





دانشگاه تهران

پردیس دانشکده‌های فنی
دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر

عنوان:

توسعه یک چارچوب کارا از روش‌های تکاملی بهبود یافته برای
طراحی سیستم‌ها

نگارش:

فائزه منتظری

اساتید راهنما:

دکتر سید مهدی فخرایی و دکتر کارو لوکس

پایان‌نامه برای دریافت درجه کارشناسی ارشد در رشته

مهندسی کامپیوتر - معماری کامپیوتر

مرداد ۱۳۸۷



دانشگاه تهران

پردیس دانشکده‌های فنی

دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر

پایان‌نامه برای دریافت درجه کارشناسی ارشد در رشته مهندسی کامپیوتر - معماری کامپیوتر

عنوان: توسعه یک چارچوب کارا از روش‌های تکاملی بهبود یافته برای طراحی سیستم‌ها

نگارش: فائزه منتظری

از این پایان‌نامه در تاریخ ۱۳۸۷/۰۵/۰۸ در مقابل هیات داوران دفاع گردید و مورد تصویب قرار گرفت.

معاون آموزشی و تحصیلات تکمیلی پردیس دانشکده‌های فنی: دکتر جواد فیض

رئیس دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر: دکتر پرویز جبه‌دار مارالانی

معاون پژوهشی و تحصیلات تکمیلی دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر: دکتر سعید نادر اصفهانی

اساتید راهنما: دکتر سید مهدی فخرایی

دکتر کارو لوکس

عضو هیات داوران: دکتر محمد کاظم اکبری

عضو هیات داوران: دکتر بهزاد مشیری

عضو هیات داوران: دکتر سیامک محمدی

مرداد ۱۳۸۷

تعهد نامه اصالت اثر

اینجانب **فائزه منتظری** تایید می‌کنم که مطالب مندرج در این پایان نامه حاصل کار پژوهشی اینجانب است و به دستاوردهای پژوهشی دیگران که در این نوشته از آنها استفاده شده است، مطابق مقررات ارجاع گردیده است. این پایان نامه قبلاً برای احراز هیچ مدرک هم‌سطح یا بالاتری ارائه نشده است.

کلیه حقوق مادی و معنوی این اثر متعلق به دانشکده فنی دانشگاه تهران می‌باشد.

نام و نام خانوادگی: **فائزه منتظری**

امضاء

اگر قدری بر این مجموعه باشد.

تقدیم به

دوپشتوانه الهی زندگی
پدر و مادر عزیز و بزرگوارم

و تقدیم به

همسر عزیزم

تشکر و قدردانی

قبل از هر سخنی ابتدا از راهنمایی‌ها، زحمات و محبت‌های اساتید گرانقدر جناب آقای دکتر فخرایی و جناب آقای دکتر لوکس تشکر و قدردانی می‌کنم و از ایشان که مسئولانه مرا در انجام این پروژه یاری رسانده‌اند سپاسگزار و ممنونم. از محبت‌ها و حمایت‌های بی‌دریغ پدر و مادر عزیز و مهربانم که همیشه پشتیبان من بخصوص در تحصیل علم هستند، بسیار سپاسگذارم. از خواهر و برادر عزیزم به خاطر کمک‌هایشان کمال تشکر را دارم. در پایان از همسر عزیزم به خاطر یاری‌هایش در طول دوره کارشناسی ارشد سپاسگذارم.

که اگر یاری آن‌ها نبود هیچ‌گاه این تحقیق انجام نمی‌شد.

چکیده

در سال‌های اخیر در طراحی سیستم‌های هوشمند، مدل‌سازی شبکه‌های عصبی مصنوعی از روی عملکرد مغز انسان، منطق فازی با الهام از روش استنتاج تقریبی انسان‌ها و سیستم‌های تکاملی با اقتباس از نظریه تکامل موجودات زنده از نمونه‌های بسیار موفق در کاربردهای مهندسی به شمار می‌آیند. در این میان روش‌های محاسبات تکاملی به‌عنوان ابزار بهینه‌سازی و جستجوی بسیار قوی معروف شده‌اند. بالا رفتن پارامترهای درگیر در طراحی باعث شده است تا متدهای طراحی قدیمی از ارائه طرح‌های قابل قبول باز ایستند و لذا از جمله روش‌های موثر و کارآ در طراحی و بهینه‌سازی در دنیای مهندسی روش‌های محاسبات تکاملی هستند.

