نهمین کنفرانس سالانه انجمن کامپیوتر ایران
دانشگاه صنعتی شریف
۳۰-۲۸ بهمن ماه ۱۳۸۲

الگوریتمهای ژنتیکی برای حل مسئله تخصیص کانال در شبکه‌های موبایل سلولی

حسین رجبعلی‌پور محمدرضا میبدی

آزمایشگاه سیستم های نرم افزاری
دانشکده مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات
دانشگاه صنعتی امیرکبیر
تهران ایران

چکیده

در سالهای اخیر، تحقیقات درباره مسئله تخصیص کانال در شبکه‌های موبایل سلولی رشد چشمگیری داشته است. علت اصلی این رشد پیاده‌سازی وسیع شبکه‌های مخابراتی بی‌سیم و ارتباطات ماهواره‌ای می‌باشد. یکی از مسایل مهم در شبکه های موبایل سلولی مساله تخصیص کانال می‌باشد. در این مقاله در ابتدا یک الگوریتم ژنتیکی جدید برای حل مساله تخصیص کانال در شبکه های موبایل سلولی پیشنهاد می‌شود که دارای عملکرد بهتری از نظر تعداد تکرارها نسبت به الگوریتم‌های ژنتیکی کلاسیک می‌باشد. سپس با ترکیب این الگوریتم و مدل اتوماتای‌سلولی الگوریتمی که در ان سرعت اجرای هر تکرار افزایش داده شده است ارایه میگردد. در این مقاله همچنین مکانیزمی به نام بازچینی مطرح شده است که در فواصلی مشخص به تغییر همسایگی‌ها و ایجاد آرایش جدید در سلولها می‌پردازد. مزیت استفاده ازاین مکانیزم از یک طرف کم‌نمودن احتمال انتخاب‌های اتفاقی و از طرف دیگر کاهش تعداد همگراییهای زودرس و نامطلوب در همسایگی‌ها و ایجاد فرصت‌های جدید برای افراد مناسبتر برای زاد و ولد با یکدیگر می‌باشد.

کلمات کلیدی: تخصیص کانال، شبکه‌های موبایل سلولی، الگوریتم‌های‌ژنتیکی، اتوماتان‌سلولی، فاصله همینگ

۱ – مقدمه

در یک شبکه موبایل سلولی[1]، پهنای باندی[2] که در اختیار سازمان یا شرکت خدمات موبایل گذاشته شده است، به کانال‌های[3] مجزایی تقسیم می‌شود. تمام ارتباطات رادیویی در سلول‌های شبکه(محدوده تحت پوشش یک ایستگاه[4]) با استفاده از این کانال‌ها صورت می‌گیرد. این ارتباطات رادیویی که در یک طرف ایستگاه و در طرف دیگر آن موبایل قرار دارد، دارای یک سری محدودیت‌هایی هستند

[1] Cellular Mobile Network
[2] Bandwidth
[3] Channel
[4] Station

که ناشی از محدودیت‌های الکترومغناطیس می‌باشد. به طور کلی سه محدودیت در شبکه‌های موبایل در نظر گرفته می‌شود که در ذیل به آنها اشاره می‌شود[1].

۱- محدودیت کانال‌های همکار - CCC[1]: این محدودیت باعث می‌شود که یک جفت معین از سلولها نتوانند بطور همزمان از یک فرکانس (یک کانال) استفاده کنند.

۲- محدودیت کانال‌های مجاور- ACC[2]: این محدودیت موجب می‌شود که کانال های مجاور در یک پهنای‌باند، نتوانند در یک سلول به طور همزمان مورد استفاده قرار بگیرند.

۳- محدودیت سایت‌های همکار-CSC[3]: در این محدودیت، دو کانال تخصیص داده شده به دو سلول مشخص، باید از یکدیگر فاصلهٔ لازم را داشته باشند.

هر نوع تخطی از محدودیت‌های فوق باعث ایجاد نویز و یا به عبارتی تداخل کانال[4] در سیستم می‌شود.

