



دانشگاه شیراز

دانشکده کشاورزی

گروه مهندسی آب

پایان نامه

جهت اخذ درجه کارشناسی ارشد در رشته منابع آب

عنوان

شبیه سازی دینامیکی اثر تغییرات بارش و دمای هوا  
بر نوسانات تراز آب دریاچه ارومیه

استاد راهنما

دکتر محمدعلی قربانی

استاد مشاور

دکتر افشین اشرف زاده

دکتر صابره دربندی

پژوهشگر

شهاب کاوه کار

شهریور ماه ۹۰



دانشگاه تبریز  
University of Tabriz  
Faculty of Agriculture  
Department of Water Engineering

A Thesis Submitted for Partial Fulfillment of Master of Science  
Degree in Water Resources

Title

**Dynamic Simulation of Precipitation and Air  
Temperature Variations on Water Level Fluctuations of  
Urmia Lake**

Supervisor

**Dr. Mohammad Ali Ghorbani**

Advisor

**Dr. Afshin Ashrafzadeh  
Dr. Sabereh Darbandi**

Researcher

**Shahab Kavehkar**

August 2011

## تقدیر و تشکر

خدایا اعتراف می‌کنم که نه زبان شکر تو را دارم و نه توان تشکر از بندگان تو، و اما بر حسب وظیفه از کلیه اساتید ارجمندم در طول سالهای به یاد ماندنی شاگردیشان تشکر می‌نمایم.

از زحمات بی‌دریغ و راهنمایی‌های ارزشمند استاد گرامی جناب آقای دکتر محمد علی قربانی در راستای انجام این پروژه در طول یک سال گذشته تشکر و قدردانی می‌نمایم.

از جناب آقای دکتر افشین اشرف زاده و سرکار خانم دکتر صابره دربندی، اساتید مشاور پایان نامه به خاطر راهنمایی‌های ارزنده‌شان سپاسگزارم.

از جناب آقای دکتر احمد فاخری فرد که زحمت داوری پایان نامه را بدون هیچ کم و کاستی تقبل فرمودند سپاسگزارم.

از خانواده عزیزم و به ویژه پدر و مادر مهربانم که همواره حامی من بوده و در این راه مشوق من بوده‌اند از صمیم قلب تشکر و قدردانی می‌نمایم.

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

# تقدیم به پدر و مادر فداکارم

نام خانوادگی: کاوه کار	نام: شهاب
عنوان پایان نامه: شبیه سازی دینامیکی اثر تغییرات بارش و دمای هوا بر نوسانات تراز آب دریاچه ارومیه.	
استاد راهنما: دکتر محمد علی قربانی	استاد مشاور: دکتر افشین اشرف زاده دکتر صابره دربندی
مقطع تحصیلی: کارشناسی ارشد	رشته: مهندسی آب
دانشگاه: تبریز	دانشکده: کشاورزی
تاریخ فارغ التحصیلی: مرداد ۹۰	تعداد صفحه: ۷۶
کلید واژه: شبیه سازی دینامیک، برنامه ریزی ژنتیک، نوسانات، تراز آب	
<p><b>چکیده:</b></p> <p>دریاچه ارومیه بعنوان یکی از بزرگترین دریاچه های ایران، مقصد نهائی مجموعه ای از رودخانه های شمالغرب کشور است. با توجه به تغییرات زیاد بارندگی و همچنین تغییرات دمای هوا، تراز آب نوسانات زیادی داشته است. آگاهی از این نوسانات در بررسی مسائل مرتبط، از جمله ریسک پذیری تاسیسات و سازه های وابسته، تغییرات ذخیره آبی دریاچه، ساخت و سازهای ساحلی، محیط زیست و بسیاری از عوامل دیگر اهمیت دارد. از اینرو رسیدن به یک تخمین قابل قبول از روند نوسانات در آینده با استفاده از روشهای نوین دنیا امری اجتناب ناپذیر است. با اینکه نوسانات تراز سطح آب دریاچه ها تابعی از عوامل بسیار متعددی می تواند باشد، در این تحقیق سعی شده است، از مهم ترین عوامل موثر همچون دمای هوا و بارش استفاده گردد. لذا از روش نوین برنامه ریزی بیان ژن (GEP) که توسعه یافته برنامه ریزی ژنتیک است، جهت شبیه سازی و پیش بینی نوسانات تراز آب دریاچه در حالات و مقیاس های زمانی مختلف و از Mathematica جهت دینامیک نمودن این شبیه سازی بهره گرفته شده است. GEP یک الگوریتم ژنتیکی است بطوریکه از جمعیتی از افراد استفاده و آنها را مطابق برازندگی، انتخاب می کند و تغییرات ژنتیکی را با استفاده از یک یا چند عملگر ژنتیکی، اعمال می نماید و در آن کروموزوم ها، به صورت بیان درختی نشان داده می شوند. جهت پیش بینی نوسانات تراز آب در دو مقیاس زمانی روزانه و ماهانه با استفاده از GEP، مقادیر نوسانات پیشین، دمای هوا و بارش در شش حالت متفاوت شامل نوسانات تراز آب یک روز قبل تا نوسانات تراز آب نه روز قبل و دمای هوا و بارش یک روز قبل تا سه روز قبل، به عنوان ورودی در نظر گرفته شدند تا بهترین الگو برای پیش بینی انتخاب گردد. نوسانات تراز آب و دمای هوای ماهانه تا یک تأخیر، به عنوان مناسب ترین الگوی ورودی پیش بینی نوسانات تراز آب دریاچه ارومیه، انتخاب گردید. در انتها توانایی پیش بینی دو مدل GEP و رگرسیون خطی با معیارهایی نظیر ضریب همبستگی و جذر میانگین مربعات خطا با یکدیگر مقایسه گردیده است.</p>	

