

# الگوریتم بهینه یابی جفت‌گیری زنبورهای عسل (HBMO) در حل مسائل بهینه‌سازی

امید بزرگ حداد، عباس افشار و محمد هادی افشار

**چکیده:** در دهه‌های اخیر، روشهای تکاملی و فراکوشی به عنوان یک ابزار جستجو و بهینه‌سازی در حوزه‌های مختلفی مانند علوم، تجارت و مهندسی مورد استفاده قرار گرفته‌اند. وسعت دامنه کاربرد، سهولت استفاده و قابلیت دستیابی به جواب نزدیک به بهینه مطلق از جمله دلایل موفقیت این روشها می‌باشد. فرآیند جفت‌گیری زنبورهای عسل نیز به عنوان یک روش بهینه‌سازی بر پایه رفتار حشرات، می‌تواند مورد توجه قرار گیرد. در این الگوریتم، فرآیند بهینه‌سازی نشات گرفته از رفتار زنبورهای واقعی در جفت‌گیری و تولید مثل می‌باشد. در این مقاله الگوریتم بهینه‌سازی جفت‌گیری در زنبورهای عسل در سه مثال شناخته شده ریاضی به کار گرفته شده است. جهت آزمایش قابلیت الگوریتم این سه مثال از مسائل شناخته شده ریاضی مقید و نامقید و با متغیرهای پیوسته و با انواع پیچیدگی‌های موجود در مسائل بهینه‌سازی انتخاب شده‌اند. الگوریتم با تعداد قابل قبولی از پروازهای جفت‌گیری نتایج مناسب و نزدیک به بهینه مطلق ارائه می‌نماید. همچنین جهت نمایش کارایی الگوریتم در حل این مسائل، نتایج حاصل با یک الگوریتم ژنتیک همراه با نخبه‌گرائی نیز مقایسه گردیده است. با وجود اینکه این الگوریتم در مراحل مقدماتی توسعه قرار دارد، اما نتایج حاصل بیانگر برابری نمودن و یا حتی برتری نتایج الگوریتم حاضر با نتایج حاصل از روش الگوریتم ژنتیک می‌باشد. مثال آخر نیز یک مسئله در دنیای واقعی و در رسته مهندسی آب است که مسئله بهره‌برداری بهینه از مخزن را شامل می‌شود. مدل توسعه یافته در یک مخزن با ۶۰ دوره بهره‌برداری و با تابع هدف حداقل نمودن مجموع مجذور اختلاف رهاسازی از نیاز به کار گرفته شده است. نتایج حاصل گویای نتایج قابل قبول این الگوریتم با جواب بهینه مطلق این مسئله که از روش برنامه ریزی غیر خطی حاصل شده است می‌باشد.

**واژه‌های کلیدی:** الگوریتم بهینه‌یابی جفت‌گیری زنبورهای عسل، الگوریتم ژنتیک، مسائل شناخته شده ریاضی، بهره‌برداری بهینه از مخازن سدها.

## ۱. مقدمه

در طول دهه‌های اخیر، روشهای تکاملی و فراکوشی به طور گسترده‌ای مورد استفاده قرار گرفته‌اند. از بین این روشها الگوریتم

این مقاله در تاریخ ۸۳/۹/۱۵ دریافت و در تاریخ ۸۴/۴/۷ به تصویب نهایی رسیده است.

دکتر امید بزرگ حداد، استادیار، گروه آبیاری و آبادانی، دانشکده مهندسی آب و خاک، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران. haddad@ut.ac.ir

دکتر عباس افشار، استاد، گروه آب، دانشکده عمران، دانشگاه علم و صنعت ایران. a\_afshar@iust.ac.ir

دکتر محمد هادی افشار، دانشیار، گروه آب، دانشکده عمران، دانشگاه علم و صنعت ایران. Mhafshar@iust.ac.ir

ژنتیک به طور وسیعی در مسائل جستجو و بهینه‌سازی در مسائل مختلف در حوزه علوم، تجارت، بیولوژی و مهندسی به کار گرفته شده است [۱،۲،۳].

مثالهایی از کاربرد این روش در حل مثالهای مختلف از جمله مسائل چندمنامی [۴]، مسائل چند هدفی [۵]، مسائل برنامه ریزی و مسائل فازی-عصبی-ژنتیک موجود می‌باشد [۶].

مدلسازی رفتار حشرات اجتماعی مانند مورچه و زنبور و استفاده از این مدلها برای جستجو و حل مسائل، از زمینه‌های مورد بحث در زندگی حشرات گروهی می‌باشد. الگوریتم توده مورچه‌ها یک روش موفق بهینه‌سازی می‌باشد، که الگوریتم جستجو نشات

بچه‌ها از تخمهای بارور و نابارور حاصل می‌شوند، به گونه‌ای که از دسته اول ملکه و زنبورهای کارگر و از دسته دوم زنبورهای نر تولید می‌گردد.

از بین کلیه زنبورها فقط ملکه توسط "ژله سلطنتی" تغذیه می‌شود. ژله سلطنتی یک ماده ژله مانند به رنگ سفید-شیری می‌باشد. زنبورهای پرستار این ماده مغذی را مخفی کرده و تنها جهت تغذیه ملکه مصرف می‌نمایند. تغذیه ملکه توسط این ژله او را نسبت به بقیه زنبورها در کندو بزرگتر می‌سازد. ملکه حدود ۵ تا ۶ سال عمر می‌کند در حالی که زنبورهای کارگر بیش از ۶ ماه زندگی نمی‌نمایند. پرواز جفت گیری توسط رقص مخصوصی از جانب ملکه آغاز می‌گردد. در این پرواز زنبورهای نر به تعقیب ملکه پرداخته و در فضا جفت گیری با ملکه را انجام می‌دهند. در یک پرواز جفت گیری معمول، هر ملکه با ۷ تا ۲۰ زنبور نر جفت گیری می‌نماید. در هر جفت گیری، اسپرم وارد محفظه اسپرم ملکه شده و در آنجا جمع آوری می‌گردد. هر بار که ملکه تخم ریزی بارور انجام می‌دهد، مخلوطی از اسپرم جمع شده در محفظه اسپرم راجهت باروری تخم ها خارج می‌سازد [۲۵]. درحین پرواز جفت گیری ملکه توسط جمعیت انبوهی از زنبورهای نر تعقیب شده و سرانجام زنبورهای نری که موفق به جفت گیری با ملکه می‌شوند خواهند مرد، ولی ملکه اسپرم آنها را دریافت می‌نماید. این بدان معناست که ملکه چندین بار و با چند زنبور نر جفت گیری می‌نماید ولی زنبورهای نر تنها قادر به یک بار جفت گیری با ملکه می‌باشند این عمل جفت گیری زنبورها را در قیاس با دیگر حشرات منحصر به فرد می‌سازد. در واقع، پرواز جفت گیری می‌تواند به یک مجموعه جابجایی در فضا و مکان (محیط) تشبیه شود که در آن ملکه در نقاط مختلف و با سرعت‌های متفاوت به پرواز در آمده و با زنبورهای نری که در آن لحظه و در آن مکان برخورد می‌نماید به طور تصادفی جفت گیری می‌نماید.

بدیهی است که در آغاز پرواز جفت‌گیری انرژی ملکه در حد مشخصی بوده و در انتهای مسیر یعنی در زمانی که ملکه به کندو باز می‌گردد انرژی او کاهش یافته و نزدیک به صفر می‌گردد. از طرف دیگر ممکن است که قبل از به صفر رسیدن انرژی ملکه، حجم محفظه اسپرم ملکه پر شده و ملکه حتی در صورت دارا بودن انرژی نیز به کندو باز گردد.

در طبیعت، نقش کارگرها محدود به بچه داری و تغذیه ملکه می‌باشد. بنابراین، در الگوریتم توسعه یافته هر کارگر به عنوان یک رفتار و تابع کاوشی جهت ترقی نسل و یا مراقبت از یک مجموعه از بچه ها عمل می‌نماید. هر زنبور نر به طور احتمالاتی توسط تابع نورد زیر جفت گیری می‌نماید [۱۶]:

$$Prob(Q, D) = e^{-\frac{\Delta(f)}{S(t)}} \quad (1)$$

گرفته از رفتار مورچه های واقعی در یافتن غذا می‌باشد. الگوریتم توده مورچه‌ها به عنوان یک الگوریتم بهینه سازی تکاملی اولین بار توسط دوریگو [۷] و دوریگو و همکاران [۸]، به عنوان یک روش چند جزئی برای حل مسائل مختلف بهینه سازی مانند مسئله فروشنده دوره گرد و مسائل دیگر به کار رفته است. سپس دوریگو و دیکارو [۹]، الگوریتم عمومی توده مورچه ها<sup>۱</sup> را به عنوان یک روش توده مورچه‌های فراکاوشی معرفی نمودند که ACOAs را قادر به کاربرد برای دیگر مسائل مهندسی نمود، مشروط بر اینکه مسئله به طور مناسبی فرموله شده و قابل تصویر شدن بر روی یک نمودار باشد. اخیراً دوریگو و همکاران [۱۰]، کاربرد موفق از ACOAs را برای تعدادی از مسائل پایه بهینه سازی گزارش نموده اند. دیگر کاربردهای موفق ACOAs در مسائل بهینه سازی طراحی و بهره برداری در مهندسی در شاخه های مختلف توسط عباسپور و همکاران [۱۱] و سیمپسون و همکاران [۱۲] و جلالی و همکاران گزارش شده است [۱۳].

جفت گیری زنبورهای عسل نیز می‌تواند به عنوان یک روش عمومی بر پایه رفتار حشرات جهت بهینه سازی در نظر گرفته شود که در آن الگوریتم جستجو الهام گرفته از فرآیند جفت گیری در زنبورهای واقعی می‌باشد. رفتار زنبورهای عسل تقابلی بین پتانسیل ژنتیک، محیط فیزیولوژیکی و اکولوژیکی و شرایط اجتماعی کندو و با ترکیبی از موارد فوق می‌باشد [۱۴]. زنبورهای عسل همچنین جهت مدلسازی سیستم‌های بر پایه اجزاء توسط پرز-یوریب و هیرسبرنر به کار گرفته شده‌اند [۱۵]. در سالهای اخیر عباس یک الگوریتم بهینه سازی بر پایه فرآیند ازدواج زنبورهای عسل ارائه نمود [۱۶، ۱۷]. از دیگر کاربردهای این الگوریتم در حل مسائل می‌توان به مسائل بهره برداری بهینه از مخازن سدها توسط بزرگ حداد و افشار اشاره نمود [۲۱، ۲۲، ۲۰، ۱۹، ۱۸]. در این مقاله یک الگوریتم بهینه سازی بر پایه جفت گیری زنبورهای عسل توسعه یافته و کارائی آن با استفاده از سه تابع شناخته شده ریاضی و با انواع پیچیدگیهای موجود در مسائل بهینه سازی و نیز یک مسئله بهره‌برداری بهینه از مخزن سد با هدف کشاورزی و شامل ۶۰ ماه بهره برداری آزمایش گردیده است.