برای مدل کردن مسئله تخصیص کانال، مدلهای متنوعی ارائه شده‌است[12] . تعدادی از مدل‌ها با در نظر گرفتن محدودیت‌های ذکرشده فوق، به دنبال کمینه نمودن تعداد تداخل کانال در تخصیص می‌باشند و توجهی به تعداد کانال‌های مصرفی ندارند در حالیکه تعدادی دیگر از مدلها با در نظر گرفتن محدودیت‌های فوق بدنبال کمینه‌کردن تعداد کانال‌های مصرفی برای تخصیص می‌باشند. مسئله تخصیص کانال با مدل‌های نوع اول را با نام MI-FAP[5] و با مدل‌های نوع دوم را با نام Max-FAP[6] می‌شناسند. مسایل MI-FAP و Max-FAP، متعلق به گروه مسائل NP-Hard، می‌باشند و معمولا برای حل آنها از روش‌های مکاشفه‌ای[7] استفاده می‌شود. برای حل Max-FAP اغلب از روش‌های جستجوی درختی[8] [14]، برنامه‌ریزی عددصحیح[9] [15]، حریصانه[10] [16] و سردشدن‌فلزات شبیه‌سازی‌شده[11] [17] استفاده شده‌است. برای حل MI-FAP، علاوه بر روش‌های فوق از الگوریتم‌های ژنتیکی نیز استفاده شده‌است [2-10].

الگوریتم‌های ژنتیکی برای حل MI-FAP، با اعمال یک سری عملیات ژنتیکی و استفاده از یک تابع ارزش، به دنبال پیدا نمودن جواب بهینه مسئله می‌باشند[13]. معمولا این تابع ارزش با توجه به مقدار خطای موجود در تخصیص، که ناشی از تعداد تداخل کانال‌ها می‌باشد، تعریف می‌شود. به علت پیچیدگی مسئله تخصیص کانال، معمولا توابع ارزش گزارش شده[2-10]، چه آنهایی که با تعداد تداخل کانال رابطه عکس دارند و چه آنهایی که با تعداد کانال آزاد رابطه مستقیم دارند، بطورکامل تمام خصوصیات مسئله تخصیص کانال را در نظر نمی‌گیرند. این خصوصیات نادیده‌گرفته‌شده که در نمایش باینری رشته‌های تخصیص مستطر میباشند، می‌توانند در تعریف دقیق‌تر تابع ارزش بکار گرفته شوند. راه‌حلی که در این مقاله برای رفع این مشکل ارائه شده‌است این استکه که الگوریتم پس از انتخاب یک رشته برای انتخاب یک جفت مناسب برای ترکیب با این رشته، تنها ملاکش برای انتخاب، ارزش رشته کاندیدا نباشد بلکه علاوه بر آن میزان شباهتی که دو رشته به یکدیگر دارند نیز مورد توجه قرار گیرد در این مقاله، دو ارزش برای یک رشته در نظر گرفته می‌شود: ۱- ارزش محض که به تابع هزینه و خطا بستگی دارد [2-10]. ۲- ارزش نسبی، که بیانگر میزان تشابه یک رشته با رشته دیگر می‌باشد. این تابع ارزش که با نام تابع ارزش نسبی معرفی شده است هم ارزش محض و هم ارزش نسبی در انتخاب آن در نظر گرفته شده‌است. الگوریتم پیشنهادی بدلیل سربار محاسباتی بالا دارای سرعت پایینی می‌باشد. برای افزایش سرعت یک الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر اتوماتای سلولی نیز پیشنهاد شده است که دارای کارایی بالاتری می‌باشد.

---

[1] Co Channel Constrain
[2] Adjacent Channel Constrain
[3] Co Site Constrain
[4] Interference
[5] Minimum Interference Frequency Assignment Problem
[6] Maximum Service Frequency Assignment Problem
[7] Heuristic Method
[8] Tree Search
[9] Integer Programming
[10] Greedy
[11] Simulated Annealing

ادامه مقاله بصورت زیر سازماندهی شده است. در بخش ۲ مسئله تخصیص کانال شرح داده شده است. بخش ۳ به شرح مختصری در باره الگوریتمهای ژنتیکی میپردازد. الگوریتمهای ژنتیکی پیشنهادی برای حل مساله تخصیص کانال در بخش ۴ و الگوریتم ترکیبی و همچنین نتایج شبیه سازی در بخش ۵ آمده است. بخش پایانی نتیجه گیری میباشد.