<b>Surname:</b> Kavehkar	<b>Name:</b> Shahab
<b>Thesis Title:</b> Dynamic Simulation of Precipitation and Air Temperature Variations on Water Level Fluctuations of Urmia Lake.	
<b>Supervisor:</b> Dr. Mohammad Ali Ghorbani	<b>Advisor:</b> Dr. Afshin Ashrafzadeh Dr. Sabereh Darbandi
<b>Degree:</b> Master of science <b>Major:</b> Water Engineering <b>Field:</b> Water Resources <b>University:</b> Tabriz <b>Faculty:</b> Agriculture <b>Graduation date:</b> Aug-2010 <b>Pages:</b> 76	
<b>Keywords:</b> Dynamic Simulation, Genetic Programming, Variation, Water Level.	
<p><b>Abstract:</b></p> <p>Lake as one of the largest lakes, rivers, a series of final destination is the country's northwest. Due to the large changes in precipitation and air temperature, water level fluctuation is large. Knowledge of these variations in study-related issues, including risk-related facilities and structures, changes in water stored in lakes, coastal construction, environmental and many other important factors. Therefore, to achieve an acceptable estimate of the volatility in the future using the new methods is inevitable. With the lake water level fluctuations are a function of several factors could be tried in this study, the most important factors such as temperature and precipitation will be used. Gene expression programming (GEP), an extension of genetic programming, has been used for water level variation modeling at different time scales and also mathematica used for making dynamic this simulation GEP is a genetic algorithm that uses populations of individuals, selection of them according to fitness, and some genetic operators to introduce genetic variation and the chromosomes express as expression trees in GEP. To predict water level variation at two time scales (daily and monthly) using GEP, water level variation, air temperature and precipitation values at six different structures consist of water level variation from one to nine times ago and air temperature and precipitation from one to three times ago are applied as input to select the best structure. The best selected input template is consists of water level variation and monthly air temperature with one time lags for water level fluctuations of urmia lake. Finally, the prediction ability of two GEP and linear regression models has been compared by means of correlation coefficient and root mean square error.</p>	

# فصل اول

کلیات



## ۱-۱- مقدمه

مطالعه نوسانات تراز آب دریاچه ها و خط ساحلی آن از دیرباز مورد توجه متخصصان و دانشمندان علوم مختلف بوده است. چرا که مدیریت اراضی خط ساحلی جهت ساخت و ساز و کشاورزی، حمل و نقل آبی، مدیریت سفره های آب زیرزمینی منطقه، اکولوژی منطقه، مسائل زیست محیطی، تعیین حجم آب موجود در دریاچه به شکلی متأثر از نوسانات تراز آب دریاچه ها است. دریاچه ارومیه که یکی از بزرگترین و مهمترین دریاچه های ایران می باشد از این امر مستثنی نیست. تغییرات بارندگی و دمای هوا، ساخت سدهای متعدد در منطقه و بسیاری از عوامل دیگر سبب ایجاد نوسانات زیاد در تراز سطح آب و خط ساحلی آن گردیده است. از اینرو رسیدن به یک تخمین قابل قبول از روند نوسانات در آینده بر اساس کلیه این عوامل با استفاده از روشهای نوین و به روز دنیا امری اجتناب ناپذیر است. از طرفی جدید التأسیس بودن بیشتر ایستگاههای هیدرومتری، نواقص موجود در آمار اکثر این ایستگاهها، قرار گرفتن بیشتر رودها در مناطق خشک و لزوم توجه بیشتر به آبهای سطحی، همه و همه دلایل بیشتر و ظریفتری می باشد که به مقوله‌ی شبیه سازی، پیش‌بینی و تولید آمار مصنوعی در حوضه‌های آبریز کشورمان جلوه و نمودی کامل تر می‌بخشد. تا به حال مدل‌های زیادی جهت شبیه‌سازی بین عوامل مؤثر بر نوسانات تراز آب دریاها و اقیانوس ها با در نظر گرفتن فیزیک مساله پیشنهاد گردیده است که بطور مثال می‌توان به روشهایی همچون روش ایستگاه-سال مدل‌های سری زمانی، رگرسیون چند متغیره، شبکه‌های مربعی، روش هیبرید، منطق فازی، شبکه عصبی مصنوعی، برنامه‌ریزی ژنتیک و ... اشاره کرد.