مشکل اصلی محاسبات تکاملی حجم بالای محاسبات و پیچیدگی ارزیابی کیفیت نتایج می‌باشد که باعث کندی این الگوریتم‌ها می‌گردد. برای تسریع در حل مسائل به‌کمک این الگوریتم‌ها، روش‌های متعددی ارائه شده است؛ برای بهبود ساختاری دو دسته کار انجام شده است که شامل ارائه الگوریتم‌های جدید و اختصاصی‌سازی (Customization) الگوریتم‌های تکاملی با توجه به ماهیت مسائل مختلف می‌باشد.

در این پایان‌نامه از الگوریتم بدیعی با نام SBIL استفاده شده است که این الگوریتم تکاملی با الهام از ساختار قبیل‌ای در جوامع بشری طراحی شده است.

از سوی دیگر، از میان مسائل جدیدی که در سال‌های اخیر مورد توجه واقع شده‌اند و امید می‌رود که روش تکاملی راه حل مناسبی برای آن‌ها ارائه دهد، می‌توان به مسئله پیش‌بینی ساختار دوم RNA و زمان‌بندی وظایف در سیستم‌های چند پردازنده‌ای اشاره کرد.

در حالی که کارکرد مولکول زیستی از طریق شکل آن نتیجه می‌شود، دانستن شکل آن در تولید داروهای جدید و درک بیماری‌های ژنتیکی فوق‌العاده با ارزش خواهد بود. روش‌های مشاهده و اندازه‌گیری کنونی مانند (Nuclear Magnetic Resonance) NMR و کریستالوگرافی (X-Ray Crystallography) دارای هزینه زیادی هستند و زمان زیادی را صرف می‌کنند. بنابراین پیش‌بینی ساختار مولکول موضوع بسیار مهمی در بیوانفورماتیک به شمار می‌رود. پیشرفت‌های بسیاری در پیش‌بینی ساختار دوم RNA با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی انجام گرفته‌است. این‌گونه الگوریتم‌ها انتخاب بسیار مناسبی برای پیش‌بینی ساختار دوم RNA می‌باشند، به دلیل اینکه ساختار دوم RNA موجود در طبیعت لزوماً ساختاری با حداقل انرژی آزاد گیبس (ΔG minimum Gibbs free energy) نیست، بلکه در بین ساختارهای با کمترین ΔG ها یافت می‌شود، از این رو این‌گونه الگوریتم‌ها می‌توانند گزینه مناسبی برای این امر باشند.

در این پایان‌نامه، یک نمایش بدیع برای مدل سازی ساختار دوم RNA از روی ساختار اول ارائه شده است که با استفاده از الگوریتم SBIL، منجر به بهبود پیش‌بینی ساختار دوم و جفت بازهای پیش‌بینی شده هم از جهت تعداد و هم درستی آن‌ها شده است.

تا کنون روش‌های گوناگونی از راه‌حل‌ها و ابتکارات به منظور بهینه‌سازی سیستم زمان‌بندی وظایف ارائه شده است. در این پایان‌نامه، یک نمایش بدیع برای حل مسئله زمان‌بندی وظایف با استفاده از الگوریتم SBIL و الگوریتم ژنتیک ارائه شده است که منجر به بهبود زمان‌بندی سیستم‌های چندپردازنده‌ای می‌شود.

در این پایان‌نامه، همچنین جعبه ابزاری طراحی و پیاده‌سازی گردید که از الگوریتم SBIL به عنوان الگوریتم بهینه‌سازی استفاده می‌نماید تا بتواند به طراحی مسائل به صورت بهینه بپردازد.