۲- مسئله MI-FAP

در مساله MI-FAP ، هدف پیداکردن تخصیصی است که دارای کمترین تداخل کانال باشد. تابع ارزش یک تخصیص مانند f می‌تواند، در الگوریتم ژنتیکی، بصورت فرمول ۲، تعریف شود که وابسته به تابعی به نام تابع هزینه[1] یا انرژی[2] برای تخصیص f(فرمول ۱) می‌باشد. مقدار این تابع نشان‌دهنده تعداد تداخل کانال موجود در تخصیص f می‌باشد. جواب‌ها ، رشته‌ها درجمعیت برای مسئله تخصیص می توانند به دو فرم دودویی [9,6] و یا دهدهی[7,10]، نمایش داده شوند. به این رشته‌ها، رشته‌های تخصیص گفته میشود. در این مقاله از فرم دودویی برای نمایش رشته‌های تخصیص استفاده شده‌است و هر رشته تخصیص بصورت یک ماتریس دودویی بیان می‌شود.

فرض کنید، n تعداد ایستگاه‌های شبکه موبایل(که از ۱ تا n شماره‌گذاری‌شده‌اند) و m تعداد کانال‌های موجود(که از ۱ تا m شماره‌گذاری شده‌اند) و ماتریس f بیانگر یک تخصیص باشد بطوریکه، f_{ip} یک مقدار دودویی و نشان‌دهنده تخصیص یا عدم تخصیص کانال i به ایستگاه p باشد و مقدار C_{pq} ، بیانگر مقدار فاصله لازم بین شمار کانال‌های تخصیص داده شده بین دو ایستگاه p و q ، برای رعایت کردن محدودیت‌های ذکر شده در قسمت ۱ (CCC، ACC و CSC)، باشد و نیز d_p ، تعداد کانال‌های مورد تقاضای ایستگاه p و $E^f{}_{ijpq}$ نشان‌دهنده داشتن تداخل یا عدم تداخل در ماتریس تخصیص fبرای تخصیص کانال i به ایستگاه p و کانال j به ایستگاه q باشد، آنگاه:

$$\text{بطوریکه}: \quad \forall x \in \{1,\ldots,n\} \quad \sum_{i=1}^{m} f_{ix} = d_x$$

و

$$\forall i,j \in \{1,\ldots,m\} \ \text{و} \ p,q \in \{1,\ldots,n\}$$

$$\text{اگر} \quad |i-j| < C_{pq} \ \text{و} \ f_{ip} = f_{jq} = 1$$

$$\text{آنگاه} \quad E^f{}_{ijpq} = 1$$

$$\text{در غیر این صورت} \quad E^f{}_{ijpq} = 0$$

می‌توان تابع انرژی تخصیص f، $E^f{}_{CCC,ACC,CSC} = E^f$ را با توجه به محدودیت‌های CCC، ACC و CSC به صورت ذیل در نظر گرفت:

$$\forall i,j \in \{1,\ldots,n\}; p,q \in \{1,\ldots,m\}$$

$$E^f{}_{CCC,ACC,CSC} = \sum_i \sum_j \sum_p \sum_q E^f{}_{ijpq} \qquad \text{(فرمول ۱)}$$

E^f، تابع انرژی تخصیص f میباشد که باید کمینه شود. تابع ارزش یک تخصیص f، $Fitness(f)$ را می‌توان بصورت فرمول ۲، تعریف نمود.

[1] Cost Function
[2] Energy Function

$$Fitness(f) = \begin{cases} k & E^f = 0 \text{ اگر} \\ \frac{1}{E^f} & \text{در غیر این صورت} \end{cases} \quad \text{(فرمول ۲)}$$

مقدار k، مقداری دلخواه و بزرگ‌تر از تمام مقادیر $\frac{1}{E^f}$ ای E^f های مخالف صفر، میباشد.

۳- الگوریتم‌های ژنتیکی

الگوریتمهای ژنتیکی که برمبنای ایده تکامل در طبیعت عمل منماید، برروی جمعیتی از راه‌حلهای بالقوه به جستجوی راه حل نهایی می‌پردازد. در هر نسل، بهترینهای ان نسل انتخاب می‌شوند، و پس از زاد و ولد، مجموعهٔ 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[1] – جمعیت اولیه[2]- به صورت تصادفی ساخته میشود و سپس تابع هدف برای تک‌تک آنها ارزیابی می‌شود. اگر جواب قابل قبول بدست نیامده باشد 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. الگوریتم‌ژنتیکی از تعدادی عملگر استفاده می‌کند. [20]. در این مقاله به ذکر عملگرهایی که در این تحقیق مورد استفاده قرار گرفته است و در زیر آمده است بسنده می‌کنیم.

الف) انتخاب[3] : در انتخاب افرادی که نسل جدید را تولید خواهند کرد(والدها) تعیین می‌شوند. اولین قدم در این راه تعیین شایستگی تک‌تک افراد جمعیت، می‌باشد که دو روش برای آن وجود دارد : - تعیین شایستگی متناسب با تابع هدف، تعیین مقدار شایستگی متناسب با رتبهٔ فرد در جمعیت.

