت سبب مي‌شود به جاي اينكه جستجو در تمام نقاط بطور ستقل دنبال شود (مانند الگـوريتم ژنتيكـي)، جـستجوهاي هدفمند در همسايگيها انجام گردد. ولي اين پديـده در طـولاني مـدت ممكن است باعـث همگرايهـاي زودرس در همـسايگي سـلولها شـده و باعث گردد كه جستجو منحصر به چند ناحيه كوچك در فضاي مساله شود. مكانيزم بـازچيني ايـن فرصـت را فـراهم ميـآورد تـا افـرادي در مجاورت يكديگر قرار دارند كه براي براي زاد و ولد مناسبتر باشند تا از ايـن طريـق از همگراييهـاي زودرس جلـوگيري شـود. چنـد مكـانيزم بازچيني كه در ايـن مقالـه مطـرح و در آزمايـشها مـورد بررسـي قـرار گرفته‌اند به شرح زير هستند. براي اطلاعات بيشتر در باره اين بازچيني هاي ميتوان به [42] مراجعه كرد.

- بازچيني سطري: در بازچيني سـطري افـراد جمعيـت در هـر سطر توري توري به بر حسب شايستگي آنها مرتب مي‌شوند. اين روش بازچيني باعث ميشود افراد با شايستگي مشابه در نزديكي يكديگر قرار گيرند. (شكل۳)

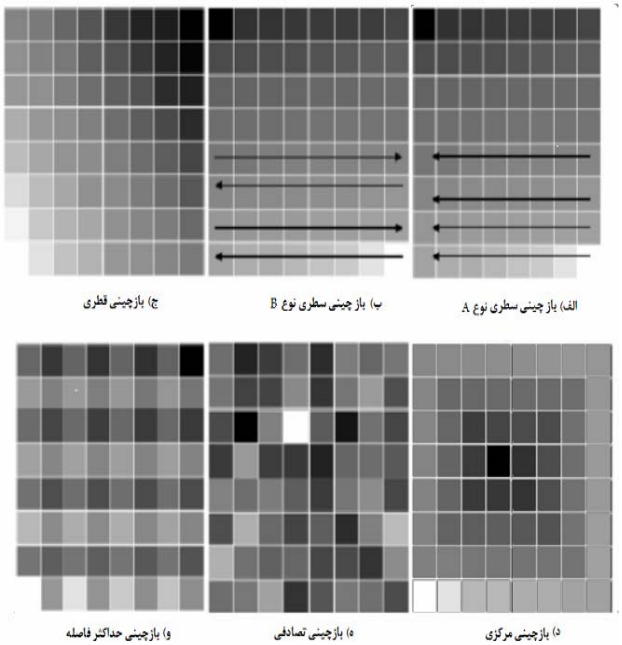
- بازچيني قطري : در بازچيني قطري افراد جمعيت بـر حـسب شايستگي مرتب شده و به صورت پشت‌سرهم در قطرهاي توري چيـده مي‌شوند. همانند باز چيني سطري ايـن روش بـازچيني باعـث ميـشود افراد با شايستگي مشابه در نزديكي يكديگر قرار گيرند (شكل ۲-ج).

- چينش مركزي(چينش حلزوني): در چينش مركزي بهتـرين فرد در وسط قرار مي‌گيرد، و افراد ديگر به ترتيب نزولي شايستگي، بـه صورت مارپيچي، به دور آن چيده مي‌شوند.(شكل ۲-د)

بازچيني حداكثر فاصله: در بازچيني حداكثر فاصله برخلاف چهـار روش قبل، سعي شده افرادي كه در مجاورت همديگر قرار دارنـد داراي حداكثر اختلاف در شايستگي باشند(شكل ۲-و).

- بازچيني تصادفي: در بازچيني تصادفي موقعيت جديـد افـراد به صورت تصادفي تعيين مي‌شود (شكل ۲-ه).

گرچه عمل باز چيني ميتوانند درحـين اجـراي اتومات‌ـاي سـلولي ژنتيكي به هرتعداد دفعات تكرار شود ولي افزايش تعداد باز چينـي هـا باعث افزايش زمان اجراي الگوريتم ميگردد.