دانشمندان با الهام از روشی که طبیعت مسائل را حل می‌کند و پیچیدگیها را خلق می‌کند، سیستم‌های مصنوعی ایجاد کردند؛ برای آنکه آموزش یافته تا چگونگی حل مسئله خاصی را بدون دخالت بشری بیابد. اولین تلاشها در سال ۱۹۵۰ توسط فریدبرگ انجام گرفت، اما از آن زمان به بعد سیستم‌های پیشرفته‌تری گسترش یافتند که نظریه داروین در سیر تکامل طبیعی جهان مصنوعی از کامپیوترها و

مدلسازی را بکار می‌گیرند. از موارد ویژه در این زمینه الگوریتم‌های ژنتیک<sup>۱</sup> (GAs) و برنامه‌ریزی ژنتیک<sup>۲</sup> (GP) هستند؛ تکنیک‌هایی که پیشینیان برنامه‌ریزی بیان ژن<sup>۳</sup> (GEP)، یک سیستم فنوتیپ/ژنوتیپ<sup>۴</sup> شدیداً تطبیق پذیر، محسوب می‌شوند. شیوهٔ توابع تعریف شده به طور خودکار<sup>۵</sup> (ADFs) در GEP بکار برده می‌شود و مثال دیگری از تطبیق پذیری این الگوریتم ماهر است. ADFs زمینه‌های جدیدی برای ایجاد سیستم‌های یادگیری مصنوعی پیشرفته‌تر می‌گشاید (فریرا، ۲۰۰۶). برنامه‌ریزی بیان ژن (GEP) نیز مانند الگوریتم‌های ژنتیک (GAs) و برنامه‌ریزی ژنتیک (GP)، یک الگوریتم ژنتیکی است بطوریکه از جمعیتی از افراد استفاده می‌کند، آنها را مطابق برازندگی انتخاب می‌کند و تغییرات ژنتیکی را با استفاده از یک یا چند عملگر ژنتیکی اعمال می‌نماید (فریرا، ۲۰۰۱). یکی از توانایی‌های روش GEP، ایجاد تنوع ژنتیکی است و از آنجائیکه عملگرهای ژنتیکی در سطح کروموزومی عمل می‌کنند، بی‌نهایت ساده شده است. در واقع به سبب ترتیب ساختاری از کروموزوم‌های GEP، هر گونه اصلاحات ایجاد شده در ژنوم، همیشه برنامه‌های درست و صحیحی را نتیجه می‌دهد. توانایی دیگر GEP، طبیعت چند ژنی بی‌همتای آن است که اجازه تکامل برنامه‌های پیچیده‌تر تشکیل شده از چندین زیر برنامه را می‌دهد (فریرا، ۲۰۰۲b).

با توجه به توانایی‌های شگرف برنامه‌ریزی بیان ژن (نسخه تکامل یافته ی برنامه‌ریزی ژنتیک) در مدلسازی و شبیه‌سازی فرآیندهای مختلف در طبیعت و علوم گوناگون، در این تحقیق سعی شده است از عوامل موثری همچون دمای هوا و بارش استفاده گردد. لذا از روش نوین برنامه‌ریزی بیان ژن جهت شبیه سازی و پیش بینی نوسانات تراز آب دریاچه و از *Mathematica* جهت دینامیک نمودن این شبیه سازی بهره گرفته خواهد شد. همچنین، به علت گستردگی عوامل تاثیرگذار، حساسیت تغییرات تراز آب محاسباتی نسبت به پارامترهای موثر نیز تحلیل خواهد گردید، لذا اهداف تحقیق را به طور خلاصه می‌توان به شکل زیر بیان نمود:

---

<sup>1</sup> Genetic Algorithms

<sup>2</sup> Genetic Programming

<sup>3</sup> Gene Expression Programming

<sup>4</sup> Genotype/Phenotype System

<sup>5</sup> Automatically Defined Functions

- 
- ارزیابی نوسانات تراز آب دریاچه ارومیه با استفاده از روش فراکوشی برنامه ریزی بیان ژن.
  - شبیه سازی دینامیکی تاثیر تغییرات پارامترهای دمای هوا و بارش بر نوسانات تراز آب دریاچه ارومیه و ارائه مدل دینامیکی آن.
  - تحلیل حساسیت پارامترهای موثر بر نوسانات سطح آب.
  - ارائه الگویی محاسباتی نمونه جهت شبیه سازی نوسانات تراز آب در سایر دریاچه ها و تالاب های کشور.