ب) ترکیب : عملگر ترکیب، افراد جدیدی (فرزندان) را با استفاده از اطلاعات موجود در والدین تولید می‌کند. در ترکیب تک‌نقطه‌ای، یک نقطه k در رشته طور تصادفی و یکنواخت انتخاب می‌شود. عمل ترکیب با تعویض متغیرها در دوطرف این نقطه میان دو والد صورت می‌پذیرد در ترکیب چند نقطه‌ای[4] ، m نقطه در رشته به‌طور تصادفی، بدون تکرار و به صورت صعودی انتخاب می‌شوند. سپس متغیرهای میان هر دو نقطه متوالی، یکی‌درمیان جابجا می‌شوند. اولین بخش جابجا نخواهد شد[19].

جهش[5]: پس از ایجاد هر فرزند، امکان جهش برروی ژنهای آن وجود دارد، بدین صورت که متغیرهای رشته با احتمال کمی دچار تغییرات کوچکی می‌شوند. احتمال جهش در هر متغیر با معکوس تعداد متغیرهای موجود در هر رشته متناسب است.

جایگذاری[6] : 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.

٤- الگوریتمهای ژنتیکی و مساله تخصیص کانال

[1] Individuals
[2] Initial Population
[3] Selection
[4] Multipoint Crossover
[5] Mutation
[6] Reinsertion

این مشکل یک عملگر انتخاب جدید بنام عملگر انتخاب نسبی معرفی میگردد. عملگر انتخاب نسبی از یک تابع ارزش جدید بنام تابع ارزش نسبی که یک معیار برای انتخاب جفت مناسب می‌باشد و بصورت فرمول ۳ تعریف شده است استفاده مینماید.

$$F(String\text{-}Candid / String\text{-}for\text{-}Crossover) = \quad (۳)$$
$$a * Fitness(String\text{-}Candid) + b * F(EHamming(String\text{-}Candid , String\text{-}for\text{-}Crossover))$$

در فرمول فوق، مقدار تابع *Fitness* همچنان مانند فرمول ۲، محاسبه می‌شود و بیانگر ارزش محض یک رشته می‌باشد. تابع *EHamming* عکس مقدار فاصله همینگ دو رشته ورودی را برمی گرداند، بطوری که به ازای هر برابری در مقدار درایه‌های متناظر در دو رشته تخصیص، به مقدار این تابع یک واحد اضافه می‌شود. تابع F ، تابع دلخواهی است که برای تعدیل نمودن مقدار تابع *EHamming*، *با توجه به مساله* توسط طراح درنظر گرفته می‌شود. رشته *String-for-Crossover رشته است که با توجه به تشابه اش با رشته String-Candid برای عمل ترکیب انتخاب میشود.* مقادیر a و b مقادیر بین ۰ و ۱ هستند که تاثیر ارزش محض یک رشته و مقدار تابع *EHamming* را در تعیین تابع ارزش مشخص مینماید. در واقع در فرمول ۳، برای انتخاب یک جفت مناسب برای رشته *String-Candid*، نه تنها به ارزش محض رشته *String-Candid* توجه میشود بلکه به میزان گرایش رشته *String-Candid* به رشته جفت نیز توجه توجه شده است.

یک الگوریتم ژنتیکی که بدون در نظر گرفتن پارامتر گرایش رشته‌ها بیکدیگر، عمل انتخاب والدین را انجام می‌دهد را الگوریتم ژنتیکی کلاسیک و الگوریتم ژنتیکی که برای انتخاب والد دوم به میزان گرایش والد دومی به والد اولی توجه می کند را الگوریتم ژنتیکی همینگ می‌نامیم. مساله ای که برای آزمایش در نظر گرفته شده است یک مسئله تخصیص کانال با ۱۶ ایستگاه و ۴۸ کانال و ماتریس محدودیت(ماتریسی که بیان‌کننده حداقل اختلاف لازم مابین شماره کانال‌های تخصیص داده شده بین ایستگاه‌ها می‌باشد) و بردار تقاضا(مشخص کننده تقاضا برای هر ایستگاه می‌باشد) مطابق شکل ۳، می‌باشد. برای تابع ارزش نسبی در عملگر انتخاب نسبی، پارامترهای a=1 و b=1 و یک تابع نمائی برای مقدار F در فرمول ۳ ، در نظر گرفته شده است. الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر این عملگرانتخاب را الگوریتم ژنتیکی همینگ می‌نامیم.