شكل۳- از چپ به راست، روشهاي بازچيني سطري (الف و ب)، قطري، حداكثر فاصله، تصادفي و مركزي

۳- نتايج آزمايشها

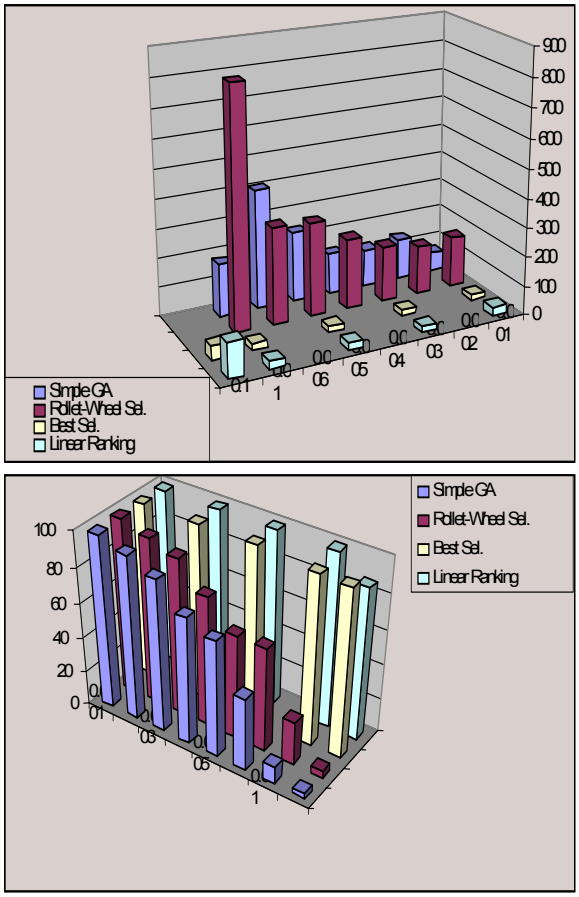
در اين بخش ابتدا مسايل مورد آزمايش شرح داده ميشود و سپس نتايج آزمايشها ارايه ميگردد.

الف) مساله كوله‌پشتي[13]: در اين مساله، يـک كولـه‌پـشتي و تعدادي بسته مفروضند. هر بسته داراي حجم و ارزش معيني مي‌باشـد. از طرفي كوله‌پـشتي نيـز ظرفيـت معينـي دارد، يعنـي مجمـوع حجـم بسته‌هايي كه مي‌تواند در آن قرار بگيرد مي‌بايست از مقدار ثابتي تجاوز نكند. مساله از اين قرار است كه مي‌خواهيم طوري بسته‌ها را براي قرار دادن در كوله‌پشتي انتخاب كنيم كه ارزش بسته‌ها حداكثر شود[14] .

ب) مـساله فروشـنده دوره‌گـرد: در مـساله فروشـنده دوره‌گرد[14] هدف پيدا كردن توري است با كمترين هزينـه كـه از يـک شهر شروع شده، كليه شهرها را فقط يكبار بازديـد نمايـد و سـپس بـه شهر آغازين بر گردد.[20] [2].

ج) مساله مینمیم کردن تابع: در ايـن مـساله هـدف پيـدا كردن مقدار مينيمم سراسري يك تابع در يک بازهاي مفروض ميباشد. [3].

