

# چینش‌های جدید برای اتوماتای سلولی ژنتیکی

حسین رجیلی پور      محمدرضا میبدی

آزمایشگاه سیستم‌های نرم افزاری

دانشکده مهندسی کامپیوتر

دانشگاه صنعتی امیرکبیر

تهران ایران

## چکیده

اتوماتای سلولی ژنتیکی ترکیبی است از الگوریتم‌های ژنتیکی و اتوماتای سلولی. در اتوماتای سلولی ژنتیکی هر سلول دارای تعدادی ژن در قلب یک کروموزوم است که نمایش‌دهنده یک جواب ممکن برای مساله مورد مطالعه می‌باشد. ژن‌ها معرف حالت سلول در اتوماتای سلولی هستند. حالت بعدی اتوماتای سلولی (نسل بعدی در این جمعیت) با کمک قوانین اتوماتا که در واقع قوانین زاد و ولد میباشند تولید می‌گردد. عمل باز چینی، در اتوماتای سلولی ژنتیکی عملی است که نحوه قرار گیری کروموزومها را در سلولها تغییر می‌دهد. عمل بازچینی سبب تغییر همسایگان یک سلول می‌گردد. بر خلاف الگوریتم‌های ژنتیکی معمولی، در اتوماتای سلولی ژنتیکی یک کروموزوم برای پیدا کردن فقط میتواند از بین کروموزومهایی که در همسایگی او قرار دارد انتخاب کند. این محدودیت ممکن برای بعضی از مسائل باعث افزایش کارایی الگوریتم گردد. چند روش چینش که در [5] مطرح و کارایی آنها مورد ارزیابی قرار گرفته اند عبارتند از: چینش سط्रی، چینش قطري، چینش حداکثر فاصله، چینش تصادفي و چینش مرکزي. در این مقاله چینش‌های جدیدی معرفی و بر روی مسایل متنوعی از جمله مساله کوله پشتی، مساله فروشنده دوره گرد، مساله تخصیص کانال در سیستمهای سیار سلولی و مساله رنگ آمیزی گراف آزمایش و مورد ارزیابی قرار میگیرد و با چینشهای گزارش شده مقایسه میگردد.

**کلمات کلیدی:** الگوریتم‌های ژنتیکی، اتوماتای سلولی، اتوماتای سلولی ژنتیکی، چینش

## ۱. مقدمه

الگوریتم‌های ژنتیکی<sup>۱</sup> روش‌های جستجوی تصادفی هستند که با الهام از قانون تکامل در طبیعت ایجاد شده‌اند. این الگوریتم‌ها برروی جمعیتی از راه حل‌های بلقوه، براساس اصل بقا برای تولید جوابهای بهتر اعمال می‌شوند. در هر نسل با انتخاب افرادی براساس مطلوبیت آنها و سپس با اعمال عملگرهایی که از طبیعت الهام گرفته شده‌اند بر روی آنها، مجموعه ای از جوابهای جدید ساخته می‌شود. این فرایند منجر به تولید جمعیتی می‌شود که افراد آن به هدف نزدیکتر هستند[2]. غالباً برای حل مسائل بهینه‌سازی، الگوریتم‌های ژنتیکی بر شبکه‌های عصبی<sup>۲</sup>، جستجوی‌های تابو<sup>۳</sup> و یا سرداشتن شبیه‌سازی شده<sup>۴</sup> ترجیح داده می‌شوند. یک عیب نسبتاً عمده در شبکه‌های عصبی ارجح بودن بهینه محلی بر بهینه عمومی است و همینطور جواب نهایی شبکه کاملاً و بسته به مقادیر آغازین شبکه می‌باشد. جستجوی تابو و سرداشتن شبیه‌سازی شده، الگوریتم‌های اتفاقی تکاملی می‌باشد، که ممکن است زمان زیادی را برای پیدا کردن جواب بهینه صرف کنند. از طرف دیگر الگوریتم‌های ژنتیکی، در پیدا کردن یک جواب قابل قبول یا تقریباً بهینه یعنی جوابی که مقدار خطای موجود در آن قابل چشم‌پوشی باشد، برای یک مسئله بهینه‌سازی، خیلی سریعتر از آنها عمل می‌کنند. گرچه الگوریتم‌های ژنتیکی ضمانتی

<sup>1</sup> Genetic Algorithm

<sup>2</sup> Neural Networks

<sup>3</sup> Tabu Search

<sup>4</sup> Simulated Annealing

در پیدا کردن راه حل بهینه عمومی در یک زمان مشخص ندارد ضمانت نمکنده ولی می‌توان با ادامه الگوریتم به جواب بهینه دست یافت. با وجود مزایای زیادی که در الگوریتم های ژنتیکی در مقایسه با به روشهای سنتی وجود دارد، ولی مشکلاتی را نظری همگرا نشدن به جواب و گیر افتادن در دام مینیمم‌های محلی را دارا می‌باشد. در [5] با ترکیب الگوریتم های ژنتیکی با یک مدل محاسباتی به نام اتوماتای سلولی<sup>۱</sup>، اتوماتای سلولی ژنتیکی معرفی و برای حل مسایل متعددی مورد استفاده قرار گرفت. نتایج بدست آمده در مقایسه با نتایج حاصل از الگوریتم های ژنتیکی کلاسیک، حاکی از برتری‌های مدل اتوماتای سلولی ژنتیکی می‌باشد.

عمل چینش سلولها، در اتوماتای سلولی ژنتیکی که در [5] معرفی گردیده است عملی است که نحوه قرار گیری سلولها در اتوماتای سلولی ژنتیکی را تغییر می‌دهد. این عمل که به روشهای مختلف و با توجه به مقدار شایستگی سلولها انجام می‌شود سبب از میان رفتن همسایه‌های قدیمی یک سلول و ایجاد همسایه‌های جدید برای آن سلول می‌گردد. مکانیزم باز چینی باعث افزایش کارایی اتوماتای سلولی ژنتیکی می‌گردد. در [5] اتوماتای سلولی ژنتیکی تحت چینشنهای متفاوت برای حل مسایلی مانند کوله‌پشتی، فروشنده دوره‌گرد و مینیمم‌سازی تابع مورد استفاده قرار گرفته است. چینشنهای معرفی شده در [5] عبارتند از: چینش مرکزی، حداقل فاصله، سطري و قطری. در چینش حداقل فاصله، سعی شده سلولهای مجاور حتی المقدور حداقل اختلاف را با یکدیگر داشته باشند. در چینش سطري، سطرهای اتوماتای سلولی، به ترتیب مقدار شایستگی سلولها مرتب می‌شوند، هدف این روش نزدیکتر کردن افرادی است که شایستگی مشابهی با یکدیگر دارند. در این حالت همسایه‌های چپ و راست، نزدیک ترین سلولها به فرد از لحاظ شایستگی هستند و همسایه‌های بالا، پایین و قطری دارای تفاوت‌های بیشتری خواهند بود. در چینش قطری، کروموزومها جمعیت مرتب شده‌اند و به صورت پشت‌سرهم در قطرهای اتوماتای سلولی چیده می‌شوند. همانند حالت قبل در مجاورت قرار گرفتن کروموزومها مشابه می‌باشد.