## فصل دوم

بررسی منابع

## ۱-۲- برنامه‌ریزی ژنتیک

در سالهای اخیر، سیستمهای متفاوتی گسترش یافته‌اند؛ الگوریتم‌های قدرتمندی که از سیر تکاملی طبیعی الهام گرفته‌اند و می‌توانند در طیف وسیعی از حیطه موضوعات بکار گرفته شوند. این الگوریتم‌ها از لحاظ ساختاری می‌توانند به سه گروه اصلی تقسیم گردند (فریرا، ۲۰۰۲a):

۱- الگوریتم‌های ژنتیک با افرادی شامل کروموزوم‌های خطی با طول ثابت و بدون بیانی پیچیده.

در این سیستم‌ها کروموزوم‌ها طبق برتری خصوصیات فردیشان حفظ می‌شوند و به الگوریتم ژنتیک (GA) معروف هستند.

۲- الگوریتم‌های ژنتیک با افرادی شامل ساختارهای شاخه‌ای<sup>۱</sup> از اندازه‌ها و اشکال متفاوت و توانا

در تقبل تعداد بیشتری از عوامل. در این سیستم‌ها نیز ساختارهای شاخه‌ای طبق برتری خصوصیات فردیشان حفظ می‌شوند که برنامه‌ریزی ژنتیک (GP) نامیده می‌شوند.

۳- الگوریتم‌های ژنتیک با افراد کدگذاری شده به شکل کروموزوم‌های خطی با طولی ثابت و قابل

بیان به شکل ساختارهای شاخه‌ای با اندازه‌ها و اشکال متفاوت. در این سیستم‌ها کروموزوم‌ها بوسیله برتری عوامل سببی روی فنوتیپ<sup>۲</sup> (ساختارهای شاخه‌ای) حفظ می‌شوند و به برنامه‌ریزی بیان ژن (GEP) معروف هستند.

این طبقه‌بندی به طور واضح رابطه بین GEP و GP را نشان می‌دهد که هر دو در سیر تکاملی

برنامه‌های کامپیوتر به صورت ساختارهای شاخه‌ای بکار گرفته می‌شوند (فریرا، ۲۰۰۲a).

برنامه‌ریزی بیان ژن (GEP) نیز همانند الگوریتم‌های ژنتیک (GAs) و برنامه‌ریزی ژنتیک (GP)، یک

الگوریتم ژنتیکی است بطوریکه از جمعیتی از افراد استفاده می‌کند، آنها را مطابق برازندگی انتخاب می‌کند و تغییرات ژنتیکی را با استفاده از یک یا چند عملگر ژنتیکی اعمال می‌نماید. همانطور که ذکر شد، تفاوت

اساسی بین این سه الگوریتم، مربوط به ماهیت افراد آنهاست؛ بطوریکه در GAS افراد رشته‌های خطی با

<sup>1</sup> Ramified Structures

<sup>2</sup> Phenotype

طول ثابت (کروموزومها) و در GP نهادهای غیرخطی با اندازه‌ها و اشکال متفاوت (درختان تجزیه) می‌باشند؛ در حالیکه در GEP، افراد به صورت رشته‌های خطی با طول ثابت (ژنوم یا کروموزومها) کدگذاری شده و سپس به شکل نهادهای غیرخطی با اندازه‌ها و اشکال متفاوت (یعنی نمایش دیاگرام ساده یا بیان درختی) اظهار می‌شوند (فریرا، ۲۰۰۱). در اینجا خلاصه‌ای از سه تکنیک جهت درک کردن قابلیت سیستم فنوتیپ/ژنوتیپ از برنامه‌ریزی بیان ژن شرح داده می‌شود..

### ۲-۱-۱- الگوریتم‌های ژنتیک (GAs)

الگوریتم‌های ژنتیک توسط جان هولند<sup>۱</sup> در سال ۱۹۶۰ اختراع شدند. این الگوریتم‌ها، نظریه تکامل زیستی را در سیستم‌های کامپیوتری بکار گرفته (هولند، ۱۹۷۵) و مانند تمام سیستم‌های کامپیوتری تکاملی یک سیر تکامل زیستی ساده شده‌اند. در این مورد، معمولاً راه حل‌های یک مسئله در رشته‌هایی با طول ثابت به صورت 0 و 1 (کروموزومها) کدگذاری می‌شوند و جمعیتی از این رشته‌ها (افراد یا راه حل‌های کاندید) ایجاد می‌شوند تا راه حل مناسبی برای یک مسئله خاص استنتاج نمایند. نسل به نسل، افراد دوباره با اصلاحات و بهبودهایی ساخته می‌شوند و مطابق با شایستگی‌شان انتخاب می‌گردند. بهبود در الگوریتم ژنتیک اولیه، بوسیله عملگرهای کاوشی از قبیل جهش<sup>۲</sup>، ترکیب<sup>۳</sup> و وارون‌سازی<sup>۴</sup> نشان داده می‌شود و بیشتر کاربردهای اخیر توجه به عملگرهای جهش و ترکیب و حذف وارون‌سازی در فرآیند را نشان داده‌اند. افراد در GAS از کروموزوم‌های عادی تشکیل می‌شوند. به عبارتی دیگر، افراد در GAS تکثیرکننده‌های ساده‌ای<sup>۵</sup> هستند و کروموزوم‌ها در GAS همانند تمام تکثیرکننده‌های ساده، هم به عنوان ژنوتیپ<sup>۶</sup> و هم به صورت فنوتیپ عمل می‌کنند. این بدان معنی است که آنها همزمان موضوعات انتخابی و محافظان اطلاعات ژنتیکی هستند که باید با بهبودهایی تکثیر شده و به نسل بعد عبور داده شوند. در نتیجه تمام ساختار