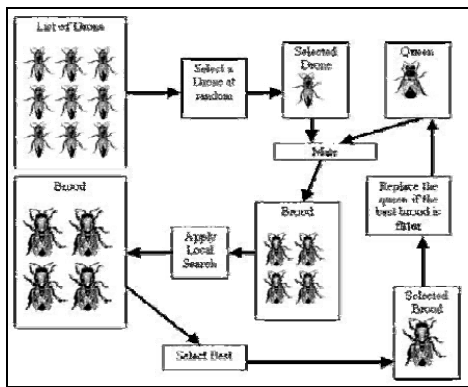
## ۲. مدلسازی جفت‌گیری زنبورهای عسل

یک کندوی زنبورهای عسل به طور معمول شامل یک ملکه با طول عمر زیاد جهت تخمگذاری و تعدادی از صفر تا چند صد زنبور نر (با توجه به فصل) و حدود ۱۰۰۰۰ تا ۶۰۰۰۰ زنبور کارگر می‌باشد [۲۳]. ملکه(ها) اصلی ترین نقش تولید مثل را در برخی گونه‌های زنبور عسل ایفا نموده و وظیفه تخم گذاری را نیز بر عهده دارند [۲۴]. زنبورهای نر پدر کندو می‌باشند. آنها تک جنسی بوده و وظیفه تشدید ژنهای مادران، بدون تغییر در ترکیب ژنتیک آنها را بر عهده دارند. وظیفه کارگرها بچه داری و در برخی موارد تخمگذاری می‌باشد.

<sup>1</sup> Ant Colony Optimization Algorithms (ACOAs)

بنابر این الگوریتم بهینه یابی جفت گیری زنبورهای عسل<sup>۱</sup> را می توان در ۵ گام اساسی زیر خلاصه نمود [۱۶]:

- ۱- الگوریتم با پرواز جفت گیری آغاز می شود که در آن ملکه (جواب برتر) به طور احتمالاتی جفت های خود را از بین زنبورهای نر جهت پر نمودن محفظه اسپرم خود و در نهایت تولید بچه های جدید انتخاب می نماید.
  - ۲- بچه زنبورهای جدید (جوابهای آزمایشی) با جایجائی ژنهای زنبور نر با ژنهای ملکه ایجاد می شوند.
  - ۳- از کارگرها (توابع کاوشی) جهت جستجوی موضعی (پرورش و ارتقاء نسل بچه زنبورها) استفاده می شود.
  - ۴- تابع برازش کارگرها با توجه به میزان ترقی که در نسل زنبورها ایجاد می نمایند مرتب می شود.
  - ۵- بچه زنبور برتر در این فرآیند در صورت برتری نسبت به ملکه موجود جهت جایگزینی با ملکه و انجام پرواز جفت گیری بعدی انتخاب می شود.
- گامهای اساسی در الگوریتم HBMO در شکل (۳) به نمایش در آمده است.



شکل ۳. الگوریتم HBMO [۲]

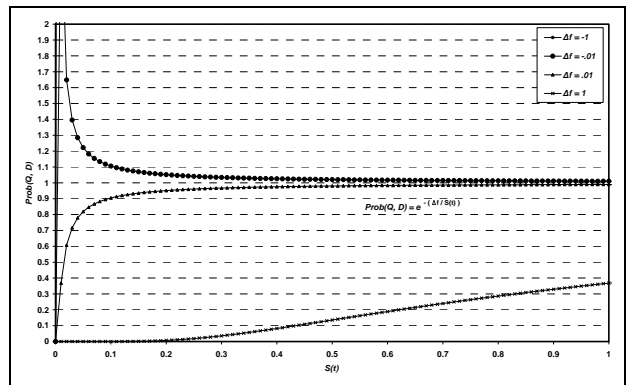
### ۳. الگوریتم توسعه یافته HBMO

در فرمول بندی ریاضی، زنبور نر و ملکه نمایانگر یک رشته از ژنها می باشند که آن هم نمایانگر یک جواب محتمل از مسئله می باشد. به این ترتیب در هر پرواز جفت گیری برخی از ژنهای زنبور نر بدون تغییر مانده و برخی دیگر به طور تصادفی انتخاب و تغییر خواهند یافت. زنبورهای کارگر که نقش ارتقاء نسل بچه زنبورها را بر عهده دارند به شکل یک سری توابع فراکاوشی تعریف می شوند. میزان ارتقاء نسل بچه زنبورها توسط هر تابع فراکاوشی، میزان تابع برازش آنها را تعیین می نماید. ملکه(ها) مهمترین نقش را در فرآیند جفت گیری چه در طبیعت و چه در الگوریتم HBMO بر عهده دارد. هر ملکه با یک رشته

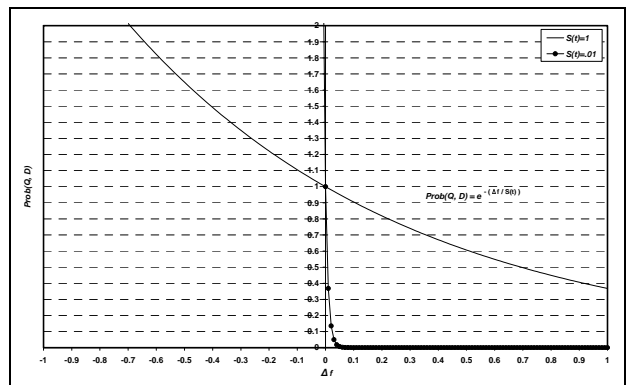
که در آن،  $Prob(Q, D)$  احتمال اضافه شدن اسپرم زنبور نر  $D$  به حجم محفظه اسپرم ملکه  $Q$  یا احتمال یک جفت گیری موفق می باشد.  $\Delta(f)$ ، قدر مطلق اختلاف بین تابع هدف زنبور نر  $D$  (یعنی  $f(D)$ ) و تابع هدف ملکه  $Q$  (یعنی  $f(Q)$ ) می باشد و  $S(t)$  سرعت ملکه در لحظه  $t$  می باشد. واضح است که تابع فوق به عنوان یک تابع نورد شده عمل می نماید. این بدان معناست که احتمال جفت گیری در ابتدای پرواز جفت گیری، که ملکه دارای سرعت زیاد می باشد و یا در زمانی که تابع برازش زنبور نر خوب و مناسب بوده و به مقدار تابع برازش ملکه نزدیک می باشد بسیار زیاد می باشد. در شکل های (۱) و (۲) میزان تغییرات احتمال انتخاب نسبت به تغییرات سرعت ملکه و اختلاف بین تابع هدف ملکه و هر زنبور نر نمایش داده شده است. به تدریج و بعد از هر جایجائی ملکه در فضا، سرعت و انرژی او توسط روابط زیر کاهش می یابد [۱۶]:

$$S(t+1) = \alpha \times S(t) \quad (2)$$

$$E(t+1) = E(t) - \gamma \quad (3)$$



شکل ۱. نحوه تغییرات احتمال انتخاب زنبورهای نر بر حسب تغییرات سرعت



شکل ۲. نحوه تغییرات احتمال انتخاب زنبورهای نر بر حسب تغییرات اختلاف مقدار تابع هدف

که در آن،  $\alpha$  ضریبی است متعلق به بازه  $[0,1]$  و  $\gamma$  مقدار کاهش انرژی ملکه در هر انتقال می باشد.

<sup>1</sup> Honey-bee Mating Optimization Algorithm (HMBO)

برخی از ژنهای تشکیل دهنده آنها به طور تصادفی به گونه‌ای مشخص می‌شوند که در طول فرآیند بدون تغییر باقی بمانند. زمانی که کلیه ملکه‌ها پرواز جفت‌گیری خود را به پایان رساندند، تولید بچه‌ها آغاز می‌گردد. جهت تولید بچه‌ها به تعداد مورد نظر که از پیش تعیین گردیده است، هر ملکه با تعدادی از اسپرم‌های درون محفظه اسپرم خود که به طور تصادفی و توسط توابع مورد نظر تعیین می‌گردد، جفت‌گیری می‌کند. سپس کارگران با توجه به میزان برازش خود جهت ارتقاء ملکه و بچه زنبورها انتخاب می‌گردند. پس از تولید کلیه بچه زنبورها، همگی آنها با توجه به مقدار تابع برازش خود مرتب می‌شوند. بهترین بچه زنبورها در صورت برتری نسبت به ملکه(ها) جایگزین آنها می‌گردند. مابقی بچه زنبورها در ادامه فرآیند کشته شده و پرواز جفت‌گیری بعدی آغاز می‌گردد. این عمل تا آنجا ادامه می‌یابد که یا تعداد پروازهای جفت‌گیری از پیش تعیین شده به انتها برسد و یا معیار همگرایی تعیین شده در مسئله ارضا گردد که در این صورت حل مسئله پایان می‌یابد.

#### ۴. کاربرد الگوریتم در مثالهای ریاضی

##### ۴-۱. تابع سینوسی نامقید

اولین مثال عددی بهینه‌سازی یک مسئله بیشینه‌سازی سینوسی نامقید با متغیرهای تصمیم پیوسته و بدون حضور متغیرهای حالت می‌باشد. در رابطه‌های (۳)، (۴) و (۵) به ترتیب تابع هدف و محدوده مجاز متغیرهای تصمیم ارائه گردیده است و در شکل (۴) شکل رویه این تابع به تصویر کشیده شده است.

$$\text{Max } f(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2) \quad (3)$$

$$-3.0 \leq x_1 \leq 12.1 \quad (4)$$

$$4.1 \leq x_2 \leq 5.8 \quad (5)$$

این تابع دارای دو متغیر تصمیم می‌باشد. از دیگر مشخصات این تابع می‌توان به چند قله‌ای<sup>۱</sup> بودن و تفکیک‌ناپذیر بودن<sup>۲</sup> آن اشاره نمود. با حل این مسئله توسط روش الگوریتم ژنتیک بهترین جواب حاصل به شکل زیر می‌باشد [۲]

$$f(11/63140.7, 5/724824) = 38/81820.8 \quad (6)$$

ژن، سرعت، انرژی و یک حجم مشخص محفظه اسپرم شناخته می‌شود. بنابراین انرژی، سرعت و حجم محفظه اسپرم ملکه قبل از هر پرواز جفت‌گیری به صورت تصادفی انتخاب می‌شود. پس از هر جفت‌گیری موفق اسپرم آنها در محفظه اسپرم ملکه ذخیره می‌گردد. سپس در فرآیند تولید بچه‌ها، هر بچه با قرارگیری برخی از ژنهای زنبور نر و کامل شدن مابقی ژنها با ژنهای ملکه بوجود می‌آید. بدین ترتیب نحوه و روش تخم ریزی ملکه نیز به عنوان یک سری توابع فراکوشی دیگر تعریف گردیده و به سری توابع مورد نظر جهت ارتقاء نسل اضافه می‌گردند. بدین ترتیب میزان خوبی این توابع نیز با توجه به میزان تاثیر و ارتقائی که در تولید بچه زنبورهای جدید ایجاد می‌نمایند محاسبه می‌گردد.