فهرست مطالب

| | |
|--|----|
| فصل ۱ مقدمه | ۱ |
| فصل ۲ محاسبات تکاملی | ۸ |
| ۱-۲ مقدمه | ۹ |
| ۲-۲ الگوریتمهای تکاملی | ۹ |
| ۳-۲ الگوریتمهای ژنتیک | ۱۲ |
| ۴-۲ اجزای الگوریتمهای ژنتیک | ۱۶ |
| ۱-۴-۲ نمایش اعضا | ۱۶ |
| ۲-۴-۲ تابع تناسب | ۱۸ |
| ۳-۴-۲ انتخاب والدین | ۱۸ |
| ۴-۴-۲ ترکیب مجدد | ۲۰ |
| ۵-۴-۲ جهش یا تغییر | ۲۲ |
| ۶-۴-۲ انتخاب | ۲۲ |
| PBIL-۴-۲ | ۲۳ |
| ۸-۴-۲ بردار احتمال و یادگیری رقابتی | ۲۴ |
| ۹-۴-۲ نقش جهش در الگوریتم PBIL | ۲۴ |
| ۱۰-۴-۲ اثرات تغییر نرخ یادگیری | ۲۵ |
| ۵-۲ ذرات جمعی برای بهینه سازی (PSO) | ۲۵ |
| ۱-۵-۲ الگوریتم ها | ۲۶ |
| ۲-۵-۲ نوپولوژی ها | ۲۸ |
| ۳-۵-۲ پارامترها | ۲۸ |
| ۴-۵-۲ الگوریتم های PSO ترکیب شده | ۲۹ |
| ۵-۵-۲ کاربردها | ۳۰ |
| فصل ۳ الگوریتم مبتنی بر مفهوم قبایل (SBIL) | ۳۱ |
| ۱-۳ مروری بر کارهای دیگران | ۳۲ |

| | |
|---------|---|
| ۳۳..... | ۲-۳ تبدیل PBIL دودویی به PBIL عدد صحیح |
| ۳۵..... | ۳-۳ الگوریتم SBIL بصورت یک مدل انتزاعی از ساختار قبایل |
| ۳۷..... | ۴-۳ الگوریتم SBIL دودویی |
| ۳۸..... | ۱-۴-۳ مدل سازی اجزاء سازنده |
| ۴۳..... | ۵-۳ تبدیل الگوریتم SBIL دودویی به SBIL صحیح |
| ۴۶..... | ابزار شبیه ساز الگوریتم SBIL |
| ۴۷..... | فصل ۴ زمان بندی وظایف در سیستم های پردازش موازی و برازش الگوریتم SBIL برای حل آن |
| ۵۱..... | ۱-۴ مسئله تقسیم بندی / زمان بندی بار |
| ۵۳..... | ۲-۴ دسته بندی بارها |
| ۵۴..... | ۳-۴ تعریف مسئله زمان بندی وظایف |
| ۵۶..... | ۴-۴ زمان بندی وظایف در سیستم چند پردازنده ای |
| ۵۷..... | ۵-۴ مروری بر کارهای دیگران |
| ۶۱..... | ۶-۴ نمایش مسئله |
| ۶۶..... | ۷-۴ مقایسه نمایش ها |
| ۶۷..... | ۸-۴ فاز پیش پردازشی |
| ۶۹..... | ۹-۴ اپراتورهای ژنتیک |
| ۶۹..... | ۱-۹-۴ انتخاب والدین |
| ۷۰..... | ۲-۹-۴ ترکیب |
| ۷۰..... | ۳-۹-۴ جهش |
| ۷۰..... | ۴-۹-۴ تابع تناسب |
| ۷۱..... | ۱۰-۴ پارامترهای الگوریتم SBIL |
| ۷۲..... | ۱۱-۴ الگوریتم های ممتیک |
| ۷۶..... | ۱۲-۴ نتایج |
| ۷۶..... | ۱-۱۲-۴ نتایج حاصل از الگوریتم های تکاملی |
| ۸۰..... | ۲-۱۲-۴ مسائل افزایش یافته |
| ۸۱..... | ۳-۱۲-۴ نتایج حاصل از الگوریتم ژنتیک با استفاده از الگوریتم ممتیک |
| ۸۵..... | فصل ۵ بیوانفورماتیک |
| ۸۶..... | ۱-۵ اسیدهای نوکلئیک، DNA و RNA |