<sup>1</sup> John Holland

<sup>2</sup> Mutation

<sup>3</sup> Crossover

<sup>4</sup> Inversion

<sup>5</sup> Simple Replicators

<sup>6</sup> Genotype

تکثیرکننده‌ها، وظایف و برآزش افراد را تعیین می‌کنند. برای مثال در چنین سیستم‌هایی امکان استفاده ناحیه خاصی از تکثیرکننده‌ها، به عنوان راه‌حل مسئله وجود ندارد و همیشه تمام تکثیرکننده‌ها راه‌حل هستند نه بیشتر و نه کمتر (فریرا، ۲۰۰۶).

### ۲-۱-۲- برنامه‌ریزی ژنتیک (GP)

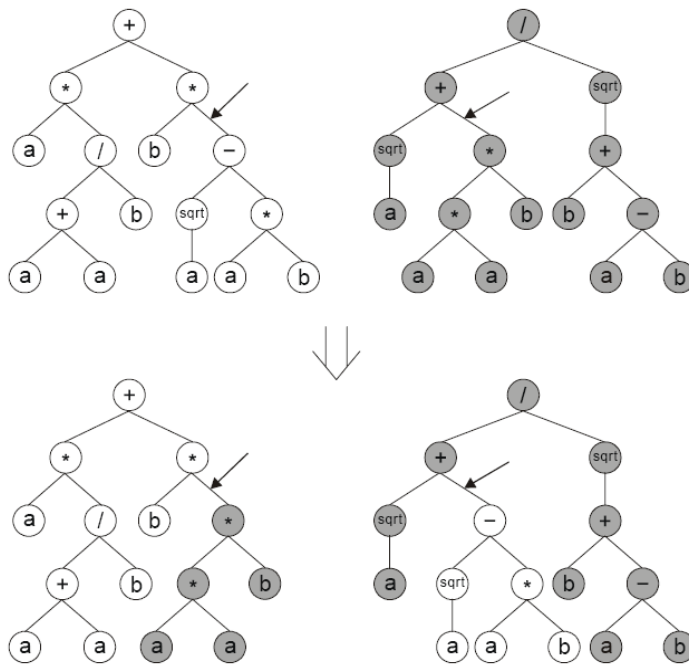
برنامه‌ریزی ژنتیک در سال ۱۹۸۵ توسط کرامر اختراع شد، سپس توسط کوزا (کوزا، ۱۹۹۲) گسترش بیشتری یافت. GP، تناوبی از راه‌حل‌های با طول ثابت را از طریق ابداع ساختارهای غیرخطی (درختان تجزیه<sup>۱</sup>) با اندازه‌ها و اشکال متفاوت، کشف می‌کند. الفبای مورد استفاده در ایجاد چنین ساختارهایی متنوع تر از 0 و 1 افراد GAS است و سیستم نمایش تطبیق‌پذیرتر و غنی‌تری را ایجاد می‌کند. علیرغم فقدان ژنوم ساده و مستقل، ساختارهای غیرخطی از افراد GP نیز مانند کروموزوم‌های خطی GAS، تکثیرکننده‌های عادی با نقش دوگانه ژنوتیپ-فنوتیپ هستند. قابل توجه است که درختان تجزیه GP، به مولکول‌های پروتئین در استفاده از الفبای غنی و نمایش مرتبه‌ای بی‌نظیر و پیچیده‌شان شباهت دارند. در حقیقت درختان تجزیه قادر به نمایش عوامل متنوع زیادی هستند. مشکل چنین تکثیرکننده‌های پیچیده این است که در آنها تولید مثل با اصلاحات، به شدت در ضوابط تکاملی محبوس شده است؛ چون بهسازی‌ها واقعاً باید روی خود درختان تجزیه رخ دهد و در نتیجه تنها دامنه محدودی از بهسازی‌ها امکان‌پذیر است و این عملگرهای ژنتیکی GP در سطح درختی هستند که بهسازی‌ها یا تبادلات شاخه‌های خاص، بین درختان را اداره می‌کنند (فریرا، ۲۰۰۶).