هدف از این مقاله ارایه و ارزیابی چند روش جدید باز چینی کروموزومها در اتوماتای سلولی ژنتیکی می‌باشد. روشهای چینش که در این مقاله ارایه می‌گردد عبارتند از چینش مرکزنشینی، چینش حاشیه نشینی و چینش هم‌جاواری. این روشهای بر روی مسایل کوله‌پشتی<sup>۲</sup>: فروشنده دوره‌گرد، رنگ‌آمیزی گراف و تخصیص کانال در سیستمهای سیار سلولی مورد آزمایش قرار می‌گیرد و سپس با روشهای باز چینی گزارش شده در [5] مقایسه می‌گردد. نشان داده می‌شود که روشهای باز چینی پیشنهادی در این مقاله برای بعضی از مسایل دارای کارایی بالاتری 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 مماید، بر روی 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 خواهند ماند. در آغاز الگوریتم، تعدادی از افراد<sup>۳</sup> – جمعیت اولیه<sup>۴</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 جدید محاسبه شده و جمعیت جدید، از جایگزینی فرزندان با والدین ایجاد می‌شود و این فرآیند تا برقرار شدن شرط خاتمه تکرار می‌شود.

**الگوریتم‌های ژنتیکی از عملگرهای متفاوتی استفاده می‌کند.** تعدادی از این عملگرها که در این مقاله به آنها اشاره شده است در ادامه توضیح داده می‌شود.

**الف) انتخاب<sup>۵</sup>:** عملگر انتخاب افرادی که نسل جدید را تولید خواهند کرد (والدها) تعیین می‌کند. این عملگر افراد را با توجه به شایستگی فرد که متناسب با مقدار تابع هدف و یا متناسب با رتبه فرد در جمعیت انتخاب می‌کند. یکی از روشهای انتخاب

<sup>1</sup> Cellular Automata

<sup>2</sup> Knapsack

<sup>3</sup> Individuals

<sup>4</sup> Initial Population

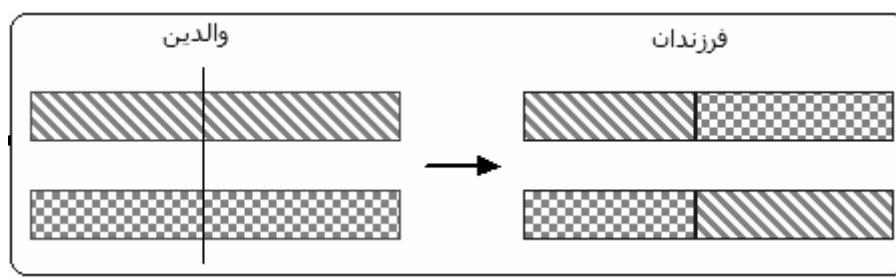
<sup>5</sup> Selection

روش انتخاب بهترین میباشد. در این روش، افراد دارای بالاترین رتبه‌ها انتخاب می‌شوند. ساده‌ترین مکانیزم انتخاب روش انتخاب توسط چرخ رولت<sup>۱</sup> است که به آن نمونه برداری تصادفی با جایگزینی نیز گفته می‌شود. این مکانیزم بدین شرح میباشد: پاره‌خطی به طول واحد در نظر گرفته می‌شود و به هر فرد قسمتی از پاره خط، متناسب با مقدار شایستگی اش نسبت داده می‌شود. سپس به منظور انتخاب، یک عدد تصادفی تولید شده و فردی که عدد در قطعه متعلق به او قرار می‌گیرد، انتخاب می‌گردد. این عمل تا انتخاب تمام افراد مورد نیاز تکرار می‌شود. مکانیزم کار، شبیه یک چرخ رولت است که در آن به هر فرد، قطاعی از کل دایره، نسبت داده می‌شود و هر بار با چرخاندن و نگاه داشتن چرخ، یک قطاع انتخاب می‌شود.

**ب) بازترکیبی :** عملگر بازترکیبی، افراد جدیدی (فرزندان) را با استفاده از اطلاعات موجود در والدین تولید می‌کند. با توجه به نحوه نمایش زنها، الگوریتمهایی برای بازترکیبی مقداری صحیح و گستره وجود دارند. به عمل بازترکیبی در حالت گستته، گفته می‌شود.

**تک نقطه‌ای<sup>۲</sup>**: در crossover تک نقطه‌ای، یک نقطه k از میان [1,2,...,Nvar] به طور تصادفی و یکنواخت انتخاب می‌شود. (Nvar 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<sup>۳</sup>**: در این روش، m نقطه از میان [1,...,Nvar] 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: **crossover تک نقطه‌ای (بالا) و چند نقطه‌ای (پایین)**

از آنجایی که اجزای مهم و تاثیرگذار در کروموزومها، لزوما در مجاورت یکدیگر قرار نمی‌گیرند، روش چند نقطه‌ای سبب جستجو در تمام فضای جستجو می‌شود. روش‌های دیگری نیز برای عمل Crossover وجود دارند [7].

**جهش<sup>۴</sup>:** 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 متغیرهای موجود در هر کروموزوم متناسب است. هرچه تعداد متغیرها بیشتر باشد احتمال جهش هر متغیر کمتر خواهد شد.

<sup>1</sup>Roulette-wheel Selection

<sup>2</sup>Single-Point Crossover

<sup>3</sup>Multipoint Crossover

<sup>4</sup>Mutation

جایگذاری<sup>۱</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 شوند. روش‌های مختلفی برای این انتخاب وجود دارد که تحت عنوان جایگذاری شناخته می‌شود. تعیین روش جایگذاری معمولاً باتوجه به متد انتخاب صورت می‌پذیرد.

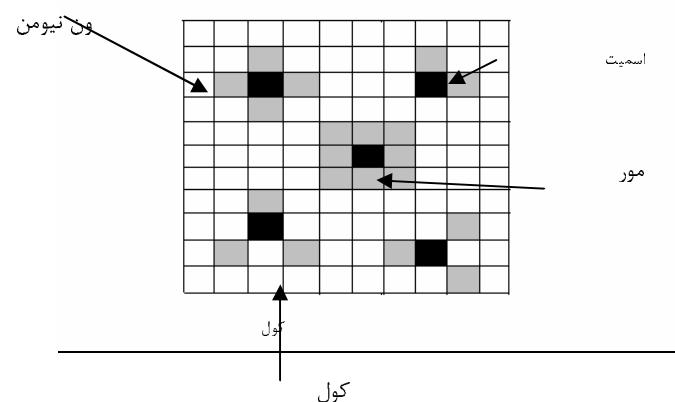
برای اطلاعات بیشتر در باره الگوریتمهای ژنتیکی میتوان به [18][16][6-9][14][3] مراجعه کرد.

اتوماتای سلولی: اتوماتای سلولی در اوخر دهه ۱۹۴۰ توسط John von neumann مطرح و پس از او توسط ریاضیدانی بنام Stanislaw Ulam به عنوان مدلی برای بررسی رفتار سیستم‌های پیچیده پیشنهاد شد. اتوماتای سلولی سیستم‌های دینامیکی گستره‌ای هستند که رفتارشان کاملاً بر اساس ارتباط محلی استوار است. در اتوماتای سلولی، فضای صورت یک شبکه تعريف می‌گردد که به هر خانه آن یک سلول گفته می‌شود. زمان صورت گسسته 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. اتوماتای سلولی را می‌توان به عنوان سیستم‌های محاسباتی نیز در نظر گرفت که اطلاعات کد شده در خودشان را پردازش می‌کنند.