| | |
|----------|---|
| ۸۸..... | ۲-۵ ساختمان مولکول DNA |
| ۹۱..... | ۳-۵ ساختمان مولکول RNA |
| ۹۳..... | ۱-۳-۵ انواع RNA |
| ۹۵..... | ۲-۳-۵ ساختار خطی RNA |
| ۹۵..... | ۳-۳-۵ ساختار دوم و ساختار سوم RNA |
| ۱۰۲..... | فصل ۶ برازش الگوریتم SBIL برای مسئله پیش بینی ساختار دوم RNA |
| ۱۰۳..... | ۱-۶ مروری بر کارهای دیگران |
| ۱۰۶..... | ۲-۶ مدل های ترمودینامیک |
| ۱۰۷..... | ۳-۶ مدل STACKING-ENERGY |
| ۱۰۹..... | ۴-۶ مدل نزدیکترین همسایه منفرد |
| ۱۱۲..... | ۵-۶ مدل نزدیکترین همسایه منفرد با پیوند هیدروژنی |
| ۱۱۴..... | ۶-۶ نمایش ساختار دوم RNA: |
| ۱۱۴..... | ۱-۶-۶ مدل کردن ساختار دوم RNA |
| ۱۱۵..... | ۲-۶-۶ تشخیص انواع حلقه ها |
| ۱۱۶..... | ۷-۶ نتایج |
| ۱۲۰..... | فصل ۷ نتیجه گیری و کارهای آینده |
| ۱۲۱..... | ۱-۷ جمع بندی |
| ۱۲۳..... | ۲-۷ پیشنهادات و راه کارهای آینده |
| ۱۳۲..... | پیوست ۱: ابزار شبیه سازی الگوریتم SBIL برای طراحی سیستم ها به صورت بهینه |
| ۱۳۳..... | ابزار شبیه ساز الگوریتم SBIL به صورت گرافیکی |
| ۱۳۷..... | منوهای ابزار شبیه ساز SBIL |
| ۱۴۰..... | استفاده از ابزار شبیه ساز SBIL بصورت دستور در خط فرمان |
| ۱۴۳..... | پیوست ۲: فهرست مقالات استخراج شده از پایان نامه |

فهرست شکل‌ها

- شکل (۱-۲). یک نمونه فلوجارت پیاده‌سازی الگوریتمهای تکاملی. ۱۱.....
- شکل (۲-۲). نمونه شبه کد مربوط به یک الگوریتم ژنتیک. ۱۵.....
- شکل (۳-۲). شبه کد انتخاب مسابقه‌ای. ۱۹.....
- شکل (۱-۳). شکل صحیح الگوریتم PBIL. ۳۴.....
- شکل (۲-۳)-ساختار یک سیستم قبیله‌ای که شامل چهار قبیله در شکل الف نشان داده شده است. اطلاعات بصورت بهترین عضو هر قبیله در نسل کنونی به دیگر قبایل منتقل می‌شود. در شکل ب نیز ساختار داخلی یک قبیله را نشان داده شده است. اطلاعاتی که بین هر بخش رد و بدل می‌گردد نیز بر روی خطوط ارتباطی مشخص شده‌اند [24]..... ۳۶
- شکل (۳-۳)- شبه کد الگوریتم SBIL که شامل ω قبیله می‌باشد. ۴۲.....
- شکل (۴-۳)- شبه کد الگوریتم SBIL تبدیل شده به عدد صحیح. ۴۵.....
- شکل (۵-۳). واسط کاربر گرافیکی ابزار شبیه‌ساز SBIL پس از صدا زدن با استفاده از دستور sbil.jar..... ۴۶
- شکل (۲-۴). مثالی از کوروموزوم Wu و همکارانش [7]..... ۶۰
- شکل (۳-۴). مثالی از مجموعه‌ای از وظایف و شرایط پیش‌نیازی آن‌ها [32]..... ۶۱
- شکل (۴-۴). مشخصات پردازنده‌ها در مثال داده شده [32]..... ۶۲
- شکل (۵-۴). مثالی از کرموزوم برای گراف نشان داده شده در شکل (۳-۴). Ti_j زمین کپی از Ti می‌باشد [32]..... ۶۳
- شکل (۶-۴). مشکل اصلی با پارامتر NC..... ۶۶
- شکل (۷-۴). یک مثال از گراف وظایف [33]..... ۷۳
- شکل (۸-۴). مثالی از اختصاص وظایف [33]..... ۷۴
- شکل (۹-۴)-نمودار مقایسه [7] با روش FTAP برای مسائل آزمایش شده [32]..... ۷۹
- شکل (۱-۵). جریان اطلاعات در زیست‌شناسی مولکولی..... ۸۶
- شکل (۳-۵). بازهای پیریمیدینی و پورینی..... ۸۷
- شکل (۴-۵). ساختار نوکلئوتیدها [۸۲]..... ۸۹
- شکل (۵-۵). انواع قند موجود در اسیدهای نوکلئیک: ریبوز، دئوکسی ریبوز [۸۱]..... ۸۹