در نهایت الگوریتم با مشخص نمودن سه پارامتر توسط کاربر و یک پارامتر از پیش تعیین شده آغاز می‌گردد. پارامتر از پیش تعیین شده تعداد کارگرا است که بیانگر تعداد توابع فراکوشی در مسئله می‌باشد. این پارامتر می‌تواند توسط کاربر جهت تعیین توابع فراکوشی فعال تغییر یابد. که حدود مجاز تغییرات توسط کاربر بین صفر تا حداکثر تعداد توابع فراکوشی تعریف می‌شود.

سه پارامتر دیگر تعریف شده توسط کاربر نیز شامل تعداد ملکه‌ها، حجم محفظه اسپرم ملکه (حداکثر تعداد جفت‌گیری‌های هر ملکه در هر پرواز جفت‌گیری) و حداکثر تعداد بچه زنبورهای حاصل از هر ملکه می‌باشد. انرژی و سرعت ملکه در ابتدای هر پرواز جفت‌گیری به صورت تصادفی تعیین می‌گردد.

بنابراین یک تعداد ملکه به صورت تصادفی انتخاب گردیده و سپس یک سری توابع فراکوشی با در نظر گرفتن این که ملکه همیشه بهترین زنبور در کندو می‌باشد، به صورت تصادفی جهت بهبود نسل ملکه انتخاب می‌گردند. سپس تعدادی پرواز جفت‌گیری ترتیب داده می‌شود که در هر پرواز، ملکه(ها) با توجه به انرژی و سرعت خود که قبل از هر پرواز به طور تصادفی تعیین می‌گردد، جهت یافتن زنبورهای نر مدنظر خود در فضا حرکت می‌نمایند. در ابتدای هر پرواز جفت‌گیری، هر زنبور نر به صورت اتفاقی تولید می‌گردد.

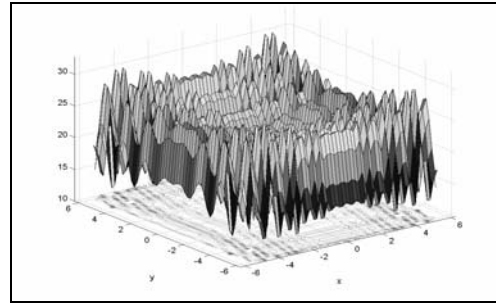
جایگاهی صورت گرفته در فضا توسط ملکه با توجه به سرعت او می‌باشد که بیانگر احتمال آمیزش ژنهای زنبور نر با ژن ملکه است. در ابتدای هر پرواز جفت‌گیری، ملکه دارای سرعت بالا بوده و بنابراین می‌تواند گامهای بلندی را در فضا جهت یافتن جفت مورد نظر خود بردارد. به تدریج که انرژی ملکه کاهش می‌یابد، سرعت او نیز کاهش یافته و در نتیجه محدوده عمل ملکه در فضا نیز محدود تر خواهد گردید. در هر گام ملکه در فضا، ملکه زنبور نر موجود در مجاورت خود را توسط تابع احتمالاتی (۱) آزمون می‌نماید.

در صورتی که جفت‌گیری با موفقیت انجام شود (زنبور نر از آستانه انتخاب ملکه در تابع فوق گذر نماید)، اسپرم زنبور نر وارد محفظه اسپرم ملکه شده و در آنجا ذخیره می‌گردد. لازم به ذکر مجدد است از آنجا که زنبورهای نر تک جنسی می‌باشند، در هر تولید زنبورهای نر

<sup>1</sup> Multi-Modality

<sup>2</sup> Non-Separable

همچنین در جدول (۱) مقادیر تابع هدف و هر یک از دو متغیر موجود در مسئله در ۱۰ بار اجرای برنامه و در پایان ۸۰۰ پرواز جفت گیری ارائه گردیده است. از طرفی در جدول (۲) پارامترهای آماری این مقادیر ارائه گردیده است.

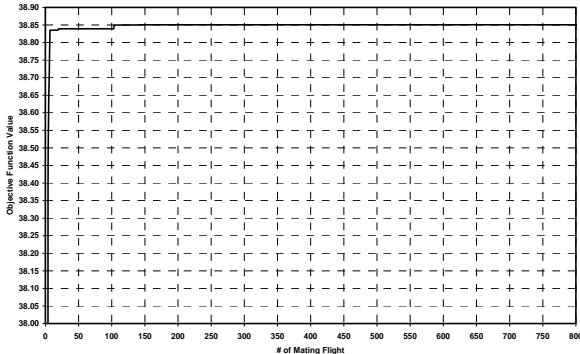


شکل ۴. شکل رویه تابع سینوسی نامقید

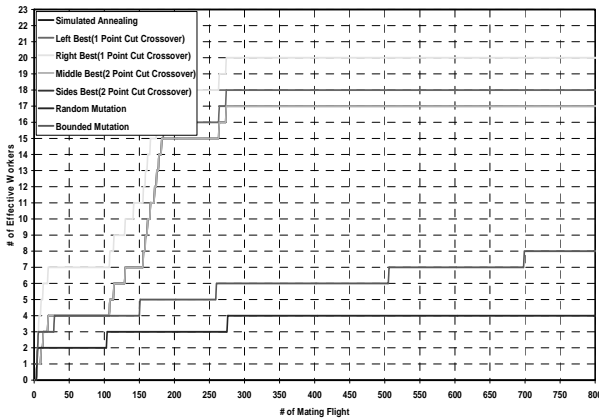
با کاربرد الگوریتم HBMO در حل مثال فوق الذکر نتایج حاصل از همگرایی جواب که تغییرات مقدار تابع هدف در طول انجام پروازهای جفت گیری می باشد در شکل (۵) ارائه شده است. همانگونه که ملاحظه می گردد، در حدود ۱۰۰ پرواز جفت گیری که حدود ۲۲۰۰۰ ارزیابی تابع می باشد مقدار تابع هدف به میزان قابل توجهی به جواب بهینه همگرا شده است که این خود بیانگر توانایی، قابلیت و سرعت زیاد الگوریتم در دستیابی سریع به جواب نزدیک به بهینه می باشد. در ادامه فرآیند و پس از انجام ۸۰۰ پرواز جفت گیری جواب مسئله به سمت جواب بهینه همگرا شده و ثابت می ماند، لازم به توضیح است که جواب حاصل در این تعداد پرواز جفت گیری به شرح زیر حاصل گردیده است:

$$f(11/62555, 5/725043) = 38/85029446 \quad (7)$$

همانگونه که ملاحظه می گردد جواب مسئله در حدود ۰.۱۰۸٪ بزرگتر (مناسبتی) از جواب گزارش شده از کاربرد الگوریتم ژنتیک در این مسئله می باشد. شکل (۶) بیانگر تعداد تجمعی موفقیت توابع در طول پروازهای جفت گیری می باشد. همانگونه که ملاحظه می گردد از انجام فرآیند نورد موفق اثری دیده نمی شود و نوع تخم ریزی ملکه بیشترین و مهمترین اثر و در ادامه عملکرد زنبورهای کارگر دومین تاثیر را در پیشرفت و ترقی مجموعه جواب دارا می باشد.



شکل ۵. تغییرات مقدار تابع هدف در طول پروازهای جفت گیری



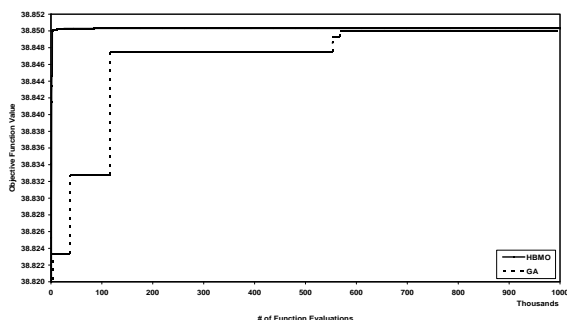
شکل ۶. تعداد تجمعی موفقیت توابع در طول پروازهای جفت گیری

جدول ۱. مقادیر تابع هدف و دو متغیر تصمیم در ۱۰ بار اجرا و در پایان ۸۰۰ پرواز جفت گیری

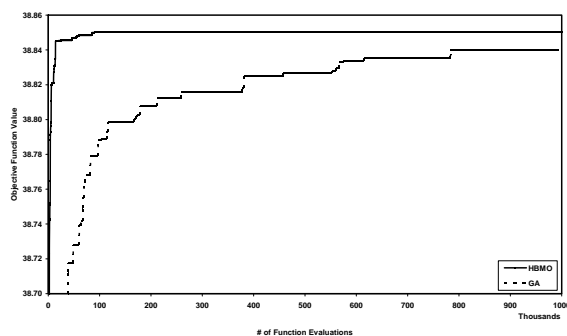
شماره اجرا										
۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱	
۳۸.۸۵۰۲۹۱۶	۳۸.۸۵۰۲۸۷۴	۳۸.۸۵۰۲۹۴۳	۳۸.۸۵۰۲۹۱۰	۳۸.۸۵۰۲۹۲۵	۳۸.۸۵۰۲۹۴۴	۳۸.۸۵۰۲۹۳۸	۳۸.۸۵۰۲۷۲۳	۳۸.۸۵۰۲۹۲۴	۳۸.۸۵۰۲۹۴۱	تابع هدف
۱۱.۶۲۵۶۰۰۰	۱۱.۶۲۵۴۶۹۰	۱۱.۶۲۵۵۴۳۷	۱۱.۶۲۵۴۸۴۱	۱۱.۶۲۵۵۳۳۴	۱۱.۶۲۵۵۵۰۰	۱۱.۶۲۵۵۱۹۸	۱۱.۶۲۵۷۰۰۰	۱۱.۶۲۵۵۰۰۰	۱۱.۶۲۵۵۶۰۰	متغیر اول
۵.۷۲۵۰۴۶۰	۵.۷۲۵۰۳۱۷	۵.۷۲۵۰۴۰۰	۵.۷۲۵۰۴۷۹	۵.۷۲۵۰۳۱۳	۵.۷۲۵۰۴۲۸	۵.۷۲۵۰۴۷۰	۵.۷۲۵۰۴۳۵	۵.۷۲۵۰۴۰۰	۵.۷۲۵۰۴۰۰	متغیر دوم

جدول ۲. پارامترهای آماری تابع هدف و دو متغیر تصمیم در ۱۰ بار اجرا و در پایان ۸۰۰ پرواز جفت گیری

ضریب تغییرات	انحراف معیار	متوسط	بیشینه	کمینه	
۰.۰۰۰۰۰۱۷۲۰	۰.۰۰۰۰۰۶۶۸۱۵	۳۸.۸۵۰۲۹۰۴	۳۸.۸۵۰۲۹۴۴	۳۸.۸۵۰۲۷۲۳	مقدار تابع هدف
۰.۰۰۰۰۰۵۷۰۳۵	۰.۰۰۰۰۰۶۶۳۰۶۴	۱۱.۶۲۵۵۴۶۰	۱۱.۶۲۵۷۰۰۰	۱۱.۶۲۵۴۶۹۰	مقدار متغیر اول
۰.۰۰۰۰۰۱۰۱۰۱	۰.۰۰۰۰۰۵۷۸۳۰	۵.۷۲۵۰۴۱۰	۵.۷۲۵۰۴۷۹	۵.۷۲۵۰۳۱۳	مقدار متغیر دوم



شکل ۷. تغییرات حداکثر مقدار تابع هدف در ۱۰ بار اجرا و در طول تعداد دفعات ارزیابی تابع



شکل ۸. تغییرات متوسط مقدار تابع هدف در ۱۰ بار اجرا و در طول تعداد دفعات ارزیابی تابع

همانگونه که ملاحظه می‌شود چه در مقادیر حداکثر و چه در مقادیر متوسط الگوریتم HBMO مقادیر و نحوه همگرایی بهتری را ارائه می‌نماید. بدین ترتیب الگوریتم در حل این مسئله بسیار سریعتر از الگوریتم ژنتیک به سمت جواب نزدیک به بهینه همگرا می‌شود. این موضوع چه در همگرایی اولیه و چه در همگرایی نهایی در دو شکل فوق به وضوح مشخص می‌باشد.