ماتریس محدودیت برای مسائل شبیه‌سازی شده

شماره ایستگاه‌ها	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	3	2	1	0	2	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
2	2	3	2	1	1	2	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0
3	1	2	3	2	0	1	2	2	0	1	1	1	0	0	0	0
4	0	1	2	3	0	0	1	2	0	0	1	1	0	0	0	0
5	2	1	0	0	3	2	1	0	2	1	0	0	1	0	0	0
6	2	2	1	0	2	3	2	1	2	2	1	0	1	1	0	0
7	1	2	2	1	1	2	3	2	1	2	2	1	0	1	1	1
8	0	1	2	2	0	1	2	3	0	1	2	2	0	0	1	1
9	1	1	0	0	2	2	1	0	3	2	1	0	2	2	1	0
10	0	1	1	0	1	2	2	1	2	3	2	1	1	2	2	1
11	0	1	1	1	0	1	2	2	1	2	3	2	0	1	2	2
12	0	0	1	1	0	0	1	2	0	1	2	3	0	0	1	2
13	0	0	0	0	1	1	0	0	2	1	0	0	3	2	1	0
14	0	0	0	0	0	1	1	0	2	2	1	0	2	3	2	1
15	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	1	1	2	3	2
16	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	2	2	0	1	2	3

بردار تقاضای کانال

شماره ایستگاه	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
تعداد کانال درخواستی	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4

شکل ۳- ماتریس محدودیت و بردارهای تقاضا برای مسئله شبیه‌سازی شده

با بررسی نتایج آزمایشها که در [22] آمده است این نتیجه حاصل شد که گر چه الگوریتم ژنتیکی همینگ دارای درصد خوبی در رسیدن به جواب مطلوب می باشد اما دارای سرعت بسیار پایینی برای ساخت جمعیت جدید است. برای رفع کُندی الگوریتم ژنتیکی همینگ، باید بدنبال راهی بود که تعداد محاسبات تابع همینگ کاهش داده شود. برای این منظور از ترکیب مدل اتوماتان سلولی با الگوریتمهای ژنیتکی استفاده شده است. در بخش بعدی ابتدا مدل اتوماتای سلولی و سپس الگوریتم ژنیتیکی مبتنی براتوماتای سلولی پیشنهاد شده شرح داده می‌شود.

۵ – اتوماتای سلولی و الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر اتوماتای سلولی

اتوماتای سلولی شبکه‌ای از سلولها است که هر کدام می‌تواند k حالت (وضعیت) داشته باشد. در هر سلول یک اتوماتا با حالات محدود[1] قرار دارد. در حالت یک بعدی، هر سلول دو همسایه نزدیک به خود دارد. در این حالت، وضعیت سلول i در زمان t+1 یعنی $a_i^{(t+1)}$ مطابق فرمول زیر بدست می‌آید:

$$a_i^{(t+1)} = \phi(a_{i-1}^{(t)}, a_i^{(t)}, a_{i+1}^{(t)}) \quad (٤)$$

تابع ϕ را قانون اتوماتای سلولی می‌نامیم. همسایگی در اتوماتای سلولی یک بعدی را می‌توان بگونه‌ای بسط داد که بیشتر از دو همسایه را شامل شود. متداولترین شبکه دارای توپولوژی ۲ بعدی است. چند نوع همسایگی مهم در این نوع اتوماتای سلولی عبارتند از همسایگی مور[2] و ون نیومن. در همسایگی مور برای هر سلول مرکزی هشت سلولی همسایه و در همسایگی ون نیومن، چهار سلولی همسایه در نظر گرفته می‌شود. برای اطلاعات بیشتر در باره اتوماتای سلولی میتوان به [21] مراجعه کرد.

ایده الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر اتوماتای سلولی بدین صورت است که میان افراد در جمعیت ژنتیکی و سلولها در اتوماتای سلولی تناظری برقرار می‌شود. نتیجه این خواهد بود که هر سلول دارای تعدادی ژن در قالب رشته‌های بیتی است که نمایش‌دهندهٔ 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 اتوماتا که در واقع قوانین زاد و ولد میباشند تولید می‌گردد. به این مدل هم می‌توان به دید یک اتوماتای سلولی نگریست و هم آن را یک الگوریتم ژنتیکی در نظر گرفت. جدول ۱ تناظر میان اجزای الگوریتم ژنیتکی و اتوماتای سلولی را نشان میدهد.