| | |
|---|-----|
| شکل (۵-۶). الف) بازهای موجود در ساختمان DNA، ب) ساختمان DNA و طرز قرار گرفتن بازها در آن [۸۰]. | ۹۰ |
| شکل (۵-۷). تفاوت ساختار در DNA و RNA [84] | ۹۲ |
| شکل (۵-۸). نمونه‌ای از ساختار خطی RNA [84] | ۹۵ |
| شکل (۵-۹). نمایشی از ساختارهای دوم و سوم RNA [86] | ۹۷ |
| شکل (۵-۱۰). ساختار دوم RNA و انواع حلقه‌های موجود در آن [87] | ۹۸ |
| شکل (۵-۱۱). اجزاء تشکیل دهنده ساختار دوم RNA | ۹۹ |
| شکل (۵-۱۲). انواع حلقه‌های موجود در ساختار دوم RNA [87] | ۱۰۱ |
| شکل (۶-۱). ۱۰ دوتایی یکتا با جفت بازهای واتسون-کریک. | ۱۰۹ |
| شکل (۶-۲). مدل نمودن ساختار دوم RNA | ۱۱۴ |
| شکل (۶-۳). نمایش حلقه hairpin | ۱۱۵ |
| شکل (۶-۴). الف) نمایش حلقه bulge، ب) نمایش حلقه interior | ۱۱۶ |
| شکل (پ-۱). نمودار UML مربوط به کلاس‌های SBILUI، ReadHelpFile، FileFilter و MatlabFilter | ۱۳۴ |
| شکل (پ-۲). نمودار UML مربوط به کلاس‌های Path، PropertyUI و IO | ۱۳۵ |
| شکل (پ-۳). نمودار UML مربوط به کلاس‌های NumberUtil، ValidationRecorder، SBILMain، RunMatlab، FileCopyMgr، ShowSystemProperties، CheckValidation و WindowsRegistry | ۱۳۶ |
| شکل (پ-۴). واسط کاربر گرافیکی ابزار شبیه‌ساز SBIL پس از صدا زدن با استفاده از دستور sbil.jar | ۱۳۷ |
| شکل (پ-۵). استفاده از فایل موجود برای مقداردهی پارامترها با استفاده از منوی Open File | ۱۳۸ |
| شکل (پ-۶). نمونه فایل حاوی مقدارهایی برای پارامترهای الگوریتم SBIL | ۱۳۹ |
| شکل (پ-۷). اطلاعاتی راجع به پدیدآورندگان ابزار شبیه‌ساز SBIL | ۱۳۹ |
| شکل (پ-۸). اطلاعاتی در رابطه با استفاده از ابزار شبیه‌ساز SBIL | ۱۴۰ |