#### ۴-۲. تابع اکلی (Ackley)

مثال بعد که توسط الگوریتم حاضر مورد بحث قرار گرفته است، تابع اکلی (Ackley) می‌باشد. این مثال بهینه‌سازی نا مقید، یک تابع پیوسته و از نوع کمینه‌سازی بوده و از خصوصیات دیگر این تابع می‌توان به چند قله‌ای بودن و تفکیک ناپذیر بودن آن اشاره نمود. ضمناً این تابع دارای بهینه‌های موضعی منظم و با قاعده می‌باشد. تابع اکلی می‌تواند با هر بعد (هر تعداد متغیر تصمیم) تعریف شود که شکل کلی تابع فوق به صورت روابط (۸) و (۹) می‌باشد.

$$\text{Min } f(x_1, x_2) = -c_1 \cdot \exp\left(-c_2 \sqrt{\frac{1}{2} \sum_{j=1}^2 x_j^2}\right) - \exp\left[\frac{1}{2} \sum_{j=1}^2 \cos(c_3 \cdot x_j)\right] + c_1 + e \quad j = 1, 2 \quad (8)$$

$$-5 < x_j < 5 \quad (9)$$

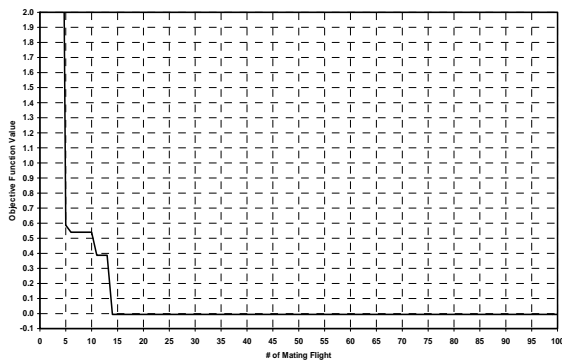
همانگونه که ملاحظه می‌گردد مقادیر تابع هدف و متغیرهای حاصل در پایان این ۱۰ اجرا بسیار به یکدیگر نزدیک بوده و دارای انحراف معیار و ضریب تغییرات بسیار کوچکی می‌باشد. همانگونه که ملاحظه می‌گردد، نزدیکی میزان مقادیر تابع هدف و متغیرها امیدواری‌هایی را در استفاده از الگوریتم مذکور فراهم می‌آورد، زیرا که این مطلب بیانگر قابلیت الگوریتم در نزدیکی به جواب بهینه مطلق حتی در حل مسائل دارای چندین بیشینه و کمینه موضعی می‌باشد. جهت مقایسه الگوریتم HBMO با سایر روشهای فراکاوشی و تحولی موجود یک الگوریتم ژنتیک بر پایه نخبه‌گرایی تهیه گردیده و مسئله مورد آزمون قرار گرفته است. با توجه به حساسیت الگوریتم ژنتیک به مقادیر احتمالات برش ژنی (Crossover) و جهش ژنی (Mutation) و نیز تعداد نقاط برش ژنی، و تاثیر قابل توجه این مقادیر بر نتایج حاصل از اجرای مدل توسط الگوریتم ژنتیک لازم است که بر روی مقادیر مختلف این موارد آنالیز حساسیت صورت گیرد. لذا در این مسئله الگوریتم ژنتیک در حالات مختلف این مقادیر و با ۱۰ اجرا برای هر حالت مورد بررسی قرار گرفته است. نتایج و پارامترهای آماری حاصل از این ۱۰ اجرا در جدول (۳) ارائه گردیده است. با توجه به نتایج حاصل در نهایت مقادیر ۸۰٪ برای احتمال برش ژنی و ۴۰٪ برای احتمال جهش ژنی انتخاب گردیده است. در ادامه با قرارگیری مقادیر مطلوب احتمالات برش و جهش ژنی در الگوریتم و اجرای مجدد الگوریتم با تعداد زیادتر نسل در ۱۰ اجرا نتایج حاصل گردیده است. در شکلهای (۷) و (۸) به ترتیب نحوه تغییرات تابع هدف (روند همگرایی) مقادیر حداکثر و متوسط ۱۰ اجرا بر حسب تعداد دفعات ارزیابی تابع هدف برای بار الگوریتم ژنتیک و الگوریتم HBMO ارائه شده است.

#### جدول ۳. پارامترهای آماری مقادیر تابع هدف در ۱۰ بار اجرا

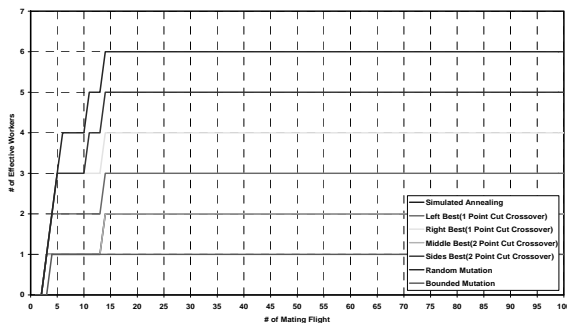
توسط الگوریتم ژنتیک با احتمالات مختلف

احتمال برش ژنی (%)	احتمال جهش ژنی (%)	حداقل	متوسط	حداکثر	انحراف معیار	ضریب تغییرات
۴۰	۴۰	۳۸.۶۹۲	۳۸.۷۷۵	۳۸.۸۴۲	۰.۰۵۵	۰.۰۰۱۴
۴۰	۵۰	۳۸.۶۰۹	۳۸.۷۴۳	۳۸.۸۴۷	۰.۰۸۴	۰.۰۰۲۲
۴۰	۶۰	۳۸.۷۱۹	۳۸.۷۷۷	۳۸.۸۴۹	۰.۰۴۷	۰.۰۰۱۲
۶۰	۴۰	۳۸.۷۴۰	۳۸.۷۹۴	۳۸.۸۴۳	۰.۰۳۹	۰.۰۰۱۰
۶۰	۵۰	۳۸.۶۴۷	۳۸.۷۵۶	۳۸.۸۵۰	۰.۰۶۹	۰.۰۰۱۸
۶۰	۶۰	۳۸.۶۶۵	۳۸.۷۱۷	۳۸.۷۸۳	۰.۰۴۰	۰.۰۰۱۰
۸۰	۴۰	۳۸.۷۴۲	۳۸.۸۰۴	۳۸.۸۵۰	۰.۰۴۱	۰.۰۰۱۱
۸۰	۵۰	۳۸.۷۰۰	۳۸.۷۸۷	۳۸.۸۴۶	۰.۰۵۰	۰.۰۰۱۳
۸۰	۶۰	۳۸.۷۱۰	۳۸.۷۷۷	۳۸.۸۲۴	۰.۰۳۴	۰.۰۰۰۹

جواب حاصل از حل این مسئله توسط الگوریتم ژنتیک برابر با  $f(x_1^*, x_2^*) = -0.005456$  گزارش شده است [۲]. الگوریتم HBMO در حل این مثال نیز مورد استفاده قرار گرفته است. میزان تغییرات تابع هدف در طول پروازهای جفت گیری در شکل (۱۲) ارائه گردیده است. همانگونه که ملاحظه می گردد در سیزدهمین پرواز جفت گیری مقدار تابع هدف به سمت بهینه مطلق همگرا شده است. با توجه به شکل (۱۲) ملاحظه می گردد که جواب بهینه با حدود ۱۸ پرواز جفت گیری حاصل گردیده است. از طرفی در شکل (۱۳) مقدار تجمعی توابع موفق به نمایش درآمده است.



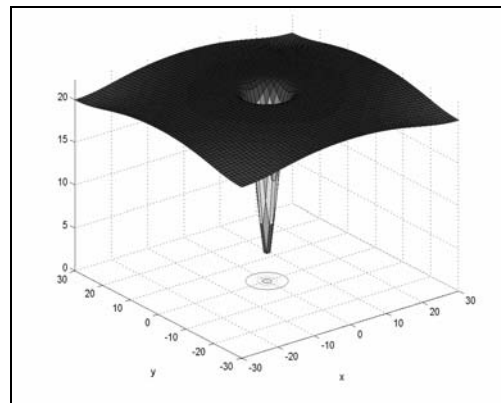
شکل ۱۲. تغییرات مقدار تابع هدف در طول پروازهای جفت گیری



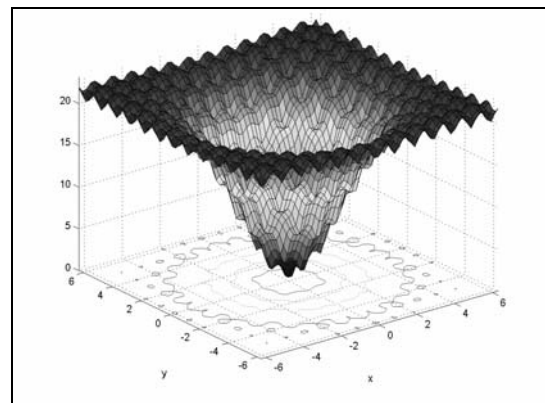
شکل ۱۳. تعداد تجمعی موفقیت توابع در طول انجام پروازهای جفت گیری

همانگونه که ملاحظه می شود کلیه توابع بعد از پرواز جفت گیری ۱۳ هیچگونه موفقیتی را از خود گزارش ندادند که این خود دلیل همگرایی جواب مسئله به سمت جواب بهینه مطلق می باشد. در جدول (۴) مقادیر تابع هدف و هر یک از دو متغیر موجود در مسئله ارائه شده است. همچنین در جدول (۵) مقادیر آماری تابع هدف و متغیرهای این ۱۰ اجرا ارائه شده است. ملاحظه می گردد که در تمام اجراها مقدار تابع هدف و متغیرهای تصمیم به یک مقدار که همان جواب بهینه مطلق مسئله می باشد همگرا شده اند. جواب حاصل در حدود ۰/۱٪ بهتر (کمتر) از جواب گزارش شده از کاربرد الگوریتم ژنتیک در حل مثال فوق می باشد.