اتوماتای سلولی با چهارتایی  $\{\Sigma, d, V, \phi\}$  تعريف می‌شود که در آن  $d$  تعداد ابعاد اتوماتای سلولی،  $V$  حالات همسایه‌ها، و  $\phi$  قانون اتوماتای سلولی است. مجموعه حالات اتوماتون با حالات محدود با  $\sum$  مشخص می‌شود و  $k = |\sum|$  نیز بیانگر تعداد حالات هر سلول است. برای مثال، در اتوماتای سلولی یک بعدی  $\sum_{k=2}^r = \{0,1\}$  و طول همسایگی را نیز با  $2r+1$  نشان می‌دهیم. همچنین در این نوع اتوماتای سلولی داریم:

$$\phi = \sum^{2r+1} \rightarrow \sum$$

تابع  $\phi$  قانون اتوماتای سلولی نامیده می‌شود. ایده همسایگی در اتوماتای سلولی یک بعدی را می‌توان بگونه‌ای بسط داد که دو همسایه دیگر و یا بیشتر را نیز شامل شود. یعنی می‌توان شاعع برای همسایگی در نظر گرفت. البته معمولاً نزدیکترین همسایه‌ها را در نظر می‌گیریم. یعنی  $r=1$ . همچنین سلولها در اتوماتای سلولی می‌توانند در شبکه‌ای با هر ابعادی قرار گیرند. چهار نمونه از همسایگی‌های معروف در اتوماتای سلولی دو بعدی به نامهای اسمیت، کول، مور و ون نیومن در شکل ۲ نمایش داده شده است. برای اطلاعات بیشتر در باره اتوماتای سلولی میتوان به [1][19][5] مراجعه کرد.



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

<sup>۱</sup> Reinsertion

**اتوماتای سلولی ژنتیکی:** اتوماتای سلولی ژنتیکی از ترکیب الگوریتمهای ژنتیکی و اتوماتای سلولی حاصل شده است. در اتوماتای سلولی ژنتیکی جمعیت ژنومها بروی 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<sup>[37]</sup>. هر سلول در اتوماتای سلولی دارای تعدادی ژن در قالب کروموزوم است که نمایش دهنده یک جواب ممکن برای مساله مورد مطالعه می‌باشد. از طرف دیگر ژن‌ها معرف حالت سلول در اتوماتای سلولی هستند. حالت بعدی اتوماتای سلولی (نسل بعدی در این جمعیت) با کمک قوانین اتوماتای سلولی که در واقع قوانین تولید نسل می‌باشند تولید می‌گردد. دو تفاوت عمده مدل اتوماتای سلولی ژنتیکی با اتوماتای سلولی دارد: مجموعه حالات یک سلول در اتوماتای سلولی ژنتیکی بسیار بزرگتر از مجموعه حالات در اتوماتای سلولی می‌باشد، در اتوماتای سلولی ژنتیکی قوانین حاکم تعدادی عملگر ژنتیکی غیر قطعی می‌باشد که براساس تعریف همسایگی، حالت بعدی سلول را تعیین می‌نماید. جدول ۱ تناظر میان اجزای الگوریتم ژنتیکی و اتوماتای سلولی ژنتیکی را نشان میدهد.

جدول ۱- الگوریتم ژنتیکی سلولی و الگوریتم ژنتیکی کلاسیک

الگوریتم ژنتیکی کلاسیک	اتوماتای سلولی ژنتیکی
فرد	سلول
جمعیت	شبکه سلولها
کروموزوم	حالت سلول
عملگرهای ژنتیکی	قوانین
-	همسایگی

**مکانیزم بازچینی سلولها<sup>۱</sup>:** بازچینی سلولها، در اتوماتای سلولی ژنتیکی، که در این مقاله مطرح شده است، عملی است که نحوه قرار گرفتن سلولها در شبکه سلولها را تغییر می‌دهد. این عمل که به روش‌های مختلف و بر اساس مقدار شایستگی کروموزومها انجام می‌شود سبب از میان رفتن همسایگی‌های قدیمی یک سلول و ایجاد همسایگی‌های جدید برای آن سلول می‌گردد. یکی از خصوصیات اتوماتای سلولی ژنتیکی این است که معمولاً پس از چند نسل خصوصیات مشترک مابین همسایه‌ها افزایش یید و منجر به تشکیل گونه‌های بزرگی در همسایگی‌های محلی شود، البته این امر تا حدی مطلوب است زیرا این خاصیت سبب می‌شود به جای اینکه جستجو در تمام نقاط بطور ستقل دنبال شود (مانند الگوریتم ژنتیکی)، جستجوهای هدفمند در همسایگی‌ها انجام گردد که یکی از مزیتهاز عمده اتوماتای سلولی ژنتیکی می‌باشد. ولی این پدیده در طولانی مدت ممکن است مشکل ساز شود، زیرا در هر همسایگی سلولها دچار همگرایی زودرس می‌شوند و جستجو منحصر به به چند ناحیه کوچک در فضای مساله می‌شود. البته بازچینشهای مجدد، در فواصل زمانی معین سبب کنترل بعضی خصوصیات نامناسب و جلوگیری از همگرایی زودرس همسایگی‌ها خواهد شد. مکانیزم بازچینی این فرصت را فراهم می‌آورد تا بازچینی مناسب سلولها و تشکیل همسایگی‌های جدید، افرادی در مجاورت یکدیگر قرار گیرند که برای زاد و ولد مناسبتر باشند. چند مکانیزم بازچینی که در این مقاله مطرح و در آزمایشها مورد بررسی قرار گرفته‌اند به شرح زیر هستند. برای اطلاعات بیشتر در باره این بازچینی‌های میتوان به [42] مراجعه کرد.

- **بازچینی سطري:** در این حالت سطرهای توري به ترتیب مقدار شایستگی سلولها مرتب می‌شوند، مشخصه‌ای که این روش به دنبال ایجاد آن در جمعیت است نزدیکتر کردن افرادی است که شایستگی مشابهی با یکدیگر دارند.
- **بازچینی قطری :** در این حالت افراد جمعیت مرتب شده‌اند و به صورت پشت‌سرهم در قطرهای توري چیده می‌شوند. همانند حالت قبل در اینجا نیز هدف در مجاورت قرار گرفتن سلولهای مشابه می‌باشد

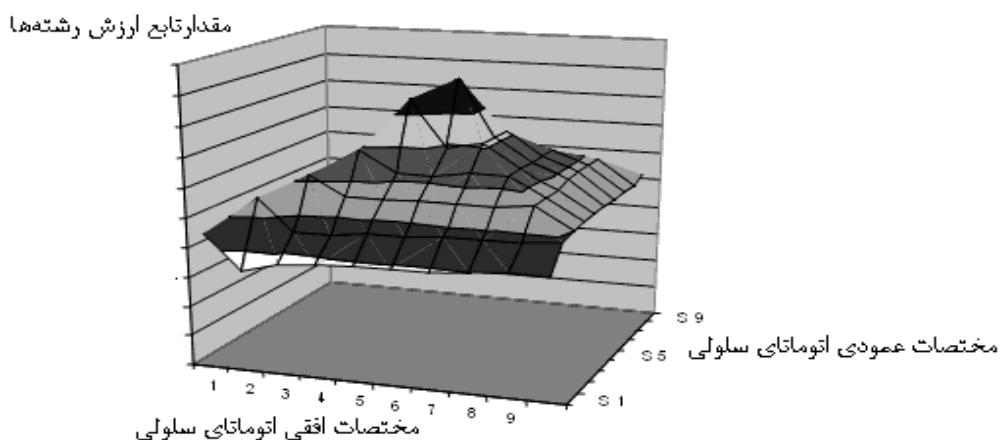
<sup>1</sup> Rearrangment

- **چینش مرکزی(چینش حلزونی):** در این حالت بهترین فرد در وسط قرار می‌گیرد، و افراد به ترتیب نزولی شایستگی، به صورت مارپیچی، گرد آن چیده می‌شوند
- **باز چینی حداکثر فاصله:** در این روش برخلاف چهار روش قبل، سعی شده سلولهای مجاور حتی المقدور حداکثر اختلاف را با یکدیگر داشته باشند(شکل ۲-و).
- **باز چینی تصادفی:** در این حالت موقعیت جدید سلوولها به صورت تصادفی تعیین می‌شود