فهرست جداول

- جدول ۱-۴ پارامترهای SBIL. ۷۱.....
- جدول ۲-۴ مسائل آزمون انتخاب شده برای ارزیابی روش پیشنهادی. ۷۷.....
- جدول ۳-۴ مقایسه زمان اجرای نهایی بین نمایش FTAP و [7]. ۷۷.....
- جدول ۴-۴ میانگین تعداد نسله‌ها در بدست آوردن نتیجه. ۷۷.....
- جدول ۵-۴ زمان نهایی بدست آمده برای پردازنده‌های متشابه در روشهای مختلف. ۷۸.....
- جدول ۶-۴ میانگین تعداد نسل‌ها در پردازنده‌های غیرمتشابه. ۸۰.....
- جدول ۷-۴ نتایج بدست آمده به همراه تعداد نسل‌های تولید شده متناظر آن در مسائل افزایش یافته. ۸۰.....
- جدول ۸-۴ مقایسه زمان اجرای نهایی بین نمایش FTAP و ممتیک [33]. ۸۱.....
- جدول ۹-۴ میانگین تعداد نسل‌های تولید شده برای رسیدن به نتیجه مورد نظر [33]. ۸۱.....
- جدول ۱۰-۴ واحد مصرف توان برای وظایف به ازای مسائل مختلف مورد استفاده [33]. ۸۳.....
- جدول ۱۱-۴ مقایسه مصرف توان در روشهای مختلف [33]. ۸۳.....
- جدول ۱۲-۴ مقایسه توازن بار در روشهای مختلف [33]. ۸۴.....
- جدول ۱-۶. جزئیات توالی RNA. [130]. ۱۱۷.....
- جدول ۲-۶. مقایسه مقادیر بدست آمده از اعمال الگوریتم SBIL در پیش‌بینی ساختار دوم RNA با نتایج [119]. ۱۱۸.....
- جدول پ-۱. تعدادی از پارامترهای الگوریتم SBIL به همراه نوع و مقدار پیش فرض آن‌ها. ۱۴۱.....

فصل ۱

مقدمه

خلاصه:

در این فصل ابتدا مقدمه‌ای راجع به الگوریتم‌های تکاملی و تاریخچه آن‌ها آورده می‌شود. سپس مروری بر مشکلات بکارگیری آن‌ها در مسائل مختلف بهینه‌سازی بخصوص در مسائل مهندسی سیستم‌های دیجیتال ارائه می‌شود. در ادامه با توجه به نیازهای محاسباتی پرحجم، کاربردهای جدید، چالش‌های موجود در زمینه پیاده‌سازی الگوریتم‌های تکاملی بررسی خواهد شد. در این فصل شرح مختصری راجع به مطالب کلی فصل‌های این پایان‌نامه داده می‌شود.

در طراحی سیستم‌های هوشمند، مدل‌سازی شبکه‌های عصبی مصنوعی از روی عملکرد مغز انسان [1]، منطق فازی [2] و سیستم‌های تکاملی [3] از نمونه‌های بسیار موفق در کاربردهای مهندسی هستند. در این میان روش‌های محاسبات تکاملی به‌عنوان ابزار بهینه‌سازی و جستجوی بسیار قوی معروف شده‌اند. الگوریتم‌های تکاملی (EAs) [4] برای پیش‌بینی ساختار دوم RNA از اوایل ۱۹۹۰ بکارگرفته شد [5]. از آن زمان به بعد، پیشرفت‌های بسیاری در پیش‌بینی ساختار دوم RNA با استفاده از EA ها انجام گرفته‌است. این‌گونه الگوریتم‌ها انتخاب بسیار مناسبی برای پیش‌بینی ساختار دوم RNA می‌باشند، به دلیل اینکه ساختار دوم RNA موجود در طبیعت لزوماً ساختاری با حداقل انرژی آزاد گیبس (ΔG minimum) نیست، بلکه در بین ساختارهای با کمترین ΔG ها یافت می‌شود، از این رو این گونه الگوریتم‌ها می‌تواند گزینه مناسبی برای این امر باشند. RNA مولکول بیولوژیکی مهمی است. این مولکول در سنتز پروتئین از DNA نقش کلیدی مهمی را بازی می‌کند. این مولکول همچنین به خاطر نقش‌های تحریک کننده و ساختارش در سلول شناخته شده‌است. در طراحی و بهینه‌سازی سیستم‌های دیجیتال نیز این روش‌ها توسط محققین بسیار بکار گرفته شده‌اند. از نمونه کاربردهای روش‌های ملهم از طبیعت در مهندسی سیستم‌های دیجیتال می‌توان سنتز و آزمون سیستم‌های سخت‌افزاری، برنامه‌ریزی در سیستم‌های چندپردازنده‌ای^۱ [6] و [7]، طراحی، آموزش و بهینه‌سازی شبکه‌های عصبی [8]، برنامه‌ریزی^۲ ربات‌ها [9] و طراحی و جانمایی بهینه سامانه‌های قابل تنظیم^۳ ساختار نیز نمونه‌های دیگری از کاربرد مدل‌سازی تکاملی در مهندسی سیستم‌های دیجیتال می‌باشند.