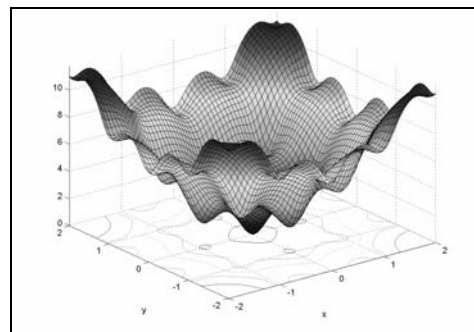
در اینجا تابع فوق با دو متغیر تصمیم جهت حل در نظر گرفته شده است که در آن  $c_1 = 20$ ،  $c_2 = 0.2$ ،  $c_3 = 2\pi$  است. این تابع توسط یک عملگر نمائی تعریف شده و از یک سری امواج کسینوسی با بزرگی متوسط تشکیل شده است. سطح رویه این تابع نیز از یک رویه نسبتاً هموار که در قسمت مرکزی دارای یک حفره و یا یک حداقل می باشد تشکیل شده است که امواج مذکور به تدریج با نزدیک شدن به آن حفره مشخص تر و بزرگتر می گردند. شکل رویه تابع در اشکال (۹) تا (۱۱) ارائه گردیده است. این تابع دشواری هائی را در جستجوی جواب ایجاد می نماید، زیرا از آنجا که تابع دارای بسیاری نقاط بهینه موضعی می باشد، بسیاری از روشهای حل ممکن است در یکی از نقاط بهینه موضعی گرفتار شوند. بنابراین تابع اکلی حالت مناسب و قابل قبولی برای الگوریتم جستجوی جفت گیری زنبورهای عسل می باشد.



شکل ۹. شکل رویه تابع Ackley در محدوده ۳۰- تا ۳۰



شکل ۱۰. شکل رویه تابع Ackley در محدوده ۶- تا ۶



شکل ۱۱. شکل رویه تابع Ackley در محدوده ۲- تا ۲

جدول ۴. مقادیر تابع هدف و دو متغیر تصمیم در ۱۰ بار اجرا و در پایان ۸۰۰ پرواز جفت گیری

شماره اجرا										تابع هدف
۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱	
-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸
صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر
صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر	صفر

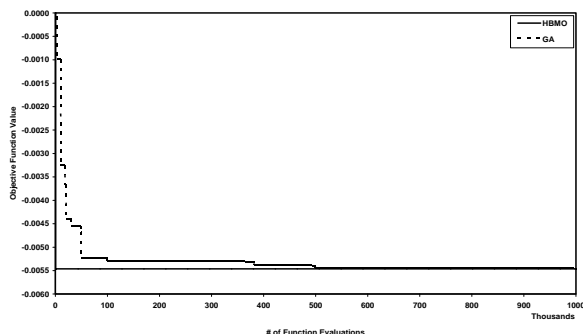
جدول ۵. پارامترهای آماری تابع هدف و دو متغیر تصمیم در ۱۰ بار اجرا و در پایان ۸۰۰ پرواز جفت گیری

	کمینه	بیشینه	متوسط	انحراف معیار	ضریب تغییرات
تابع هدف	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	-۰.۰۰۵۴۶۱۸	۰.۰۰۰۰۰۰۰۰	۰.۰۰۰۰۰۰۰۰
متغیر اول	صفر	صفر	صفر	۰.۰۰۰۰۰۰۰۰	-
متغیر دوم	صفر	صفر	صفر	۰.۰۰۰۰۰۰۰۰	-

ادامه جدول ۶. پارامترهای آماری مقادیر تابع هدف در ۱۰

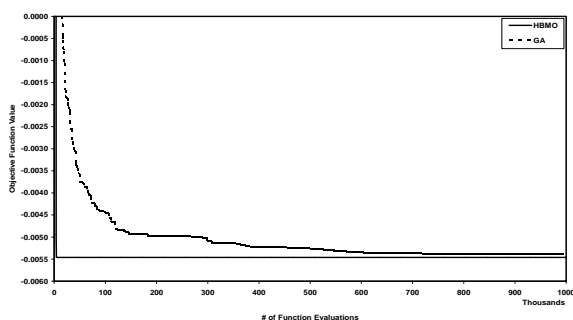
بار اجرا توسط الگوریتم ژنتیک با احتمالات مختلف

۶۰	۵۰	۴۰	۳۰	۲۰	۱۰
-۰.۰۰۷۶۶۴	-۰.۰۰۵۴۲	-۰.۰۰۴۸۷	-۰.۰۰۴۲۱	-۰.۰۰۳۷	-۰.۰۰۲۶۶۴
-۰.۰۱۱۵۴۶	-۰.۰۰۵۲۱	-۰.۰۰۴۶۱	-۰.۰۰۳۷۷	-۰.۰۰۳۳	-۰.۰۰۲۱۵۴۶
-۰.۰۰۷۲۳۶	-۰.۰۰۵۲۶	-۰.۰۰۴۸۷	-۰.۰۰۴۲۷	-۰.۰۰۳۵	-۰.۰۰۲۳۶
-۰.۰۰۶۲۱۵	-۰.۰۰۵۳۵	-۰.۰۰۴۹۸	-۰.۰۰۴۵۳	-۰.۰۰۳۱	-۰.۰۰۲۱۵
-۰.۰۰۹۸۱۲	-۰.۰۰۵۲۰	-۰.۰۰۴۸۵	-۰.۰۰۳۷۶	-۰.۰۰۳۰۴۸	-۰.۰۰۲۸۱۲



شکل ۱۴. تغییرات حداقل مقدار تابع هدف در ۱۰ بار اجرا و در

طول تعداد دفعات ارزیابی تابع



شکل ۱۵. تغییرات متوسط مقدار تابع هدف در ۱۰ بار اجرا و در

طول تعداد دفعات ارزیابی تابع

در این مسئله نیز الگوریتم ژنتیک در حالات مختلف این مقادیر و با ۱۰ اجرا برای هر حالت مورد بررسی قرار گرفته است. نتایج و پارامترهای آماری حاصل از این ۱۰ اجرا در جدول (۶) ارائه گردیده است. با توجه به نتایج حاصل در نهایت مقادیر ۶۰٪ برای احتمال برش ژنی و ۴۰٪ برای احتمال جهش ژنی انتخاب گردیده است. در ادامه با قرارگیری مقادیر مطلوب احتمالات برش و جهش ژنی در الگوریتم و اجرای مجدد الگوریتم با تعداد زیادتر نسل در ۱۰ اجرا نتایج حاصل گردیده است. در شکل‌های (۱۴) و (۱۵) به ترتیب نحوه تغییرات تابع هدف (روند همگرایی) مقادیر حداقل و متوسط ۱۰ اجرا بر حسب تعداد دفعات ارزیابی تابع هدف برای بار الگوریتم ژنتیک و الگوریتم HBMO ارائه شده است. همانگونه که ملاحظه می‌شود چه در مقادیر حداقل و چه در مقادیر متوسط الگوریتم HBMO مقادیر و نحوه همگرایی بهتری را ارائه می‌نماید. بدین ترتیب الگوریتم در حل این مسئله بسیار سریعتر از الگوریتم ژنتیک به سمت جواب نزدیک به بهینه همگرا می‌شود. این موضوع چه در همگرایی اولیه و چه در همگرایی نهایی در دو شکل فوق به وضوح مشخص می‌باشد.

جدول ۶. پارامترهای آماری مقادیر تابع هدف در ۱۰ بار اجرا

توسط الگوریتم ژنتیک با احتمالات مختلف

ضریب تغییرات	انحراف معیار	حداکثر	متوسط	حداقل	احتمال جهش ژنی (%)	احتمال برش ژنی (%)
-۰.۰۰۷۴۹۵	۰.۰۰۰۳۷	-۰.۰۰۴۱۸	-۰.۰۰۴۹۶	-۰.۰۰۵۳۹	۴۰	۴۰
-۰.۰۰۵۶۶۳	۰.۰۰۰۲۹	-۰.۰۰۴۵۳	-۰.۰۰۵۰۸	-۰.۰۰۵۳۳	۵۰	۴۰
-۰.۰۱۰۵۶۰	۰.۰۰۰۴۹	-۰.۰۰۳۵۹	-۰.۰۰۴۶۸	-۰.۰۰۵۲۹	۶۰	۴۰
-۰.۰۰۴۴۳۹	۰.۰۰۰۲۲	-۰.۰۰۴۶۳	-۰.۰۰۵۰۳	-۰.۰۰۵۳۱	۴۰	۶۰



۳-۴. تابع توانی مقید

دیگر مثال مورد بحث در این قسمت یک تابع بهینه سازی غیرخطی از نوع کمینه سازی و با دو متغیر تصمیم است که بصورت پیوسته تعریف شده اند. این مسئله، یک مثال مقید با دو قید است که هر یک از آنها بصورت یک رویه تعریف شده اند.

مثال مورد بحث یک مثال تک قله ای و تفکیک ناپذیر می باشد. تابع هدف، قیودات مسئله و محدوده مجاز متغیرهای تصمیم در روابط (۱۰) تا (۱۳) ارائه گردیده اند.

$$\text{Min } f_1(x_1, x_2) = (x_1^2 + x_2 - 1)^2 + (x_1 + x_2^2 - 7)^2 \quad (10)$$

S.T.:

$$g_1(x) \equiv 5.059 - x_1^2 - (x_2 - 2.5)^2 \geq 0 \quad (11)$$

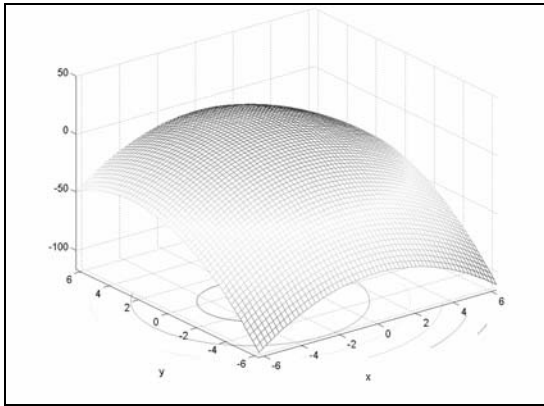
$$g_2(x) \equiv (x_1 - 0.05)^2 + (x_2 - 2.5)^2 - 4.84 \geq 0 \quad (12)$$

$$0 \leq x_1 \leq 6, \quad 0 \leq x_2 \leq 6 \quad (13)$$

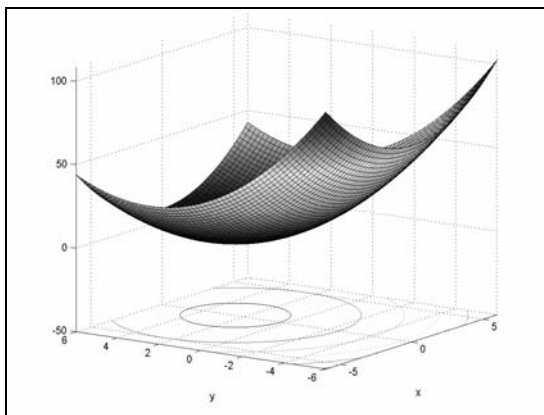
شکل رویه تابع و قیود آن نیز در شکل (۱۶) و شکل (۱۷) و شکل (۱۸) به نمایش درآمده اند. مسئله به ترتیب در شکل های (۱۷) و (۱۸) به نمایش درآمده اند.