عمل باز چینی میتوانند در حین اجرای اتماتای سلولی ژنتیکی بدفعات تکرار شود ولی باید به این نکته توجه داشت که آفزایش تعداد باز چینی‌ها باعث افزایش زمان اجرای الگوریتم می‌گردد. برای اطلاعات بیشتر درباره باز چینی‌های فوق میتوان به [5] مراجعه کرد.

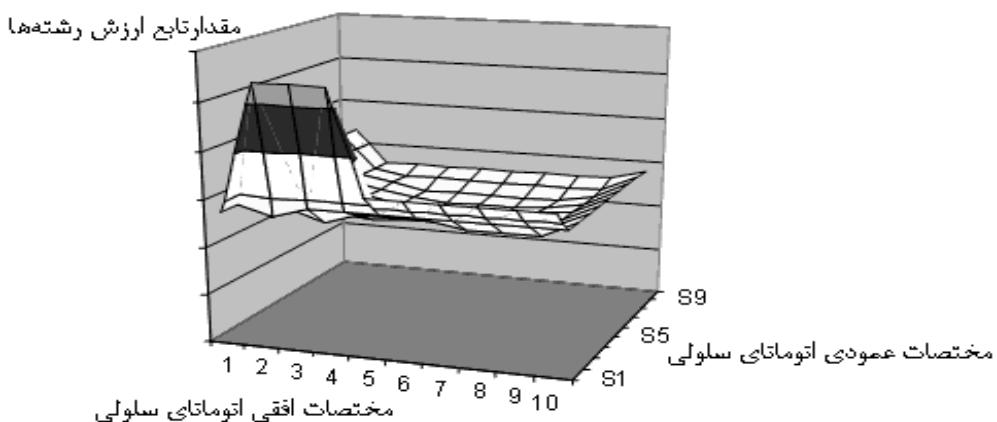
در ادامه این قسمت چند روش چینش جدید که در ادامه مقاله به ارزیابی آنها میپردازیم شرح داده می‌شود.

• **چینش مرکزنشینی:** برای انجام ای چینش ابتدا تمام کروموزومها بر اساس تابع ارزش خود از بزرگ به کوچک مرتب شده و سپس با شروع از مرکز ترین سلول بترتیب و به سمت سلولهای اطراف و به صورت حلزونی، چیده می‌شوند. در این نوع چینش هر چه از مرکز اتماتای سلولی دور میشویم ارزش کروموزومها کاهش می‌یابند. اگر ارزش کروموزومها را با توجه به قرار گرفتنشان در مختصات دکارتی سلوول‌های اتماتای سلولی دو بعدی  $10 \times 10$  رسم کنیم شکلی مشابه شکل ۴، بدست می‌آید.



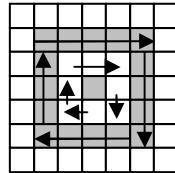
شکل ۴. نمایش ارزش کروموزومها بر اساس مختصات سلوولها در اتماتای سلولی بعد از چینش مرکزنشینی

• **چینش حاشیه‌نشینی:** در این نوع چینش برخلاف چینش مرکزنشینی ابتدا کروموزومها بر اساس تابع ارزش به صورت نزولی مرتب می‌شوند و سپس بصورت حلزونی حول سلول مرکزی چیده می‌شوند. اگر ارزش کروموزومها را با توجه به قرار گرفتنشان در مختصات دکارتی سلوول‌های اتماتای سلولی دو بعدی  $10 \times 10$  رسم کنیم شکلی مشابه شکل ۵، بدست می‌آید

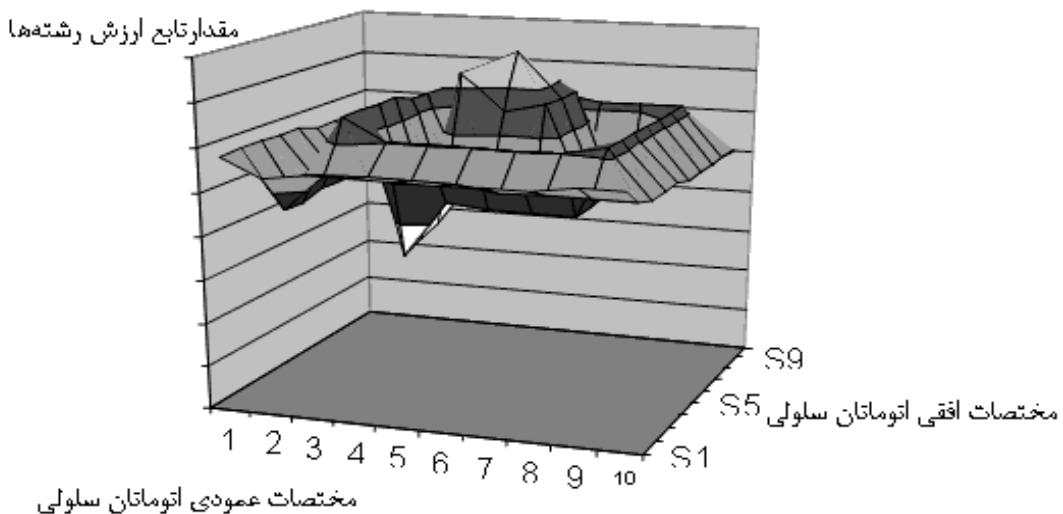


شکل ۵. نمایش ارزش کروموزومها بر لساس مختصات سلولی بعد از چینش حاشیه‌نشینی

- چینش هم‌جواری: در ابتدا کروموزومها به صورت صعودی بر اساس ارزش‌شان مرتب شده، و سپس عمل چینش به این صورت انجام می‌گیرد که از مرکز به اطراف اتماتاتی سلولی، یک در میان بزرگترها و کوچکترها به صورت مربعی چیده می‌شوند(مطابق شکل ۶). اگر ارزش کروموزومها را با توجه به قرار گرفتنشان در مختصات دکارتی سلول‌های اتماتاتی سلولی دو بعدی  $10 \times 10$  رسم کنیم شکلی مشابه شکل ۷، بدست می‌آید



شکل ۶. نمایی از اتماتاتی سلولی و ترتیب چیدن در مربعات



شکل ۷. نمایش ارزش کروموزومها بر لساس مختصات سلولها در اتماتاتی سلولی بعد از چینش هم‌جواری

### ۳- نتایج شبیه‌سازی

در این بخش از مقاله در ابتدا مسایل مورد بررسی مختصر اشرح داده می‌شود و سپس نتایج آزمایشها ارایه می‌گردد. مسایل مورد بررسی به شرح زیر می‌باشند.