جدول ۱-تناظر میان اجزای GA و CA در اتوماتای سلولی ژنتیکی

اتوماتای سلولی	الگوریتم ژنتیکی
سلول	فرد جمعیت
شبکه سلولها	جمعیت یک نسل
حالت سلول	ژنها (کروموزوم)
قوانین	عملگرهای ژنتیکی
همسایگی	-

در اتوماتای سلولی مورد نظر برای مسئله تخصیص کانال، وضعیت هر سلول را، یک رشته تخصیص که در سلول قرار می‌گیرد، بیان می‌کند. در اتوماتای سلولی مذکور، هر سلول دارای ۳ حافظه می‌باشد، که یکی به عنوان حافظه اصلی و مقداری که در آن قرار خواهد گرفت بعنوان وضعیت سلول خواهد بود. این مقدار در دسترس همسایگان برای خواندن قرار خواهد گرفت. دو حافظه دیگر به عنوان حافظه موقت، برای انجام همزمان عملیات ژنتیکی منظور می‌شوند. عملگرهای ژنتیکی داخل هر سلول تعبیه می‌شود و به صورت محلی و

[1] Finite State Automaton
[2] Moore

همزمان در تمام سلول‌ها انجام خواهد گرفت. عملگر انتخاب در سلول‌ها، به صورت محلی و همزمان در تمام سلول‌ها انجام می‌شود و در هر سلول سعی در انتخاب یکی از رشته‌های همسایگان سلول می‌کند. در این انتخاب هم بمانند روش انتخاب متداول، رشته با یک احتمال متناسب با ارزش آن انتخاب خواهد شد. پس از اجرای این عملگر، رشته انتخاب‌شده و رشته موجود در خود سلول، به عملگر ترکیب در سلول تحویل می‌دهد. ویژگی جدید دیگر در الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر اتوماتای سلولی بعد از ویژگی انتخاب محلی، شرکت همیشگی تمام رشته‌ها در ایجاد جمعیت جدید ژنتیکی می‌باشد.

پس از انتخاب رشته‌ها در هر سلول، عملگر ترکیب، بطور همزمان در تمام سلول‌ها بروی آنها، صورت خواهد گرفت. در نتیجه این عمل یک یا چند فرزند ایجاد خواهد شد. این فرزندان به عملگر جهش در سلول داده می‌شوند. عملگر جهش فرزندان جهش‌یافته‌ای را ایجاد می‌کند. ویژگی بعدی که در این نوع الگوریتم‌ها وجود دارد، شانس باقی ماندن تنها یک فرزند از میان فرزندان، برای جایگزینی به جای رشته والد در سلول می‌باشد. بهمین جهت در همه سلول‌ها یک عملگر جدید بنام عملگر جایگذاری جمعیت تعبیه می‌شود تا این عملگر رشته جانشین در سلول را مشخص کند. عملگر جایگذاری جمعیت، بهترین فرزند ایجادشده را جانشین رشته والد در سلول خواهد کرد. لازم به یادآوری است که تمام عملیات ژنتیکی در سلول‌ها به صورت همزمان انجام می‌شود و عملگر جایگذاری نیز از این قاعده مستثنی نمی‌باشد.

بازچینی سلولها، در اتوماتای سلولی ژنتیکی، عملی است که نحوه قرار گیری سلولها در اتوماتای سلولی را تغییر می‌دهد. این عمل که با الگوریتمهای مختلف و با توجه به مقدار شایستگی سلولها انجام می‌شود سبب از میان رفتن همسایگی‌های قدیمی یک سلول و ایجاد همسایگی‌های جدید برای ان سلول می‌گردد. بازچینی های مجدد، پس از مراحل زمانی معین سبب کنترل بعضی خصوصیات نامناسب و جلوگیری از همگرایی زودرس همسایگی‌ها خواهد شد. علاوه بر این فرصتی استثنایی فراهم می‌آید که با بازچینی مناسب سلولها و تشکیل همسایگی‌های جدید، افرادی در مجاورت یکدیگر قرار گیرند که برای زاد و ولد بسیار مناسب هستند. چند الگوریتم بازچینی که در [18] مطرح و بر روی مسایلی مانند مساله کوله پشتی، مساله فروشنده دوره گرد و مینیمم کردن تابع آزمایش شده اند ونتایج خوبی در افزایش کارایی داشته اند عبارتند از : بازچینی سطری، بازچینی قطری ، چینش مرکزی(چینش حلزونی)، بازچینی حداکثر فاصله و بازچینی تصادفی. در این مقاله، یک بازچینی جدید که از فاصله همینگ استفاده میکند را معرفی میکنیم و از طریق این بازچینی سعی میشود کارایی الگوریتمی که در بخش قبلی ارائه شد را افزایش دهیم.