الگوریتم‌های تکاملی: الگوریتم‌هایی مبتنی بر احتمال هستند که با الهام از **تکامل** در طبیعت سعی در یافتن پاسخ بهینه در فضای مساله می‌نمایند. تکامل نتیجه چرخه تولید **پاسخ‌های احتمالی** بر

¹ Multiprocessor Task Scheduling

² Robot Planning

³ Reconfigurable Systems

مبنای اطلاعات ژنتیکی و ارزیابی و انتخاب بهترین آن‌هاست [10]. این روش‌ها به خاطر بهره‌گیری از اطلاعات محیطی- در فضای مسئله- بسیار بهتر از روش‌های جستجوی تصادفی عمل می‌کنند [11]. از سوی دیگر نیازی به اطلاعات چندانی از مدل مسئله مورد بررسی برای یافتن پاسخ بهینه ندارند و این باعث ایجاد تمایز این روش‌ها با دیگر روش‌های بهینه‌سازی شده‌است [12]. به‌همین خاطر در دهه‌های اخیر، بکارگیری روش‌های تکاملی برای بهینه‌سازی در مسائل متنوع، رشد بسیار زیادی داشته است. اما مشکلات اصلی بکارگیری روش‌های تکاملی در سرعت، احتمال رسیدن به پاسخ بهینه در تعداد محدودی از ارزیابی پاسخ‌ها و قابلیت توسعه^۱ است.

مشکل سرعت معمولاً بخاطر بزرگی فضای جستجو و چندچاله‌ای^۲ بودن سطح تابع برازندگی^۳ ایجاد می‌شود که نیاز به تعداد زیادی شبیه‌سازی پاسخ می‌باشد. در صورت ضعیف عمل کردن آن، الگوریتم تکاملی ممکن است دچار همگرایی زود هنگام^۴ شود و در تعداد محدود از تولید و ارزیابی پاسخ‌ها به جواب غیر بهینه برسد. از جمله مشکلات بسیار مهم الگوریتم‌های تکاملی قابلیت توسعه آن‌ها است؛ چون در مسائل واقعی ممکن است فضای مساله بسیار بزرگ شود و یا سطح تابع برازندگی بسیار پیچیده شود. در این زمان قابلیت الگوریتم در حل مسائل بزرگ بسیار مهم می‌نماید [13]- [16]. تکنیک‌های مختلفی که برای حل این مشکلات توسط محققین ارائه شده است در دو راستای بهبود ساختاری الگوریتم‌ها و روش پیاده‌سازی آنها بوده‌اند.

بهبود ساختاری را می‌توان به دو دسته اختصاصی الگوریتم‌ها و ترکیب روش‌های معمول تکاملی با الگوریتم‌های مبتنی بر رفتار جمعی حیوانات تقسیم نمود. در روش اختصاصی‌سازی تغییر عملگرها

¹ Scalability

² Multimodal

³ Fitness Landscape

⁴ Premature Convergence

مانند تغییر عملگرهای ترکیب^۱ و جهش^۲ در الگوریتم ژنتیک - و یا بکارگیری برخی روش‌های ابتکاری^۳، سرعت و احتمال خروجی بهینه الگوریتم را که با تعداد محدود تولید و ارزیابی پاسخ همراه است، افزایش می‌دهند.