**(الف) مساله کوله‌پشتی<sup>۱</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 می‌بایست 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 حداً کثر شود[14].

**(ب) مساله فروشنده دوره‌گرد<sup>۲</sup>:** در مساله فروشنده دوره‌گرد<sup>۳</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].

**(ج) مساله رنگ آمیزی گراف:** در این مسئله هدف رنگ کردن یک گراف با تعداد مشخصی رنگ می‌باشد بطوریکه هیچ دو گره مجاور در این گراف دارای رنگ یکسانی نباشند[17].

<sup>1</sup> Knapsack

<sup>2</sup> TSP

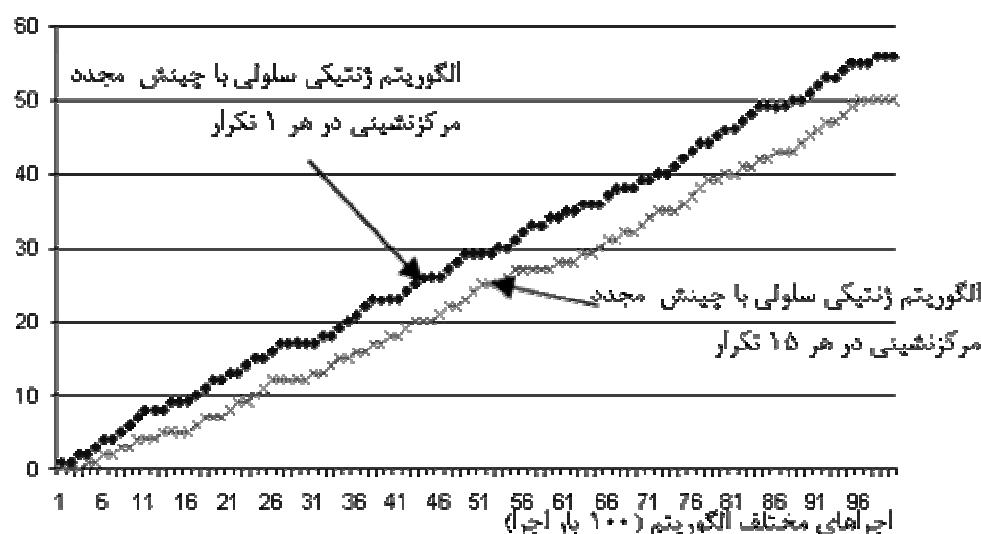
۵) مساله تخصیص کانال در شبکه های سلولی: مسأله تخصیص کانال در شبکه های سلولی عبارتست از تخصیص کانالها به سلولهای شبکه، بطوریکه یک معیار از پیش نعین شده مانند میزان بلاک شدن درخواستها در شبکه کمینه شود و در عین حال محدودیتهای هم کانالی<sup>۱</sup>، کانال همسایه<sup>۲</sup> و هم سلولی رعایت گردد[18].

## نتایج شبیه سازی

در این بخش کارایی چینش های پیشنهادی در حل مسائل رنگ آمیزی گراف، چند کوله پشتی، تخصیص کانال و مسئله فروشنده دوره گرد مورد بررسی قرار میگیرد.

نمودار ۱، تاثیر چینش مرکزنشینی را در حل مسئله تخصیص کانال ارایه نشان میدهد. دو منحنی در نمودار ۱، بیانگر فراوانی تعداد رسیدن به جواب بهینه در طول ۱۰۰ بار اجرای الگوریتم می باشد. نمودار ۱، بیانگر این نکته است که، تکرار چینش کروموزومها بر روی مرکزنشینی در طی اجرای الگوریتم در رسیدن به جواب بهینه اثر مثبت دارد و هر چه این چینش بدفعات بیشتر انجام گیرد اتوماتی ژنتیکی سلولی کارایی بهتری از خود نشان میدهد. البته سربار چینش باید در نظر گرفته شود. نمودار ۲، بیان کننده این مطلب می باشد که چینش حاشیه نشینی برای مساله تخصیص کانال مناسب نمیباشد. از مایشها نشان داده اند که این چینش، هرچه کمتر استفاده شود بهتر خواهد بود. نمودار ۳، که کارایی چینش هم جواری را در حل مسئله تخصیص ایستای کانال نشان میدهد. همانطور که مشاهده میشود با افزایش تعداد دفعات این نوع باز چینی در حین اجرا کارایی الگوریتم را آفرایش میدهد.