بدین منظور به جای عبارت *F(EHamming(String-Candid , String-for-Crossover))*در رابطه ۳ که زمان بسیار زیادی را برای محاسبه صرف می‌کند، از خاصیتی که در ساختاراتوماتان سلولی وجود دارد استفاده می‌شود. بدین صورت در ابتدای الگوریتم، رشته‌های تخصیص، به طریقی دراتوماتان سلولی‌چیده می‌شوندکه فاصله همینگ رشته ها در سلولهای مجاور کمینه باشد. لازم به ذکر است که این بازچینی منحصر به فرد نخواهد بود ولی این مسئله تاثیری در کارایی الگوریتم نخواهد داشت[22]. عمل بازچینی می‌تواند در حین اجرای الگوریتم بدفعات تکرار شود. تناوب انجام عمل بازچینی می‌تواند بستگی به تعداد تکرار الگوریتم و یا به تعداد بیت‌های رشته‌های تخصیص داشته باشد. هرچه تعداد بیتها و تکرارهای الگوریتم بیشتر باشند استفاده بیشتر از این نوع بازچینی توصیه می‌شود. البته باید تعداد آن با توجه به سرباری که این بازچینی برای الگوریتم خواهد داشت، تنظیم گردد.

الگوریتم‌های ژنتیکی سلولی، غیر سلولی همینگ و الگوریتم ژنتیکی کلاسیک را بروی مسئله تخصیص کانال که در بخش ۴ به آن اشاره شده است آزمایش و از نظر درصد رسیدن به جواب بهینه و سرعت اجرای الگوریتم مقایسه شدند. نتایج این آزمایش در نمودارهای ۱ و ۲ ارائه شده اند. همانطور که در نمودار ۱ مشاهده میشود، الگوریتم سلولی جدید نه تنها از لحاظ نرخ رسیدن به جواب بهینه در ۱۰۰ تکرار مختلف، از الگوریتم ژنتیکی همینگ کمتر نیست، بلکه گاهی از آن بهتر عمل می‌کند(موارد بهتر با علامت ستاره بروی میله‌ها مشخص شده است). در نمودار مقایسه زمان الگوریتم‌های مذکور(نمودار۲) مشاهده میشود که الگوریتم ژنتکی سلولی از لحاظ زمان دستیابی به جواب دارای سرعت بیشتری نسبت به دو الگوریتم دیگر میباشد

۶- نتیجه گیری

با بررسی نتایج آزمایشها که در [22] آمده است این نتیجه حاصل شد که گر چه الگوریتم ژنتیکی همینگ دارای درصد خوبی در رسیدن به جواب مطلوب می باشد اما دارای سرعت بسیار پایینی برای ساخت جمعیت جدید است. برای رفع کُندی الگوریتم ژنتیکی همینگ، باید بدنبال راهی بود که تعداد محاسبات تابع همینگ کاهش داده شود. برای این منظور از ترکیب مدل اتوماتان سلولی با الگوریتمهای ژنیتکی استفاده شده است. در بخش بعدی ابتدا مدل اتوماتای سلولی و سپس الگوریتم ژنیتیکی مبتنی براتوماتای سلولی پیشنهاد شده شرح داده می‌شود.

۵ – اتوماتای سلولی و الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر اتوماتای سلولی

اتوماتای سلولی شبکه‌ای از سلولها است که هر کدام می‌تواند k حالت (وضعیت) داشته باشد. در هر سلول یک اتوماتا با حالات محدود[1] قرار دارد. در حالت یک بعدی، هر سلول دو همسایه نزدیک به خود دارد. در این حالت، وضعیت سلول i در زمان t+1 یعنی $a_i^{(t+1)}$ مطابق فرمول زیر بدست می‌آید:

$$a_i^{(t+1)} = \phi(a_{i-1}^{(t)}, a_i^{(t)}, a_{i+1}^{(t)}) \quad (۴)$$

تابع ϕ را قانون اتوماتای سلولی می‌نامیم. همسایگی در اتوماتای سلولی یک بعدی را می‌توان بگونه‌ای بسط داد که بیشتر از دو همسایه را شامل شود. متداولترین شبکه دارای توپولوژی ۲ بعدی است. چند نوع همسایگی مهم در این نوع اتوماتای سلولی عبارتند از همسایگی مور[2] و ون نیومن. در همسایگی مور برای هر سلول مرکزی هشت سلولی همسایه و در همسایگی ون نیومن، چهار سلولی همسایه در نظر گرفته می‌شود. برای اطلاعات بیشتر در باره اتوماتای سلولی میتوان به [21] مراجعه کرد.