تابع هدف نامقید  $f_1(x_1, x_2)$  دارای جواب کمینه مطلق در نقطه (۳ و ۲) و دارای مقدار تابعی برابر با صفر در این نقطه می باشد. اما با توجه به حضور قیدهای فوق جواب مذکور ناشدنی بوده و جواب بهینه در نقطه  $x^* = (2/246826, 2/381865)$  و با تابع هدفی برابر با  $f_1^* = 13/59.085$  ظاهر می شود.

محدوده شدنی جواب یک محدوده بسیار باریک و در حدود ۰/۷٪ از کل فضای جستجو را شامل می شود. جواب بهینه نیز در شرط دوم مسئله نهفته است.

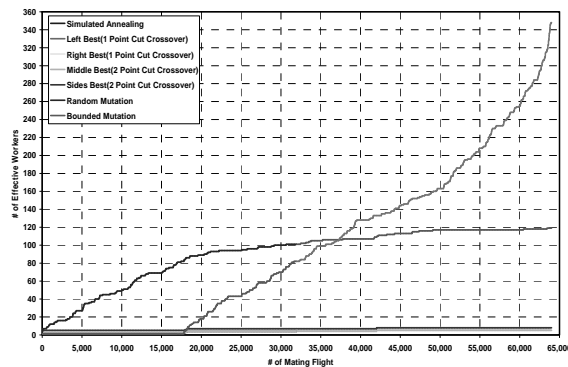


شکل ۱۷. شکل رویه قید  $g_1(x)$

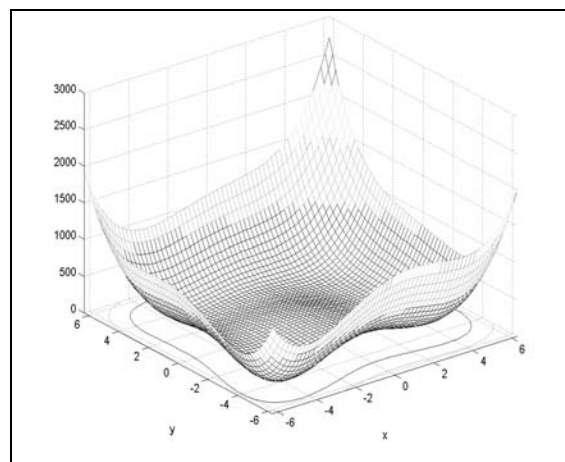


شکل ۱۸. شکل رویه قید  $g_2(x)$

با کاربرد الگوریتم HBMO میزان تغییرات تابع هدف در طول پروازهای جفت گیری در شکل (۱۹) ارائه شده است. کاهش حاصل در محدوده پرواز جفت گیری ۱۸۰۰۰ به دلیل قرار گرفتن جواب در محدوده شدنی و کاهش مقدار تابع هدف به دلیل از بین رفتن مقدار جریمه می باشد. جهت ارائه نمایشی از وضعیت و عملکرد توابع مورد استفاده در این مثال، مقدار تجمعی توابع مؤثر در طول انجام پروازهای جفت گیری در شکل (۲۰) ارائه گردیده است.



شکل ۱۹. تغییرات مقدار تابع هدف در طول پروازهای جفت گیری



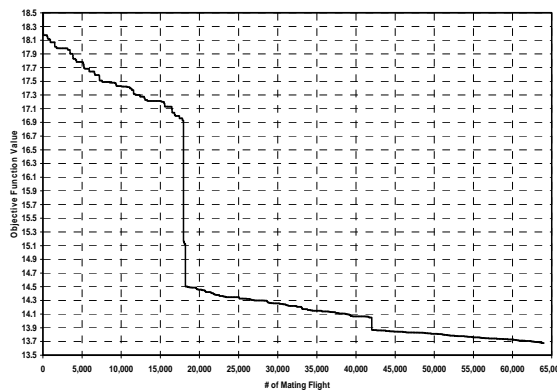
شکل ۱۶. شکل رویه تابع توانی مقید

محصور تا این لحظه بسیار کم می‌باشد اما پس از آن و با قرار گرفتن جواب بهینه در محدوده شدنی جواب عملکرد جهش تصادفی کم‌رنگ‌تر گردیده و جهش محصور با یک روند صعودی شدید به بهبود وضعیت جواب می‌پردازد.

مقدار تابع هدف حاصل از الگوریتم حاضر پس از ۶۵۰۰۰ پرواز جفت گیری برابر با ۱۳/۶۲۳۰۵ می‌باشد که حدود ۰/۲٪ با جواب بهینه اختلاف دارد.

نتایج حاصل از کاربرد الگوریتم HBMO در ۱۰ بار اجرای برنامه در جدول (۷) و نتایج آماری این ۱۰ اجرا در جدول (۸) ارائه شده است.

ملاحظه می‌گردد که مقادیر تابع هدف در هر یک از دو متغیر و پس از ۶۰۰۰ پرواز جفت‌گیری و در پایان ۱۰ اجرا دارای انحراف معیار و ضریب تغییرات کوچکی بوده و کلیه ۱۰ اجرا به نحو مناسبی به جواب بهینه همگرا گردیده‌اند به گونه ای که بهترین جواب ۱/۳٪ و بدترین جواب ۷/۶٪ با جواب بهینه اختلاف دارند.



شکل ۲۰. تعداد تجمعی موفقیت توابع در طول انجام پروازهای جفت‌گیری

ملاحظه می‌گردد که توابع نور و انواع روش‌های تولید مثل ملکه دارای تأثیرات و عملکرد بسیار ضعیفی نسبت به عملکرد کارگرها در طول پروازهای جفت‌گیری می‌باشد. شایان ذکر است که عملکرد جهش تصادفی تا حدود پرواز جفت‌گیری ۱۳۰۰۰ دارای روند صعودی مناسبی می‌باشد اما عملکرد جهش

جدول ۷. مقادیر تابع هدف و دو متغیر تصمیم در ۱۰ بار اجرا و در پایان ۸۰۰ پرواز جفت‌گیری

شماره اجرا										
۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱	
۱۳.۷۷۱۹۵۴۹	۱۳.۹۸۱۵۷۷۹	۱۴.۱۸۷۴۳۳۳	۱۳.۹۰۸۲۸۶۱	۱۳.۹۹۷۳۴۳۶	۱۳.۸۶۷۰۲۸۵	۱۴.۶۲۲۶۳۹۰	۱۴.۳۶۵۳۰۱۶	۱۴.۴۲۳۴۴۱۵	۱۴.۳۴۹۶۳۰۵	تابع هدف
۲.۲۴۱۶۳۷۲	۲.۲۳۸۳۰۰۰	۲.۲۳۵۵۳۶۰	۲.۲۳۹۳۹۷۹	۲.۲۳۸۱۱۰۲	۲.۲۴۰۰۴۱۵	۲.۲۳۰۱۹۱۳	۲.۲۳۳۲۴۰۰	۲.۲۳۲۴۷۵۹	۲.۲۳۴۴۵۷۱	متغیر اول
۲.۳۰۷۳۲۷۲	۲.۲۷۲۶۰۰۰	۲.۲۴۶۲۷۶۰	۲.۲۸۳۲۹۸۱	۲.۲۷۰۰۹۳۸	۲.۲۸۹۹۳۵۵	۲.۲۰۳۲۲۱۸	۲.۲۲۷۵۰۰۰	۲.۲۲۰۳۹۷۳	۲.۲۲۸۹۵۱۷	متغیر دوم
۱۳/۶۲۳۰۵					مقدار تابع هدف پس از ۶۵۰۰۰ پرواز جفت‌گیری					

جدول ۸. پارامترهای آماری تابع هدف و دو متغیر تصمیم در ۱۰ بار اجرا و در پایان ۸۰۰ پرواز جفت‌گیری

ضریب تغییرات	انحراف معیار	متوسط	بیشینه	کمینه	
۰.۰۲۰۰۵۱۳۳۹۲	۰.۲۸۳۶۹۵۸۴۵۵	۱۴.۱۴۸۴۷۳۷	۱۴.۶۲۲۶۳۹۰	۱۳.۷۷۱۹۵۴۹	تابع هدف
۰.۰۰۱۶۹۴۸۹۹۹	۰.۰۰۳۷۹۰۲۰۰۸	۲.۲۳۶۲۳۸۷	۲.۲۴۱۶۳۷۲	۲.۲۳۰۱۹۱۳	متغیر اول
۰.۰۱۵۲۸۰۹۷۵۸	۰.۰۳۴۴۵۷۹۹۱۲	۲.۲۵۴۹۶۰۱	۲.۳۰۷۳۲۷۲	۲.۲۰۳۲۲۱۸	متغیر دوم

۱۰ اجرا بر حسب تعداد دفعات ارزیابی تابع هدف برای بار الگوریتم ژنتیک و الگوریتم HBMO ارائه شده است. همانگونه که ملاحظه می‌شود چه در مقادیر حداقل و چه در مقادیر متوسط، در ابتدای حل که احتمال عدم ارضای قیود وجود دارد، الگوریتم HBMO جوابهای ضعیف‌تری را نسبت به الگوریتم ژنتیک نشان می‌دهد. اما با پیشرفت روند حل و قرار گرفتن جواب در محدوده‌شدنی، الگوریتم HBMO به سرعت به جواب بهینه نزدیک شده و از جواب حاصل از GA سبقت می‌گیرد.