تجمع فراوانی تعداد رسیدن به جواب بهینه

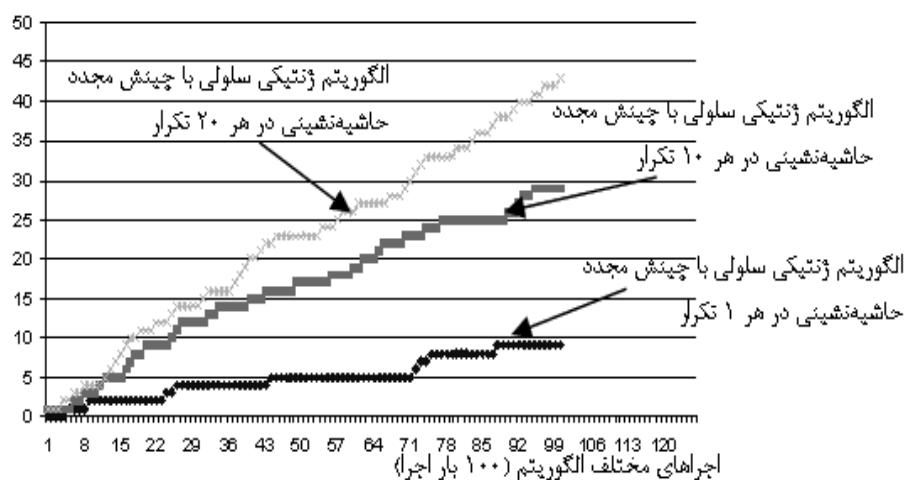


نمودار ۱. چینش مرکزنشینی و مسئله تخصیص کانال

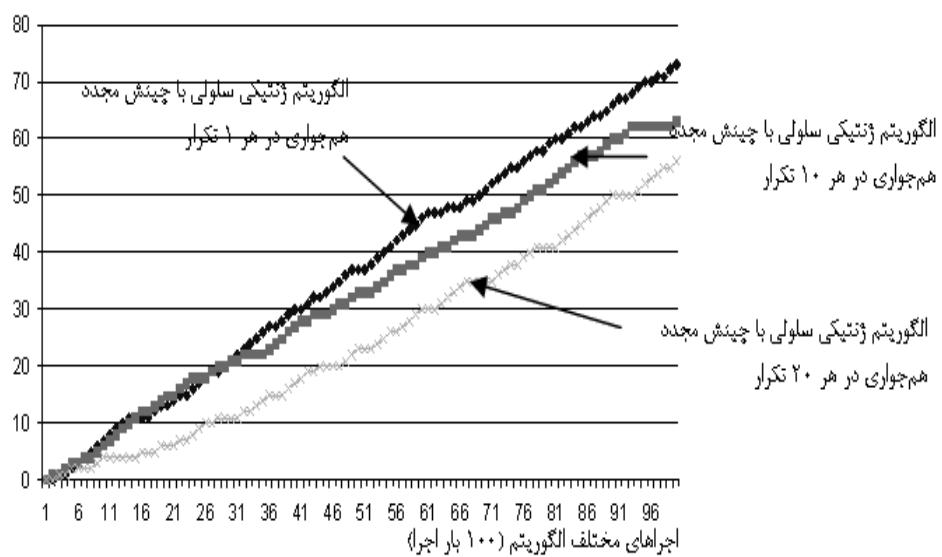
<sup>1</sup> Co-Channel Constraint

<sup>2</sup> Adjacent Channel Constraint

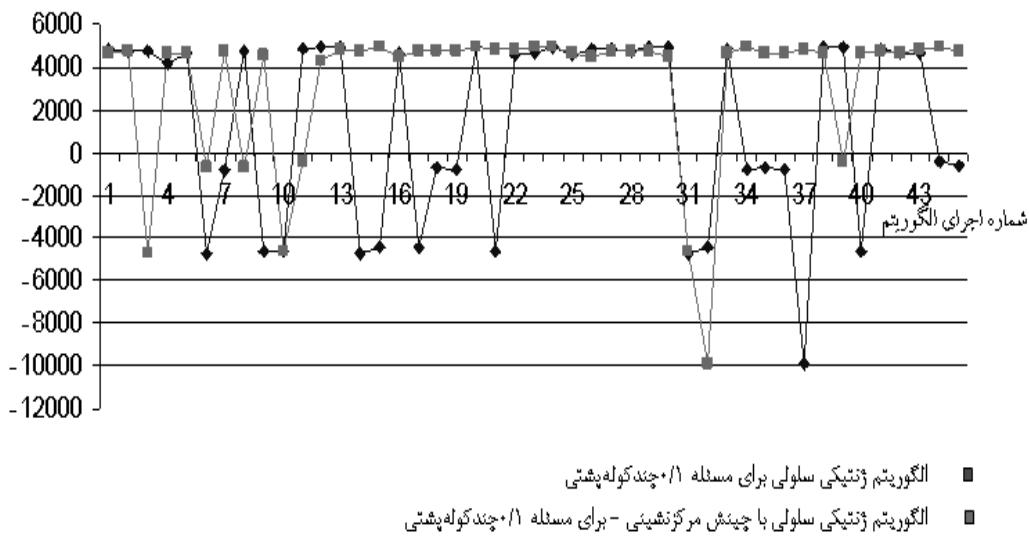
### تجمع فراوانی تعداد رسیدن به جواب بهینه



### تجمع فراوانی تعداد رسیدن به جواب بهینه



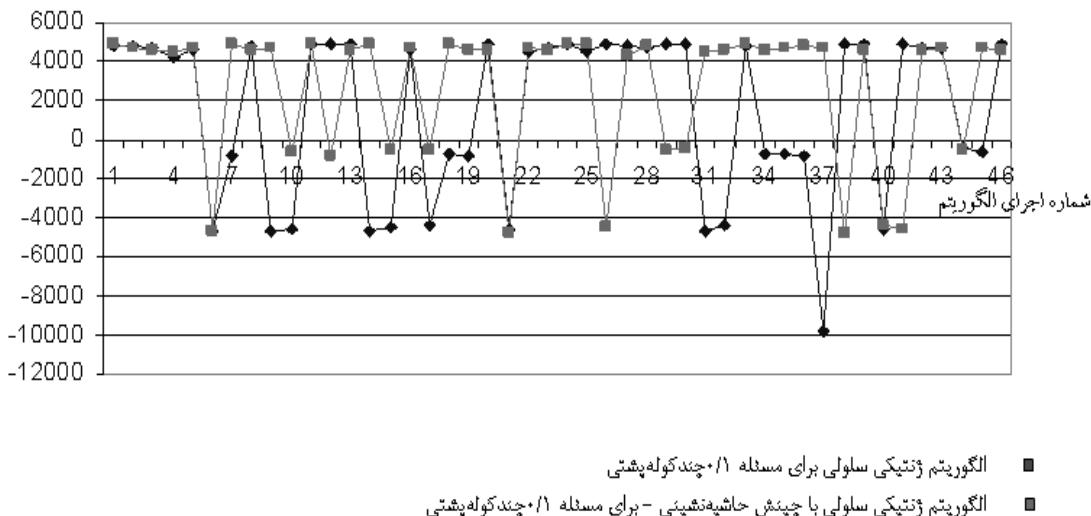
مقیدار ارزش با جریمه در بهترین جواب جمعیت



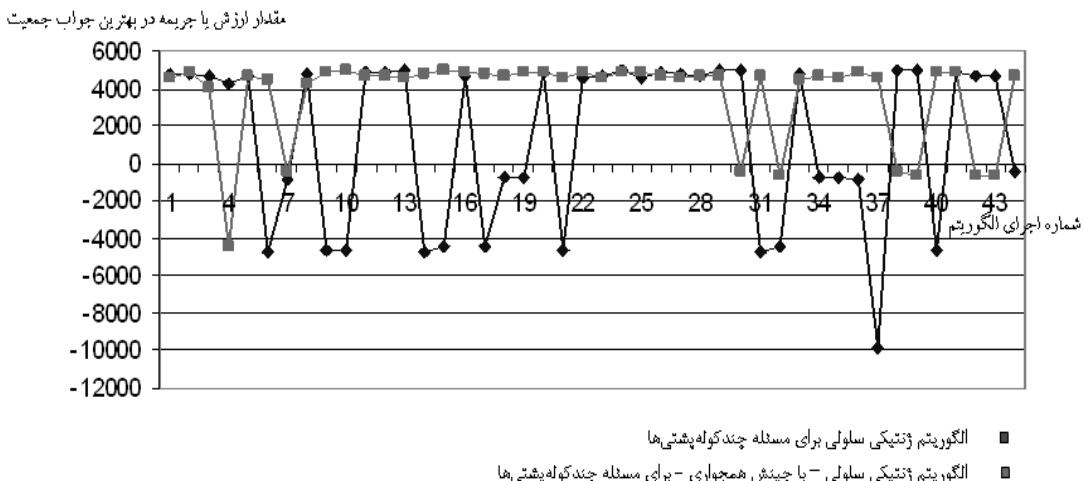
نمودار ۴. بهترین ارزش یا جریمه بدست آمده برای مساله کوله پشتی در اتماتای های ژنتیکی سلولی با چینش مرکزنشینی

نمودار ۴، تاثیر چینش مرکزنشینی برای مسئله ۱/+ چندکولهپشتی را نشان می دهد. استفاده متعدد از این چینش در الگوریتم احتمال یافتن جواب های مناسب را افزایش می هد. در آزمایش بعدی چینش حاشیه نشینی، مورد بررسی قرار گرفت. همانطور که در نمودار ۵ نشان داده شده است این نوع چینش، بهبودی در الگوریتم با چینش مرکزنشینی، صورت نداده است. با شمارش تعداد دفعاتی که بهترین جواب جریمه شده است(به تعداد ۱۳ بار)، و مقایسه این مقدار برای چینش مرکزنشینی(به تعداد ۸ بار)، میتوان به این نتیجه رسید که این نوع چینش نه تنها بهبودی در الگوریتم ایجاد نمیکند بلکه آن را بدتر نموده است. در آزمایش بعدی چینش هم جواری در حل مساله کوله پشتی مورد استفاده قرار گرفت که نتیجه در نمودار ۶ نمایش داده است. آین آزمایش نشان داد که این چینش هر چند کارایی اتماتای ژنتیکی سلولی را بهبود میدهد، اما از لحاظ تعداد دفعاتی که جوابهای جریمه دار را تولید می کند(به تعداد ۸ بار)، هیچ برتری نسبت چینش مرکزنشینی، ندارد.