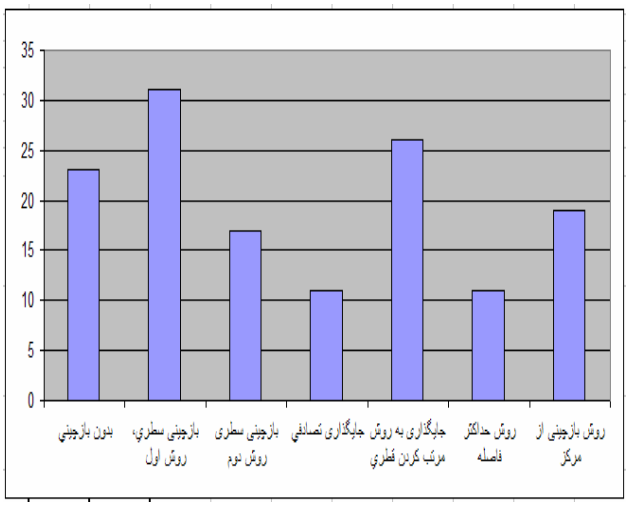
براي حل مسايل فـوق از دو روش الگـوريتم ژنتيكـي كلاسـيک و اتوماتاي سلولي ژنيتيكي استفاده و نتايج بدست آمده با يكديگر مقايسه گرديده است. تاثير بعضي از پارامترهاي اساسـي(نظيـر روش انتخـاب و احتمال جهش) در الگـوريتم ژنتيكـي كلاسـيک و پـارامتر همـسايگي، روشهاي باز چيني و روشهاي جايگذاري بر عملكـرد اتوماتـاي ژنتيكـي سلولي نيزمورد بررسي قرار گرفته است. آزمايشها براي اتوماتاي سلولي ژنيبيكي با سه اندازه ۲۰×۲۰، ۴۰×۴۰و۶۰×۶۰ انجـام شـده اسـت. نرخ جهش بين ۰,۰۰۱ تا ۰,۱ تغيير ميكند. نتايج آزمايشها بـا انتخـاب جمعيت اولية متفاوت چندين بار تكـرار شـدهو مقـادير نهـايي، پـس از حذف دادههاي غيرقابل قبول، با ميانگينگيري از نتـايج بدسـت آمـده است. در آزمايشها چهـار الگـوريتم، ژنتيكـي سـاده (مكـانيزم انتخـاب سراسري، چرخ رولت)، اتوماتـاي سـلولي ژنتيكـي (مكـانيزم انتخـاب محلي چرخ رولت)، اتوماتاي سلولي ژنتيكي (مكانيزم انتخـاب محلـي بر اساس بهترين همسايه) و اتوماتاي سلولي ژنتيكي (مكانيزم انتخاب محلي براساس رتبه توسط چرخ رولت) مورد مقايسه قرار گرفته اند.



نمودار ۱- بالا: زمان رسيدن به جواب بهينه در چهار الگوريتم، با تغيير نرخ جهش در مسالة كولهپشتي

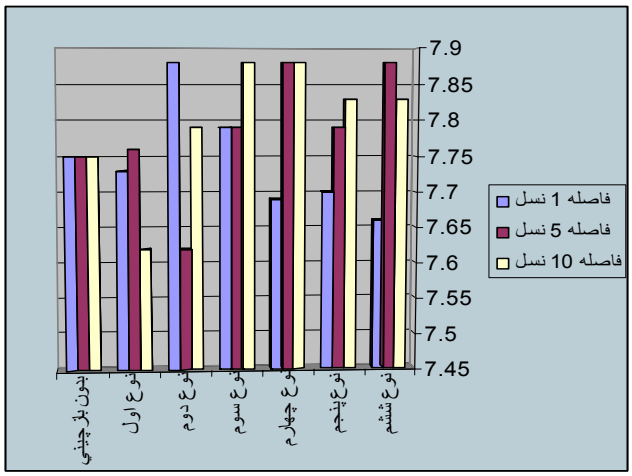
پايين : ميزان همگرايي در چهار الگوريتم، با تغيير نرخ جهش در مسالة كولهپشتي

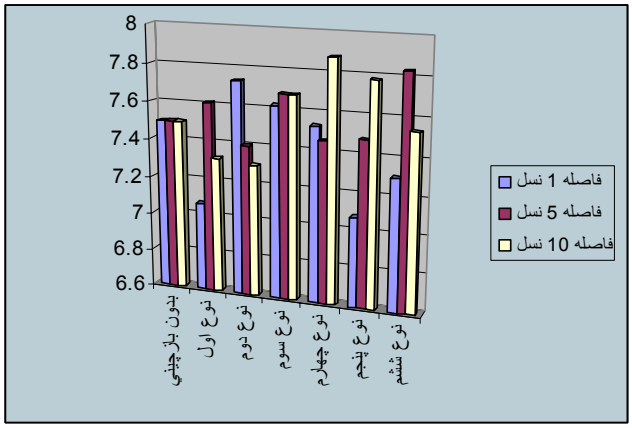
همانطور كه در نمودارها (نمودار ۱) مشاهده مـيشـود؛ از لحـاظ سرعت رسيدن به جواب (تعداد نسلها) روشهاي سوم و چهارم سريعتر هستند، در حاليكـه الگـوريتم ژنتيكـي كلاسـيک، ماننـد روش دوم بـا سرعتي بسيار پايين به جواب بهينـه ميرسـد. بـدين ترتيـب، الگـوريتم ژنتيكي كلاسيک، آخرين روشي است كه به جواب ميرسـد. همچنـين مشاهده شده است كه الگـوريتم ژنتيكـي كلاسـيک و روش محلـي بـا انتخاب چرخرولت، در مقايسه با ساير روشـها داراي سـرعت همگرايـي پايين تري ميباشـد.. همچنـين زمـان لازم بـراي توليـد هـر نـسل در الگوريتم ژنتيكي كلاسيک نسبت به تمامي روشـهاي اتوماتـاي سـلولي ژنتيكي به طور معنيداري بيشتر است.