در این مسئله نیز الگوریتم ژنتیک در حالات مختلف این مقادیر و با ۱۰ اجرا برای هر حالت مورد بررسی قرار گرفته است. نتایج و پارامترهای آماری حاصل از این ۱۰ اجرا در جدول (۹) ارائه گردیده است. با توجه به نتایج حاصل در نهایت مقادیر ۰/۴٪ برای احتمال برش ژنی و ۰/۶٪ برای احتمال جهش ژنی انتخاب گردیده است. در ادامه با قرارگیری مقادیر مطلوب احتمالات برش و جهش ژنی در الگوریتم و اجرای مجدد الگوریتم با تعداد زیادتر نسل در ۱۰ اجرا نتایج حاصل گردیده است. در شکل‌های (۲۱) و (۲۲) به ترتیب نحوه تغییرات تابع هدف (روند همگرایی) مقادیر حداقل و متوسط

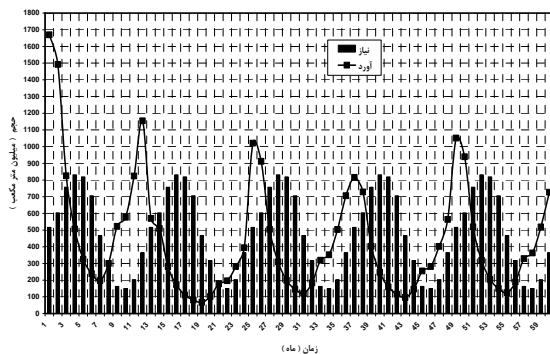
۵. کاربرد الگوریتم در مسئله بهره برداری بهینه بلند مدت

از سد با هدف کشاورزی و با متغیرهای تصمیم گسسته

در این بخش بهره برداری بهینه از سد دز در جنوب غربی ایران که در سال ۱۳۴۱ مورد بهره برداری قرار گرفته است، مدنظر قرار گرفته شده است. میزان آبدهی ۶۰ ماهه رودخانه در محل این سد به همراه میزان متوسط نیاز کشاورزی ماهانه پائین دست سد در شکل (۲۳) ارائه شده است. میزان متوسط افت خالص ماهانه (تبخیر منهای بارش) نیز در شکل (۲۴) ارائه گردیده است.

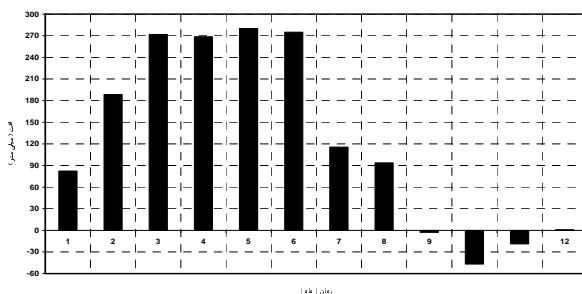
جریان سالانه وارد به مخزن برابر با ۵۹۰۰ میلیون متر مکعب و متوسط نیاز سالانه پائین دست برابر با ۵۳۰۳ میلیون متر مکعب تخمین زده می شود. حجم حداقل سد (حجم مرده آن) برابر با ۸۳۰ MCM و حجم حداکثر مخزن نیز برابر با ۳۳۴۰ MCM در نظر گرفته شده است. جهت ارائه رابطه ای بین حجم و سطح مخزن یک رابطه خطی به شکل رابطه (۱۴) در نظر گرفته شده که قابلیت تبدیل حجم مخزن به سطح مخزن متناظر به آن را در محدوده بین سطوح و احجام حداقل تا حداکثر مخزن دارا می باشد.

$$A_t = 11.291 + 0.0157 * S_t \quad (14)$$



شکل ۲۳. جریان ماهانه ورودی به مخزن و نیاز متوسط

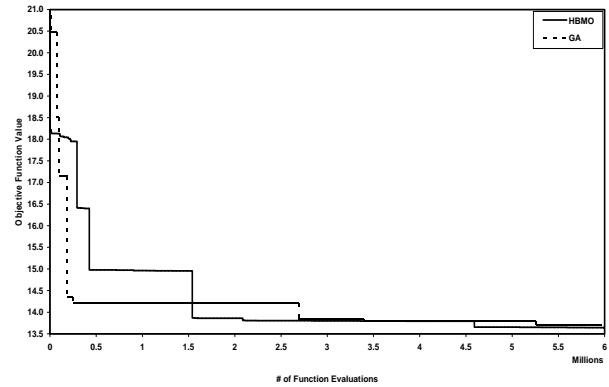
ماهانه متوسط



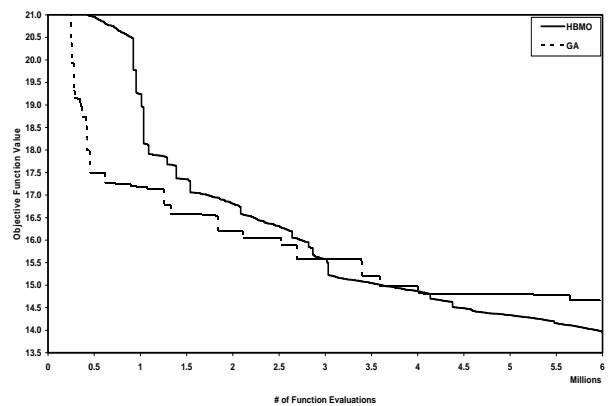
شکل ۲۴. میزان متوسط افت خالص ماهانه

(تبخیر منهای بارش)

در این بخش مسئله بهره برداری بهینه از مخزن سد دز در ۶۰ پروید زمانی و با ۶۰ متغیر تصمیم گسسته مورد ارزیابی قرار گرفته است.



شکل ۲۱. تغییرات حداقل مقدار تابع هدف در ۱۰ بار اجرا و در طول تعداد دفعات ارزیابی تابع



شکل ۲۲. تغییرات متوسط مقدار تابع هدف در ۱۰ بار اجرا و در طول تعداد دفعات ارزیابی تابع

جدول ۹. پارامترهای آماری مقادیر تابع هدف در ۱۰ بار اجرا

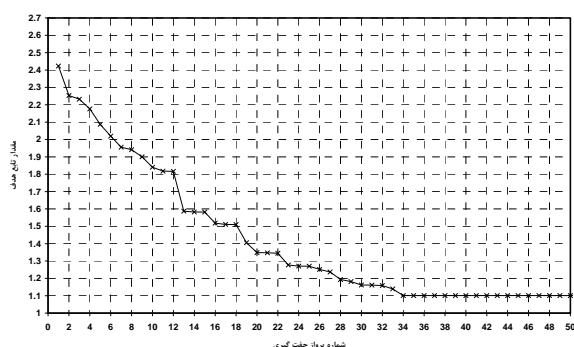
توسط الگوریتم ژنتیک با احتمالات مختلف

تاریخ تغییرات	تعداد معیار	حداکثر	متوسط	حداقل	ژنی احتمال جهش ((1))	ژنی احتمال بروز ((1))
۰.۲۴۵	۵.۶۵۷	۳۳.۶۰۵	۲۳.۱۳۲	۱۸.۱۳۰	۴۰	۴۰
۰.۲۱۱	۵.۳۳۳	۳۵.۱۷۷	۲۵.۲۴۶	۱۸.۹۲۰	۵۰	۴۰
۰.۱۵۴	۲.۸۵۰	۲۲.۴۶۸	۱۸.۵۴۳	۱۴.۵۰۸	۶۰	۴۰
۰.۲۹۷	۷.۵۴۷	۳۶.۲۶۷	۲۵.۴۱۶	۱۴.۳۳۴	۴۰	۶۰
۰.۲۷۸	۵.۶۱۰	۳۳.۴۸۸	۲۰.۲۰۲	۱۴.۱۹۸	۵۰	۶۰
۰.۱۴۸	۲.۹۶۸	۲۴.۲۴۹	۲۰.۰۴۲	۱۵.۷۹۸	۶۰	۶۰
۰.۲۰۸	۵.۶۸۱	۳۵.۵۲۸	۲۷.۲۸۷	۲۰.۰۱۰	۴۰	۸۰
۰.۱۹۳	۴.۷۰۰	۳۲.۵۱۵	۲۴.۲۹۰	۱۶.۱۹۵	۵۰	۸۰
۰.۲۱۱	۴.۱۵۷	۲۵.۰۲۳	۱۹.۷۰۲	۱۳.۸۲۸	۶۰	۸۰

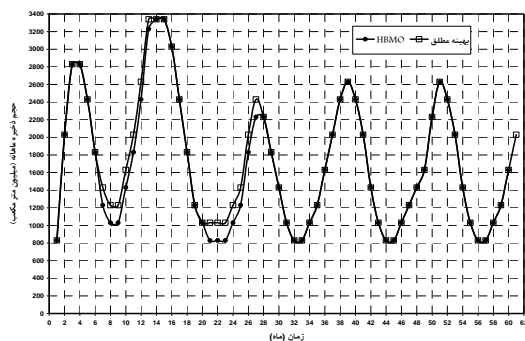
تابع هدف در طول انجام پروازهای جفت‌گیری در بهترین ۱۰ اجرا در شکل (۲۵) ارائه گردیده است.

همگرایی سریع و میزان نزدیکی به حل بهینه مطلق و تامین نیاز مطلوب در هر دوره از جمله مواردی است که توفیق مدل را در دیگر مسائل طراحی و مدیریت منابع آب نوید می‌دهد.

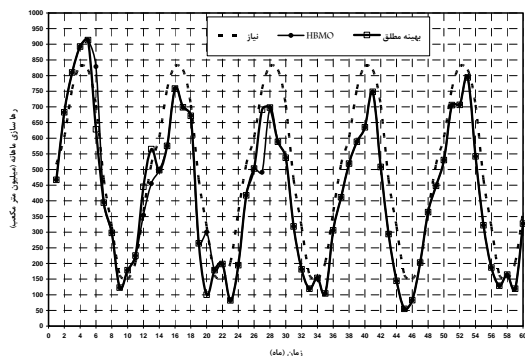
نتایج خروجی مدل و نیز مقدار بهینه مطلق حاصل از حل مسئله به روش DP برای حجم ذخیره مخزن در هر پریود زمانی در شکل (۲۶) و نمایش داده شده است. در شکل (۲۷) نیز میزان رهاسازی ماهانه از مخزن توسط الگوریتم HBMO پس از ۵۰ پرواز جفت‌گیری و نتایج بهینه مطلق حل مسئله به همراه نیاز ماهانه در هر دوره موجود می‌باشد.