مقیدار ارزش با جریمه در بهترین جواب جمعیت

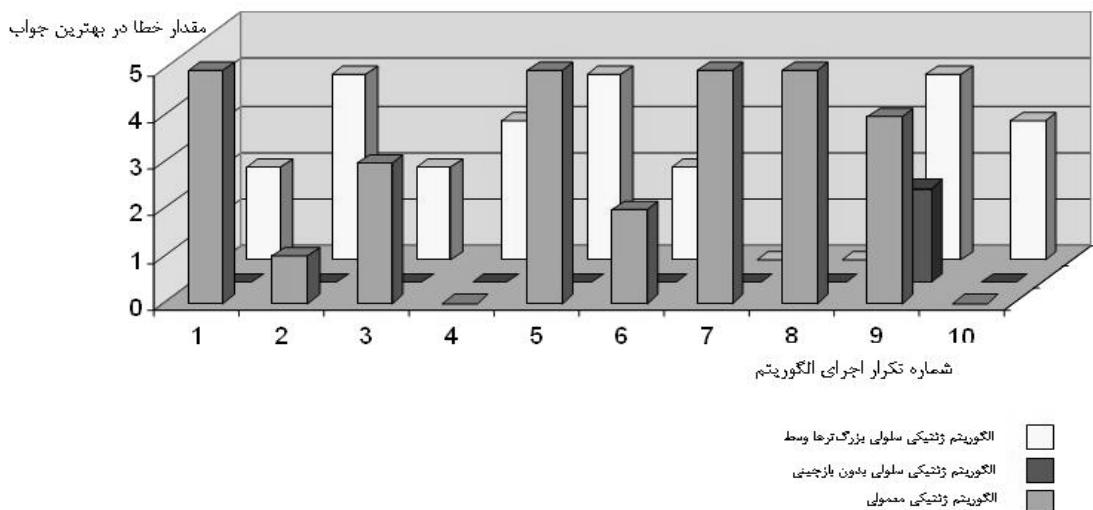


نمودار ۵. بهترین ارزش یا جریمه بدست آمده برای مساله کوله پشتی در اتماتای های ژنتیکی سلولی با چینش حاشیه نشینی



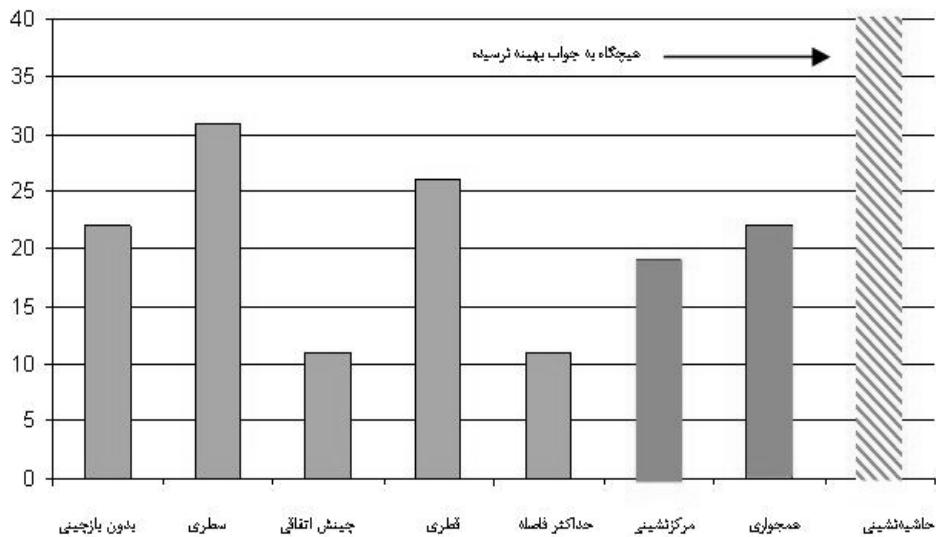
نمودار ۶. بهترین ارزش یا جریمه بدست آمده برای مسئله کوله پشتی در اتوماتی‌های ژنتیکی سلولی با چینش هم‌جواری

برای حل مسئله رنگ‌آمیزی گراف با ۲۵ گره و ۳ رنگ، الگوریتم ژنتیکی معمولی، ژنتیکی سلولی بدون چینش و اتوماتی‌های ژنتیکی سلولی با چینش مرکزنشینی، مورد استفاده قرار گرفت. همانطور که در نمودار ۷ دیده می‌شود، اتوماتی‌های ژنتیکی سلولی بدون چینش، ۹ بار از ۱۰ بار اجرا، الگوریتم ژنتیکی معمولی ۲ بار از ۱۰ بار اجرا و اتوماتی‌های ژنتیکی سلولی با چینش مرکزنشینی، ۲ بار از ۱۰ بار اجرا به جواب‌هایی بهینه رسیده‌اند. این نتایج نشان می‌دهد که در همه موارد، چینش‌های غیر تصادفی بهتر از چینش‌های تصادفی عمل نمی‌کنند. نمودار ۸ چینش‌های مطرح شده در [5] را با چینش‌های پیشنهاد شده در این مقاله برای مسئله رنگ‌آمیزی گراف مقایسه می‌کند. همانطور که در نمودار ۸ ملاحظه می‌کنید، در ۱۰۰ بار اجرای اتوماتی‌های سلولی ژنتیکی برای هر نوع چینش و در هر اجرا ۵۰ بار بازچینی حداکثر فاصله، بطور میانگین، در تکرار کمتری به جواب بهینه می‌رسد. در همین نمودار اتوماتی‌های سلولی ژنتیکی که از چینش حاشیه‌نشینی استفاده نموده‌است در ۵۰ بار تکرار الگوریتم، هیچ‌گاه به جواب بهینه نرسیده است. کارایی چینش‌های ذکر شده برای مسائلی دیگر مانند کوله‌پشتی، فروشنده دروغ‌گرد، ۰/۱ چند کوله‌پشتی و تخصیص کمال مورد بررسی قرار گرفت که نتایج آن مشابه با نمودار ۱۳ است. نمودار ۹ کارایی استفاده از چینش‌های مختلف را برای مسئله ۱۰ چند کوله‌پشتی نشان می‌دهد. برای آزمایش‌های بیشتر در باره چینش‌های پیشنهادی می‌توان به [19] مراجعه کرد.