الگوریتم‌های مبتنی بر رفتار جمعی حیوانات نیز بر مبنای الهام از رفتارهای طبیعی ارائه شده‌اند [17]، که از آن جمله می‌توان به الگوریتم ACO^۴ که بر مبنای رفتار مورچگان شکل گرفته‌است [18-19]، و یا الگوریتم PSO^۵ که بر مبنای رفتار دسته‌های ماهی و پرندگان عمل می‌کند [20] و یا الگوریتم Free-Search که از مدل‌سازی رفتار حیوانات برای بهینه‌سازی استفاده می‌کند، اشاره نمود [21]. ترکیب الگوریتم‌های مبتنی بر رفتار جمعی حیوانات با روش‌های تکاملی منجر به تولید سیستم‌های مصنوعی تکاملی در سطح گروه‌هایی از عامل‌ها شد [22]. در این پایان‌نامه به این روش‌ها، روش‌های ترکیبی اطلاق می‌گردد.

اکثر الگوریتم‌های تکاملی خصوصاً روش‌های ترکیبی بر مبنای جمعیت^۶ عمل می‌کنند؛ بدین صورت که با تولید و ارزیابی چندین پاسخ احتمالی و سپس انتخاب بهترین‌ها روال تکامل خود را در پیش می‌گیرند. به همین خاطر می‌توان آن‌ها را بصورت موازی پیاده‌سازی نمود. کامپیوترهای شخصی بخاطر ساختار پیاده‌سازی ترتیبی از این قابلیت الگوریتم‌های تکاملی استفاده نمی‌نمایند. اما، بکارگیری سخت‌افزار - بخاطر قابلیت ذاتی توازی - می‌تواند تسریع فراوانی در روند تکامل ایجاد نماید. بکارگیری سخت‌افزار بصورت‌های گوناگونی انجام شده‌است که از آن جمله می‌توان پردازنده‌های خاص منظوره،

¹ Crossover

² Mutation

³ Heuristics

⁴ Ant Colony Optimization

⁵ Particle Swarm Optimization

⁶ Population Based

بردهای تسریع^۱ و سیستم‌های ترکیبی نرم‌افزار/سخت‌افزار (HW/SW) را نام‌برد. روال دیگر پیاده‌سازی، بکارگیری شبکه‌های کامپیوتری و کلاسترها هستند [23]. بکارگیری ابرکامپیوترها هم می‌تواند راهی برای تسریع الگوریتم‌های تکاملی باشد.

در این پایان‌نامه با بکارگیری الگوریتم ترکیبی مبتنی بر رفتار قبیله‌ای که الگوریتم SBIL (Swarm Based Incremental Learning) [24] نام دارد، بر روی چندین مسئله در دنیای واقعی، سعی شده تا کارایی این الگوریتم در بهینه‌سازی به خوبی نشان داده شود. همچنین برای بهینه‌سازی الگوریتم مورد نظر در فضای اعداد صحیح توسعه داده شد و بر روی مسائل خاصی بکار گرفته شد. مسائل در نظر گرفته شده در این پایان‌نامه شامل برنامه‌ریزی وظایف در سیستم‌های چندپردازنده‌ای و پیش‌بینی ساختار دوم RNA است. در برنامه‌ریزی وظایف در سیستم‌های چندپردازنده‌ای، الگوریتم‌های تکاملی برازش^۲ شده‌اند که نتایج بهتری نسبت به روش‌های گذشته حاصل شده‌است.

الگوریتم SBIL بر مبنای ترکیب دو ایده موجود در PBIL [25] و [26] (خلاصه‌سازی دانش اکتسابی از محیط در یک بردار احتمال) و PSO (به کارگیری دانش دیگر عوامل در این نسل و نسل‌های گذشته و وضعیت فعلی خود عامل برای تغییر جهت حرکتی عامل) [17] ارائه شده‌است. از همین‌رو الگوریتم، SBIL: Swarm-Based Incremental Learning نامیده شده است. الگوریتم SBIL ریشه در دو بعد متفاوت دارد. از نگاه عمومی یک مدل از زندگی مصنوعی (ALIFE) [27] می‌باشد و از نگاه خاص این الگوریتم به زندگی قبیله‌ای شباهت دارد. این الگوریتم همچنین نوعی روش محاسبات تکاملی است که از سویی به الگوریتم PSO مرتبط می‌شود و از سوی دیگر ریشه در یادگیری افزایشی دارد که این ارتباط در این پایان‌نامه معرفی می‌گردد. در این الگوریتم جدید سعی شده است با ترکیب ایده‌های

¹ Acceleration Board

² Customization