### ۲-۱-۲-۱- عملگرهای برنامه‌ریزی ژنتیک

در GP عملگرها مستقیماً روی درختان تجزیه عمل می‌کنند و اگرچه این موضوع در نگاه اول ممکن است مزایایی را پدیدار سازد، اما تکنیک GP را به مقدار زیادی محدود می‌سازد (همانطور که در طبیعت نیز محدودیت‌هایی برای پیوند و هرس وجود دارد). در ادامه خلاصه‌ای از چند عملگر ژنتیکی ارائه می‌شود.

<sup>1</sup> Parse Trees

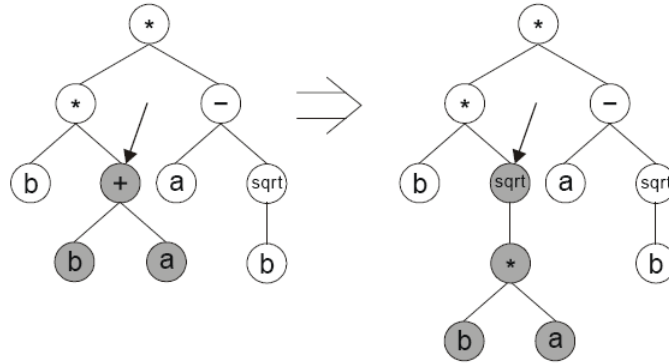
عملگر ترکیب، بیشترین و در اغلب موارد تنها عملگر کاوشی مورد استفاده در GP است (شکل ۱-۲). در این مورد شاخه‌هایی که به طور تصادفی انتخاب شده‌اند، بین دو درخت تجزیه والد، معاوضه می‌شوند تا فرزند جدیدی را بوجود آورند. هدف از اجرای آن، معاوضه راه‌حل‌های مرتبه‌ای کوچکتر، تشکیل شده از بلوک‌های ساختمانی ساده‌تر (از لحاظ ریاضی بلوک‌های مختصر) برای استنتاج انواع راه‌حل‌های پیچیده‌تر است که در عین حال ساختارهای صحیحی را نیز از نظر قواعد داشته باشند (فریرا، ۲۰۰۶).



شکل ۱-۲ ترکیب درختی در برنامه‌ریزی ژنتیک (پیکانها نشان‌دهنده نقاط ترکیب هستند).

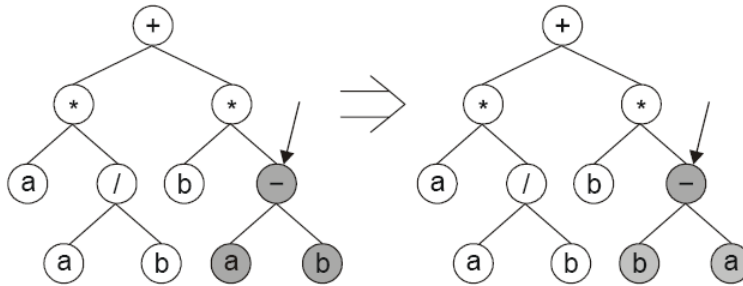
عملگر جهش، در GP نیز خیلی متفاوت از جهش نقطه‌ای طبیعی است. این عملگر، یک گره در درخت تجزیه را انتخاب می‌کند و شاخه زیرین آن را با یک شاخه جدید تولید شده به صورت تصادفی عوض می‌کند (شکل ۲-۲). قابل توجه است که با این نوع جهش شکل کلی درخت چندان تغییر نمی‌کند، به خصوص اگر گره‌های پائین‌تر به عنوان هدف جهش انتخاب شوند (فریرا، ۲۰۰۶).





شکل ۲-۲- جهش درختی در برنامه‌ریزی ژنتیک (پیکان نقطه جهش را نشان می‌دهد).

جایگشت<sup>۱</sup>، سومین عملگر مورد استفاده در GP و از میان سه عملگر، محافظه کارترین نوع است. در طی این فرآیند، جای متغیرهای یک تابع که به طور تصادفی انتخاب شده است، به صورت اتفاقی با هم عوض می‌شود (شکل ۲-۳). در این مورد شکل کلی درخت بدون تغییر باقی می‌ماند (فریرا، ۲۰۰۶).

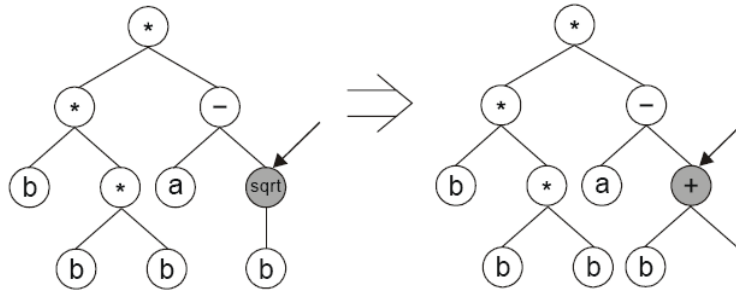


شکل ۲-۳- جایگشت در برنامه‌ریزی ژنتیک (پیکان نقطه جایگشت را نشان می‌دهد).