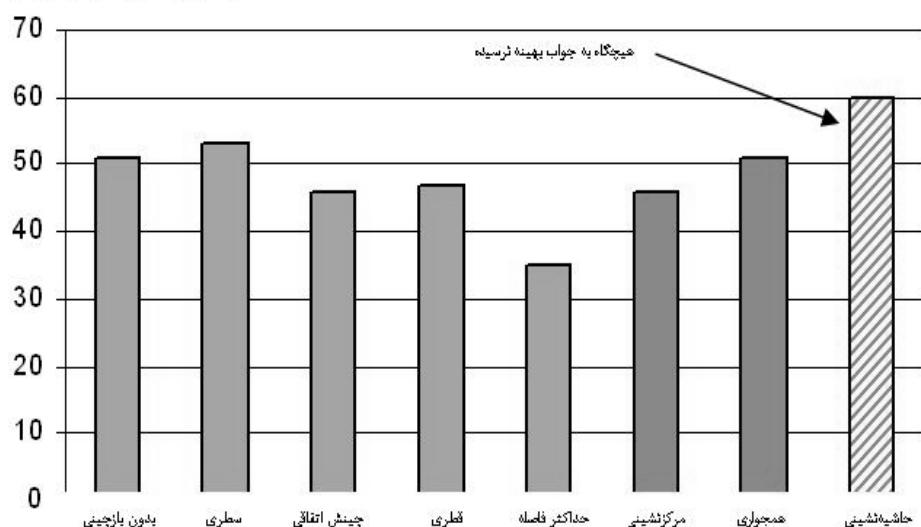
نمودار ۷. نمودار خطای در بهترین جواب‌های بدست آمده

شماره تکرار رسیدن به اولین جواب بهینه



نمودار ۸. مقایسه تعداد تکرارها برای رسیدن به اولین جواب بهینه برای چینش‌های مختلف برای مسئله رنگ‌آمیزی گراف

شماره تکرار رسیدن به اولین جواب بهینه



نمودار ۹. تعداد تکرارها برای رسیدن به اولین جواب بهینه برای چینش‌های مختلف برای مسئله ۱/۰ چندکوله‌پشتی

#### ۴- نتیجه گیری

در این مقاله چند روش جدید بازچینی کروموزمها در اتموماتای سلولی ژنتیکی پیشنهاد و سپس مورد ارزیابی قرار گرفت. میباشد. این روشها بر روی مسایل کوله‌پشتی<sup>۱</sup>: فروشنده دوره‌گرد، رنگ‌آمیزی گراف و تخصیص کانال در سیستمهای سیار سلولی مورد آزمایش قرار گرفت و سپس با روشهای باز چینی گزارش شده مقایسه شد. نشان داده شد که روشهای بازچینی پیشنهادی در این مقاله برای بعضی از مسایل دارای کارایی بالاتری میباشد.

#### مراجع

<sup>1</sup> Knapsack

- [1] J. S. Kim, S. H. Park, P. W. Dowd, and N. Nasrabadi, "***Genetic Algorithm Approach to the Channel Assignment Problem***," IEEE Transaction on Vehicular Technology, vol. VT-40, pp. 188-193, Feb. 1998.
- [2] L. Davis, "***Handbook of Genetic Algorithms***," van Nostrand New York, 1991.
- [3] Mitchell, J. Crutchfield and R. Das, "***Evolving Cellular Automata with Genetic Algorithms: A Review of Recent Work***," Proceeding of First International Conference on Evolutionary Computation and Its Applications, EvCA'96, Moscow, Russian Academy of Sciences, 1996.
- [4] E. Alba, M. Giacobini, M. Tomassini and S. Romero, "***Comparing Synchronous and Asynchronous Cellular Genetic Algorithms***," Proceedings of the Parallel Problem Solving from Nature VII, University of Malaga, Granada, Spain, pp. 601-610, 2002.
- [5] Meybodi, M. Lesani, "***Genetic Cellular Automata***," Tech Report, Amirkabir University of Technology, 2003.
- [6] K. Bryant, "***Genetic Algorithms and the Traveling Salesman Problem***," Ph.d.Thesis, Harvey Mudd College, Dept. of Mathematics, 2000.
- [7] E. Cantu-Paz, "***A Survey of Parallel Genetic Algorithms***," IlliGAL Report No. 97003, May 1997
- [8] "***Genetic Algorithms Archive***," Repository for GA related information, <http://www.aic.nrl.navy.mil/galist>.
- [9] "***Genetic Algorithms Tutorials***," <http://geneticalgorithms.ai-depot.com/Tutorials.html>, July 2002.
- [10] Hartmut Pohlheim, "***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)
- [11] R. Spillman, "***Cryptanalyst of Knapsack Ciphers Using Genetic Algorithms***," Cryptologia, Volume XVII, No. 4 , pp. 367 – 377, October 1993.
- [12] V. P. Stokes, "***Knapsack Problem***," Uppsala University, Sweden.
- [13] E. L. Lawler and J. K. Lenstra, "***The Traveling Salesman***," John Wiley and Sons, 1986.
- [14] G. Reinelt, "***The Traveling Salesman: Computational Solutions for TSP Applications***," Springer-Verlag, 1994.
- [15] E. K. Burke and D.B. Varley, "***A Genetic Algorithms Tutorial Tool for Numerical Function Optimization***," SIGCSE Bulletin, USA, 1997.
- [16] "***What are Gray codes, and why are they used***," <http://www.cs.cmu.edu/Groups/AI/html/faqs/ai/genetic>.
- [17] "***A new genetic local search algorithm for graph coloring***," Lecture Notes in Computer Science 1498 (1998), 745-754.
- [18] S. Matsui and K. Tokoro, "***A new Genetic Algorithm for Minimum Span Frequency Assignment Using Permutation and Clique***," Proc. of GECCO-2000 (Genetic and Evolutionary Computation Conference, Morgan Kaufmann Publishers, 2000, pp. 682-689.
19. H. Rajabalipour and M. R. Meybodi, "***Genetic Cellular Automata***," Technical Report, Computer Engineering Department, Amirkabir University, 2003.

## مراجع

- [1] E. Alba and J. Troya, "***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.
- [3] E. K. Burke and D. B. Varley, A Genetic Algorithms Tutorial Tool for Numerical Function Optimisation ,SIGCSE Bulletin, USA, 1997.
- [4] E. Cantu-Paz, A Survey of Parallel Gentic Algorithms, IlliGAL Reprot No. 97003, May 1997
- [5] Cellular Automata Links, <http://www.soc.surrey.ac.uk/research/simsoc/ca.html>.
- [6] Hartmut Pohlheim, 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] U. Kohlmorgen, H. Schmeck and K. Haase: Experiences with Fine-Grained Parallel Genetic Algorithms , Annals of Operations Research, Vol.90, S.203-219, 1999.
- [11] M. Mitchell, J. Crutchfield and R. Das, "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] G. Rudolph and J. Sprave, "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] R. Spillman, Cryptanalyst of Knapsak Ciphers Using Genetic Algorithms, Cryptologia, Volume XVII, No. 4 , pp. 367 – 377, October 1993.
- [14] J. Rennard, Introduction to Cellular Automata, [www.rennard.org/alife/english/acgb.html](http://www.rennard.org/alife/english/acgb.html), 2000.
- [15] S. Veettil, 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] S. Wolfram, Cellular Automata as Models of Complexity, Nature, 311, pp. 419—424, 1984.
- [17] E. Lawler and J. K. Lenstra, 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] E. Cantú-Paz, "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 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 Branda, 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", In 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.
- [34] Rastegar, R., and Meybodi, M. R., “A New Estimation of Distribution Algorithm based on Learning Automata”, to appear in Iranian Journal of Electrical and Computer Engineering.
- [35] Rastegar, R., and Meybodi, M. R., “A New Estimation of Distribution Algorithm based on Learning Automata”, to appear in 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”, to appear in 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”, accepted in 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”, In Proc. 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”, In Proc. 3rd IEEE Conf. on Evolutionary Comp. IEEE Press, 1996.
- [41] Tomassini, M., “The Parallel Genetic Cellular Automata: Application to Global function Optimization”, in proceedings of International Artificial Neural Nets and Genetic Algorithms Conference, Austria, pp. 385-391, Springer, Wein, 1993.
- [42] M. Lessani and M. R. Meybodi, “Genetic Cellular Automata”, Technical Report, Computer Engineering Department, Amirkabir University, 2004.