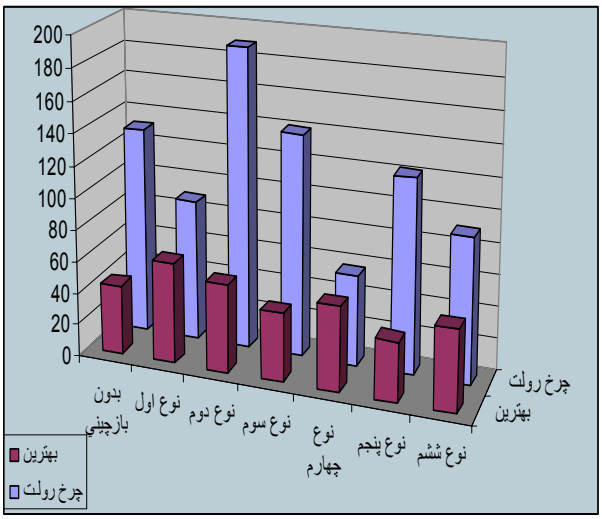
نمودار ۲- مقايسه زمان دستيابي به حداقل يک جواب بهينه در حالات مختلف بازچيني (مسالة كولهپشتي، متد انتخاب : انتخاب بهترين، نرخجهش ۰,۰۱)

در ادامه آزمايـشها، تـاثير پارامترهـاي مختلـف اتوماتـاي سـلولي ژنتيكي در عملكرد آن مورد مطالعه قرار ميگيرد. يكي از اين پارامترهـا نوع بازچينيني و فواصل زماني ميان انجام بازچينيهاميباشد. همانطور كه در نمودار ۲ مشاهده ميشود، سرعت دسـتيابي بـه جـواب زمانيكـه بازچيني استفاده ميشود در مقايـسه بـا حالـت بـدون بـازچنين بهبـود مييابد. در آزمايشها مـشاهده شـد كـه بـازچيني تـصادفي و بـازچيني حداكثر فاصله از نتايج مطلـوبتـري برخـوردار بودنـد. پـس از ايـن دو بازچيني به ترتيب بـازچيني سـطري ب، بـازچيني از مركـز، بـازچيني قطري و سطري الف قرار ميگيرند. آخرين آزمايش به منظور تاثير سه نوع همسايگي نيومن، مور و مور گسترشيافته بر چگونگي رسـيدن بـه جواب انجام گرفته است. نتايج اين ازمايش نشان داد كه هر چه تعـداد همسايگي ها بيشتر باشد همگرايي جمعيـت(تعـداد سـلولهاي همگـرا شده به جواب) بيشتر و زمان رسيدن الگوريتم به جواب بهينه نيز كمتر ميشود. (نمودار ۵)

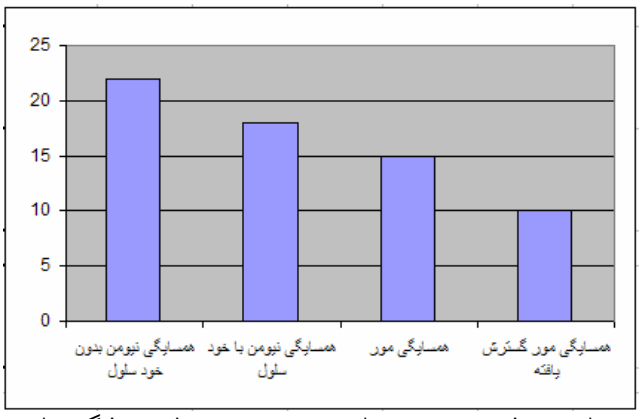




نمودار ۳– نمودارهاي بهترين شايستگي و مقدار همگرايي جمعيت در انواع بازچيني، مساله فروشنده دوره گرد (نرخ جهش ۰,۱ در هر کروموزوم، ابعاد ۲۰*۲۰)