به طور خلاصه، عملگرها در برنامه‌ریزی ژنتیک بیشتر به یک ریاضیدان هوشیار شباهت دارند تا به یک روش کور طبیعی. اما در سیستم‌های انطباقی، روش کور طبیعی مؤثرتر است و سیستم‌هایی مانند GP در ضوابط تکاملی به شدت محدود می‌شوند. برای مثال اجرای سایر عملگرها در GP، از قبیل جهش نقطه‌ای ساده در عین حال با تکرار زیاد، بی‌حاصل است؛ به دلیل اینکه جهش‌های بیشتر، ساختارهای نامعتبر و نادرستی را با توجه به قواعد، نتیجه می‌دهد. شکل ۲-۴ نمونه‌ای از جهش نقطه‌ای در برنامه‌ریزی ژنتیک را نشان می‌دهد که طی آن، درخت ایجاد شده، ساختار صحیح و معتبری از نظر قواعد ندارد. بدیهی است که

<sup>1</sup> Permutation

اجرای سایر عملگرها از قبیل ترانهش<sup>۱</sup> یا وارون‌سازی نیز مشکلات مشابهی را تولید می‌کند و فضای تحقیقی در GP بطور وسیعی کشف نشده باقی می‌ماند (فریرا، ۲۰۰۶).



شکل ۲-۴- مثالی از یک واقعه فرضی در جهش نقطه‌ای در برنامه‌ریزی ژنتیک (درخت ایجاد شده ساختار نامعتبر دارد).

اگرچه کوزا این سه عملگر را به عنوان عملگرهای اصلی GP شرح داد اما عملاً ترکیب، تنها عملگر مورد استفاده در بیشتر کاربردهای GP است و در نتیجه مواد ژنتیکی جدیدی در منبع ژنتیکی افراد GP وارد نمی‌شود. در حقیقت جمعیت بزرگی از درختان تجزیه باید به منظور آماده سازی جمعیت اولیه (با تمام بلوک‌های ساختمانی<sup>۲</sup> لازم) استفاده شود بطوریکه راه‌حلهای مناسب تنها با حرکت این بلوک‌های ساختمانی در اطراف، می‌تواند کشف شود. در آخر می‌توان گفت بسبب نقش دوگانه درختان تجزیه (ژنوتیپ و فنوتیپ)، برنامه‌ریزی ژنتیک نیز همانند الگوریتم‌های ژنتیک برای بیان ساده و اولیه ناتوان است. در همه موارد، تمام درخت تجزیه به عنوان راه‌حل است نه بیشتر و نه کمتر (فریرا، ۲۰۰۴).

## ۲-۱-۳- برنامه‌ریزی بیان ژن (GEP)

برنامه‌ریزی بیان ژن توسط فریرا در سال ۱۹۹۹ اختراع شد (فریرا، ۲۰۰۱). در این برنامه، کروموزوم‌های خطی و ساده با طول ثابت، مشابه با آنچه که در الگوریتم ژنتیک استفاده می‌شود و ساختارهای شاخه‌ای با اندازه‌ها و اشکال متفاوت، مشابه با درختان تجزیه در برنامه‌ریزی ژنتیک، ترکیب می‌شوند. از آنجائیکه تمامی ساختارهای شاخه‌ای با اندازه‌ها و اشکال متفاوت، در کروموزوم‌های خطی با طول ثابت کدگذاری می‌شوند، معادل این است که بگوییم در GEP، ژنوتیپ و فنوتیپ سرانجام از یکدیگر

<sup>۱</sup> Transposition

<sup>۲</sup> Building Blocks

جدا شده و اکنون سیستم می‌تواند از تمام مزایای تکاملی به سبب وجود آنها بهره ببرد. با وجود اینکه فنوتیپ در GEP، همان نوع از ساختارهای شاخه‌ای مورد استفاده در GP را شامل می‌شود، اما ساختارهای شاخه‌ای که بوسیله GEP استنتاج می‌شوند (که بیان درختی<sup>۱</sup> نیز نامیده می‌شوند) مبین تمامی ژنوم‌های مستقل هستند. بنابراین موضوع قابل توجه در GEP این است که دومین آستانه تکاملی یعنی "آستانه فنوتیپ" عبور داده می‌شود و این بدان معنا است که در طول تولید مثل، تنها ژنوم که اندکی اصلاح شده برای نسل بعد عبور داده می‌شود و در نتیجه نیازی به ساختارهای نسبتاً سنگین برای تکثیر شدن و جهش نیست، بطوریکه تمامی بهسازی‌ها در یک ساختار خطی ساده که بعداً داخل یک بیان درختی بزرگ می‌شود، اتفاق می‌افتد (فریرا، ۲۰۰۴).