شکل ۲۵. نحوه تغییرات تابع هدف در طول انجام پروازهای جفت‌گیری در بهترین ۱۰ اجرا



شکل ۲۶. تغییرات حجم مخزن در هر پریود زمانی



شکل ۲۷. تغییرات میزان رهاسازی از مخزن در هر پریود زمانی

هدف در این مسئله کمینه‌سازی مجموع مجذور تفاضل رهاسازی از نیاز ماهانه در کل دوره است. (رابطه (۱۵))

$$Min \ TSD = \sum_{t=1}^m (R_{(t)} - D_{(t)})^2 \quad (15)$$

که در آن TDS، مجموع مجذور تفاضل رهاسازی ماهانه  $R_{(t)}$  از نیاز  $D_{(t)}$  در دوره  $t$  است. در این مثال حجم فعال مخزن (۲۵۱۰ میلیون متر مکعب) بطور نسبتاً یکنواخت به ۱۴ کلاس تقسیم شده است. بدین ترتیب فضای تصمیم از  $61^{14}$  حالت شکل گرفته است. با توجه به گسسته بودن متغیرهای تصمیم در اینگونه موارد استفاده از برنامه‌ریزی پویا (DP) بسیار مطلوب بوده و کاربرد مدل‌های DP می‌تواند ما را به سمت جواب بهینه مطلق هدایت نماید. مقدار تابع هدف نهایی حاصل از حل این مسئله به مدل DP برابر با ۱/۰۷ می‌باشد. اما در اولین گام عملی استفاده از الگوریتم بهینه‌یابی جفت‌گیری زنبور عسل سعی می‌گردد تا قابلیت استفاده از این الگوریتم در حل این‌گونه مسائل نیز مورد آزمون قرار گیرد. با کاربرد الگوریتم HBMO در مسئله فوق و در ۱۰ بار اجرای برنامه، نتایج حاصل برای تابع هدف پس از ۵۰ بار انجام پرواز جفت‌گیری در جدول (۱۰) و پارامترهای آماری این مقادیر در جدول (۱۱) به نمایش در آمده است.

جدول ۱۰. مقادیر تابع هدف در ۱۰ بار اجرای برنامه و در پایان ۵۰ پرواز جفت‌گیری

تابع هدف	شماره اجرا									
	۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱
	۱/۳۲	۱/۳۴	۱/۳۴	۱/۳۷	۱/۲۸	۱/۳۴	۱/۴۳	۱/۱۰	۱/۲۴	۱/۳۴

جدول ۱۱. پارامترهای آماری تابع هدف در ۱۰ بار اجرای برنامه و

در پایان ۵۰ پرواز جفت‌گیری

ضریب تغییرات	انحراف معیار	متوسط	بیشینه	کمینه	تابع هدف
۰/۰۸۴	۰/۱۱	۱/۲۶	۱/۴۳	۱/۱۰	

همانگونه که ملاحظه می‌گردد بهترین مقدار تابع هدف حاصل در پایان این ۱۰ اجرا برابر با ۱/۱ می‌باشد. باید توجه داشت که بهینه مطلق TSD از نیاز مطلوب کمتر از ۳٪ با بهترین نتیجه حاصل از حل مسئله توسط الگوریتم HBMO اختلاف دارد. همچنین نحوه تغییرات

## ۶. جمع بندی و نتیجه گیری

با توجه به گوناگونی مسائل بهینه سازی اعم از تک هدفی یا چند هدفی، مقید یا نامقید، فضای جواب شدنی مقعر و یا محدب، توابع هدف قابل یا غیر قابل جداسازی، متغیرهای پیوسته یا گسسته و ...، لازم است در توسعه هر الگوریتم و به خصوص در مراحل مقدماتی آن، چگونگی عملکرد و صحت الگوریتم در اکثر موارد فوق الذکر مورد ارزیابی و تأیید قرار گیرد. ذکر این نکته ضروری است که با توجه به نوپا بودن الگوریتم حاضر، امکان دستیابی به مقادیر بهتر معیارهای مذکور در آینده و با توسعه بیشتر الگوریتم دور از دسترس به نظر نمی رسد. گرچه نتایج حاضر نیز نشان از قابلیت های بالقوه الگوریتم داشته و تلاش در جهت توسعه آنرا نمایان می سازد. تاکنون مطالعات اندکی جهت کاربرد رفتار زنبورهای عسل در دنیای واقعی بهینه سازی صورت گرفته است. در این مقاله فرآیند جفت گیری و جفت گیری زنبورهای عسل به عنوان یک الگوریتم بهینه سازی مدنظر قرار گرفته است و کاربرد این الگوریتم در چند مثال پایه بهینه سازی ریاضی مقید و یا نامقید به شدت غیر خطی و با انواع پیچیدگیهای موجود ارائه گردیده است تا کارایی این الگوریتم در حل مثال های بهینه سازی پیچیده ریاضی با انواع پیچیدگی های موجود مورد توجه قرار گیرد. نتایج حاصل از حل این مثال ها، گویای قابل قیاس بودن این الگوریتم با روشهای دیگر من جمله الگوریتم ژنتیک توسعه یافته می باشد. همچنین کارایی مدل مذکور در حل مسائل موجود در مهندسی آب از قبیل مسئله بهره برداری از مخازن سدها نیز آزمایش گردیده است. این نتایج نیز بسیار رضایت بخش می باشد. در مجموع نتایج بدست آمده از حل مسائل مختلف توسط الگوریتم حاضر و مقایسه آن با نتایج حاصل از الگوریتم ژنتیک و روش برنامه ریزی پویا، نشان دهنده قابلیت بالای مدل جهت مطالعات بیشتر و کاربرد آن در دیگر مسائل بهینه سازی می باشد.

## مراجع

- [6] Brasil, L.M., de Azevdo, F.M., Barreto, J.M., Noirhomme, M., "Training Algorithm for Neuro-Fuzzy-GA Systems" In Proc. 16<sup>th</sup> IASTED International Conference on Applied Informatics, AI'98, Garmisch-Partenkirchen, Germany, 1998, PP. 45-47.
- [7] Dorigo, M., "Optimization, Learning and Natural Algorithms" Ph.D. Thesis, Politecnico di Milano, Milan, Italy, 1992.
- [8] Dorigo, M., Maniezzo, V., Colorni, A., "The Ant System: Optimization by a Colony of Cooperating Ants." IEEE Trans. Syst. Man. Cybern., 26, 1996, PP. 29-42.
- [9] Dorigo, M., Di Caro, G., "The Ant Colony Optimization Met Heuristic." New ideas in optimization, D. Corne, M. Dorigo, and F. Glover, eds., McGraw-Hill Publishing Company, Maidenhead, London, 1999, PP.11-32.
- [10] Dorigo, M., Bonabeau, E., Theraulaz, G., "Ant Algorithms and Stigmergy." Future Generation Computer Systems, 16, 2000, PP. 851-871.
- [11] Abbaspour, K.C., Schulin, R., van Genuchten, M.T., "Estimating Unsaturated Soil Hydraulic Parameters Using Ant Colony Optimization." Adv. Water Resour., 24(8), 2001, PP. 827-933.
- [12] Simpson, A.R., Maier, H.R., Foong, W.K., Phang, K.Y., Seah, H.Y., Tan, C.L., "Selection of Parameters for Ant Colony Optimization Applied to the Optimal Design of Water Distribution Systems." Proc., Int. Congress on Modeling and Simulation, Canberra, Australia, 2001, PP. 1931-1936.
- [13] Jalali, M.R., Afshar, A., Marino, M.A., "Optimum Reservoir Operation by Ant Colony Optimization Algorithms" Iranian Journal of Science and Technology, Shiraz, Iran, In Press, 2005.
- [14] Rinderer, T.E., Collins A.M., "Behavioral Genetics." In T.E. Rinderer, editor, Bee Genetics and Breeding, Academic Press Inc, 1986, PP.155-176.
- [15] Perez-Urbe, A., Hirsbrunner, B., "Learning and Foraging in Robot-Bees." SAB2000 Proceedings Supplement Book, Meyer, Berthoz, Floreano, Roitblat and Wilson (Eds.), Published by International Society for Adaptive Behavior, Honolulu, 2000, PP.185-194.
- [16] Abbass, H.A., "Marriage in Honey Bees Optimization (MBO): A Haplometrosis Polygynous Swarming Approach." The Congress on Evolutionary Computation, CEC2001, Seoul, Korea, May 2001, PP. 207-214.
- [17] Abbass, H.A., "A Monogenous MBO Approach to Satisfiability." The International Conference on Computational Intelligence for Modelling, Control and Automation CIMCA'2001, Los Vegas, USA.
- [18] Bozorg Haddad, O., Afshar, A., "MBO (Marriage Bees Optimization), A New Heuristic Approach in Hydro systems Design and Operation.", Proceeding of 1st International Conference On Managing Rivers In The 21st Century: Issues and Challenges , Penang, Malaysia, 21-23 Sep. 2004, PP. 499-504.
- [19] Bozorg Haddad, O., Afshar, A., Adams, B.J., "H.B.M.O. (Honey Bees Mating Optimization) Algorithm, A New
- [1] Esat, V., Hall, M.J., "Water Resources System Optimization Using Genetic Algorithms." Hydroinformatics' 94, Proc., 1st Int. Conf. on Hydroinformatics, Balkema, Rotterdam, The Netherlands, 1994, PP. 225-231.
- [2] Gen, M., Cheng, R., "Genetic Algorithm and Engineering Design.", John Wiley and Sons, 1997.
- [3] Wardlaw, R., Sharif, M., "Evaluation of Genetic Algorithms for Optimal Reservoir System Operation." J. Water Res. Plng. and Mgmt., ASCE, 125(1), 1999, PP. 25-33.
- [4] Goldberg, D.E., Deb, K., Horn, J., "Massive Multimodality, Deception, and Genetic Algorithms." In R. Manner and B. Manderick (Eds.), Parallel Problem Solving from Nature, Elsevier: Amesterdam, 2, 1992, PP. 37-46.
- [5] Jaskiewicz, A., "Multiple Objective Metaheuristic Algorithms for Combinatorial Optimization.", Habilitation Thesis, 360, Poznan University of Technology, Poznan, 2001.

*Heuristic Approach in Reservoir Optimum Operation*", Proceeding of the First International Conference on Modeling, Simulation and Applied Optimization, Sharjah, U.A.E., 1-3 Feb, 2005.

- [20] Bozorg Haddad, O., Afshar, A., Mariño, M.A., "*Honey Bees Mating Optimization Algorithm (HBMO); A new Heuristic Approach for Engineering Optimization.*", Proceeding of the First International Conference on Modeling, Simulation and Applied Optimization, Sharjah, U.A.E., 1-3 Feb, 2005.
- [21] Bozorg Haddad, O., Afshar, A., Mariño, M.A., "*Multi-Reservoir Operation Optimization with Honey Bees Mating Optimization (HBMO) Algorithm.*", Proceeding of the First International Conference on Modeling, Simulation and Applied Optimization, Sharjah, U.A.E., 1-3 Feb, 2005.
- [22] Bozorg Haddad, *HBMO (Honey Bees Mating Optimization) Algorithm for Hydrosystems Optimization.*" Ph.D. Dissertation, IRAN university of Science and Technology, Civil Engineering Department, Tehran, Iran, 1992.
- [23] Moritz, R.F.A., Southwick, E.E., "*Bees as Super Organisms.*" Berlin, Springer Verlag, 1992.
- [24] Laidlaw, H.H., Page, R.E., "*Mating Designs.*" In T.E. Rinderer, editor, *Bee Genetics and Breeding*, Academic Press Inc., 1986, PP.323–341.
- [25] Page, R.E., "*The Evolution of Multiple Mating Behavior by Honey Bee Queens (Apis Mellifera L.).*" *Journal of Genetics*, 96, 1980, PP.263-273.