نمودار ۴- تعداد نسلهاي لازم براي رسيدن به جواب بهينه با مکانيزمهاي مختلف انتخاب در مسالة مينيمم کردن تابع



نمودار ۵- زمان رسيدن به جواب بهينه برحسب مدل همسايگي براي مسالة کوله‌پشتي و نرخ جهش ۰,۰۱

۴- نتيجه گيري

در اين مقاله مکانيزم بازچيني به منظور بهبود عملکرد اتوماتاي سلولي ژنتيکي پيشنهاد گرديد. مکانيزم بازچيني باعث کاهش تعداد همگراييهاي‌زودرس و نامطلوب در همسايگي‌ها و ايجاد فرصت‌هاي بهتر براي افراد جمعيت به منظور توليد نسل ميشود. روشهاي باز چيني مختلفي مورد آزمايش قرار گرفت و کارايي آنها براي مسايل متنوعي مانند مسايل کوله‌پشتي، فروشنده دوره‌گرد و مينميم کردن تابع نشان داده شد. نتايج حاکي از اين امر بود که تقريبا در اکثر موارد روش اتوماتاي سلولي ژنتيکي با مکانيزم بازچيني انتخاب بهترين همسايه، از الگوريتم ژنتيکي کلاسيک، در زمان رسيدن به جواب و تعداد همگرايها بهتر از الگوريتم ژنتيکي کلاسيک عمل مي‌کند. اين اختلاف در مساله کوله‌پشتي بسيار چشمگيرتر از مسايل فروشنده دوره‌گرد و مينميم کردن تابع مي‌باشد. آزمايشها نشان دادند که استفاده از اتوماتاي سلولي ژنتيکي احتمال گيرافتادن در مينيمم‌هاي محلي را در مقايسه با الگوريتم ژنتيکي کلاسيک کاهش ميدهد. همچنين زمان اجرا در تمامي روشهاي بازچيني بخصوص روش انتخاب بهترين همسايه، به طور معني‌داري کمتر از الگوريتم ژنتيکي کلاسيک مي‌باشد. در ادامه تاثير مکانيزم بازچيني در نتايج حاصل از اتوماتاي سلولي ژنتيکي مورد بررسي قرار گرفت. نتايج آزمايشها نشان داد که روشهاي چينش تصادفي و چينش حداکثر فاصله، جوابهاي بهتري در مقايسه با سايرچينشها توليد ميکنند.

مراجع

[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.

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] Gordon, T. J., Marsh, C., and Wu, Q. H., "Stochastic Optimal Control of Active Vehicle Suspensions Using Learning Automata," Journal of Systems and Control Engineering, vol. 207, pp. 143-152, 1993.

[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] Mühlenbein, H., and Mahnig, T., "The Factorized Distribution Algorithm for additively decomposed functions", Proceedings of the 1999 Congress on Evolutionary Computation, IEEE press, pp. 752-759, 1999.

[29] Mühlenbein, H., and Paaß, G., "From Recombination of Genes to the Estimation of Distributions I. Binary Parameters", Lecture Notes in Computer Science 1411: Parallel Problem Solving from Nature-PPSN IV, pp. 178-187, 1996.

[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.

[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 Gentic Algorithms, IlliGAL Reprot No. 97003, May 1997.

[5] Cellular Automata Llinks, http://www.soc.surrey.ac.uk/research/simsoc/ca.html.

[6] Pohlheim, H., Genetic and Evolutionary Algorithm Toolbox for use with Matlab (GEATbx), 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", Proceeeding 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, 2000.

[15] Veettil, S., "A Genetic Algorithm for 0/1 Knapsack Problem", Lecture Notes on Analysis of Algorithms, 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

[34] Rastegar, R. and Meybodi, M. R., "A New Estimation of Distribution based on Learning 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.
[40] 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.
[41] 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.
[42] Lessani, M. and Meybodi, M. R. "Genetic Cellular Automata", Technical Report, Computer Engineering Department, Amirkabir University, 2004.

زیرنویس‌ها

[1] Genetic Cellular Automata (GCA)
[2] Individuals
[3] Initial Population
[4] Selection
[5] Roulette-wheel Selection
[6] Single-Point Crossover
[7] Multipoint Crossover
[8] Mutation
[9] Reinsertion
[10] John von Neumann
[11] Stanislaw Ulam
[12] Rearrangement
[13] Knapsack
[14] TSP