## ۲-۱-۳-۱- مراحل اصلی در برنامه‌ریزی بیان ژن

اولین مرحله در الگوریتم GEP، تولید جمعیت اولیه از راه حل‌هاست. این موضوع می‌تواند بوسیله فرآیند تصادفی و یا با استفاده از مقداری اطلاعات درباره مسئله انجام شود. سپس کروموزوم‌ها بصورت بیان درختی (ETs) اظهار شده، که این هم مطابق با یک تابع برازش ارزیابی می‌گردد تا میزان مناسب بودن یک راه‌حل در حیطه مسئله تعیین گردد. معمولاً تابع برازش بوسیله پردازش تعدادی نمونه از مسئله هدف، که موارد برازش نیز نامیده می‌شوند، ارزیابی می‌گردد. اگر کیفیت رضایتبخش از یک راه‌حل پیدا شود و یا نسلها به تعداد معینی برسد، تکامل متوقف می‌شود و بهترین راه‌حل یافت شده تا به حال، گزارش داده می‌شود. از طرف دیگر اگر شرایط توقف یافت نشود، بهترین راه‌حل از نسل حاضر نگه داشته می‌شود (به معنای نخبه‌گزینی<sup>۲</sup> است) و بقیه راه‌حل‌ها به فرآیندی گزینشی واگذار می‌شوند. گزینش<sup>۳</sup> یا انتخاب نقش بقاء شایستگی را انجام می‌دهد و بر اساس آن بهترین افراد شانس بهتری برای تولید فرزندان دارند. کل این روند برای چندین نسل تکرار می‌شود و با پیش رفتن نسل به جلو، انتظار می‌رود که کیفیت جمعیت نیز به طور متوسط بهبود یابد (لوپز و وینرت، ۲۰۰۴).

<sup>۱</sup> Expression Trees

<sup>۲</sup> Elitism

<sup>۳</sup> Selection

مراحل اصلی از برنامه‌ریزی بیان ژن به طور شماتیک در شکل ۲-۵ نشان داده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود، فرآیند با تولید تصادفی کروموزوم‌ها از تعداد معینی افراد (جمعیت اولیه) آغاز می‌شود. سپس این کروموزوم‌ها به صورت بیان درختی (ET) اظهار می‌شوند و میزان برازندگی هر فرد در مقابل مجموعه‌ای از موارد برازش، ارزیابی می‌گردد (که انتخاب محیط نیز نامیده می‌شود). افراد سپس مطابق شایستگی‌شان (عملکرد آنها در آن محیط ویژه) انتخاب می‌شوند تا با اصلاحات و بهبودهایی دوباره ساخته شوند و در نتیجه فرزندان با ویژگیهای جدید باقی می‌گذارند. این فرزندان جدید، در یک چرخه، تحت همان فرآیند توسعه‌ای قرار می‌گیرند یعنی: بیان ژنوم، مواجهه با انتخاب محیط، انتخاب بر مبنای برازش، و تولید مثل با بهبود. این فرآیند برای تعداد معینی از نسلها تکرار می‌شود تا راه حل خوب و مناسبی پیدا شود (فریرا، ۲۰۰۴). قابل ذکر است که تولید مثل تنها شامل تکثیر<sup>۱</sup> نیست بلکه، فعالیت عملگرهای ژنتیکی توانا در ایجاد تنوع ژنتیکی را نیز در برمی‌گیرد. در واقع تولید مثل، شامل تکثیر و اصلاحات ژنتیکی است. تکثیر عملیاتی است که چندین فرد مناسب از نسل حاضر را برای نسل بعد نگه می‌دارد. در طول تکثیر، ژنوم کپی شده و به نسل بعد انتقال داده می‌شود. بدیهی است، تکثیر به تنهایی نمی‌تواند تغییرات را نشان دهد و فقط به واسطه فعالیت بقیه عملگرها، تغییرات ژنتیکی داخل جمعیت نشان داده می‌شود. این عملگرها، کروموزوم‌ها را به طور تصادفی انتخاب می‌کنند تا اصلاح شوند. بنابراین در GEP یک کروموزوم در یک زمان ممکن است بوسیله یک یا چند عملگر ژنتیکی اصلاح شود و یا اصلاً مورد اصلاح قرار نگیرد. اصلاحات ژنتیکی شامل چندین جزء از قبیل جهش، وارون سازی، ترانهش IS، ترانهش RIS، ترانهش ژن، ترکیب تک نقطه‌ای، ترکیب دو نقطه‌ای و ترکیب ژنی است (فریرا، ۲۰۰۱).

---

<sup>1</sup> Replication