ایده الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر اتوماتای سلولی بدین صورت است که میان افراد در جمعیت ژنتیکی و سلولها در اتوماتای سلولی تناظری برقرار می‌شود. نتیجه این خواهد بود که هر سلول دارای تعدادی ژن در قالب رشته‌های بیتی است که نمایش‌دهندهٔ 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 اتوماتا که در واقع قوانین زاد و ولد میباشند تولید می‌گردد. به این مدل هم می‌توان به دید یک اتوماتای سلولی نگریست و هم آن را یک الگوریتم ژنتیکی در نظر گرفت. جدول ۱ تناظر میان اجزای الگوریتم ژنیتکی و اتوماتای سلولی را نشان میدهد.

جدول ۱-تناظر میان اجزای GA و CA در اتوماتای سلولی ژنتیکی

اتوماتای سلولی	الگوریتم ژنتیکی
سلول	فرد جمعیت
شبکه سلولها	جمعیت یک نسل
حالت سلول	ژنها (کروموزوم)
قوانین	عملگرهای ژنتیکی
همسایگی	-

در اتوماتای سلولی مورد نظر برای مسئله تخصیص کانال، وضعیت هر سلول را، یک رشته تخصیص که در سلول قرار می‌گیرد، بیان می‌کند. در اتوماتای سلولی مذکور، هر سلول دارای ۳ حافظه می‌باشد، که یکی به عنوان حافظه اصلی و مقداری که در آن قرار خواهد گرفت بعنوان وضعیت سلول خواهد بود. این مقدار در دسترس همسایگان برای خواندن قرار خواهد گرفت. دو حافظه دیگر به عنوان حافظه موقت، برای انجام همزمان عملیات ژنتیکی منظور می‌شوند. عملگرهای ژنتیکی داخل هر سلول تعبیه می‌شود و به صورت محلی و

[1] Finite State Automaton
[2] Moore

همزمان در تمام سلول‌ها انجام خواهد گرفت. عملگر انتخاب در سلول‌ها، به صورت محلی و همزمان در تمام سلول‌ها انجام می‌شود و در هر سلول سعی در انتخاب یکی از رشته‌های همسایگان سلول می‌کند. در این انتخاب هم بمانند روش انتخاب متداول، رشته با یک احتمال متناسب با ارزش آن انتخاب خواهد شد. پس از اجرای این عملگر، رشته انتخاب‌شده و رشته موجود در خود سلول، به عملگر ترکیب در سلول تحویل می‌دهد. ویژگی جدید دیگر در الگوریتم ژنتیکی مبتنی بر اتوماتای سلولی بعد از ویژگی انتخاب محلی، شرکت همیشگی تمام رشته‌ها در ایجاد جمعیت جدید ژنتیکی می‌باشد.

پس از انتخاب رشته‌ها در هر سلول، عملگر ترکیب، بطور همزمان در تمام سلول‌ها بروی آنها، صورت خواهد گرفت. در نتیجه این عمل یک یا چند فرزند ایجاد خواهد شد. این فرزندان به عملگر جهش در سلول داده می‌شوند. عملگر جهش فرزندان جهش‌یافته‌ای را ایجاد می‌کند. ویژگی بعدی که در این نوع الگوریتم‌ها وجود دارد، شانس باقی ماندن تنها یک فرزند از میان فرزندان، برای جایگزینی به جای رشته والد در سلول می‌باشد. بهمین جهت در همه سلول‌ها یک عملگر جدید بنام عملگر جایگذاری جمعیت تعبیه می‌شود تا این عملگر رشته جانشین در سلول را مشخص کند. عملگر جایگذاری جمعیت، بهترین فرزند ایجادشده را جانشین رشته والد در سلول خواهد کرد. لازم به یادآوری است که تمام عملیات ژنتیکی در سلول‌ها به صورت همزمان انجام می‌شود و عملگر جایگذاری نیز از این قاعده مستثنی نمی‌باشد.

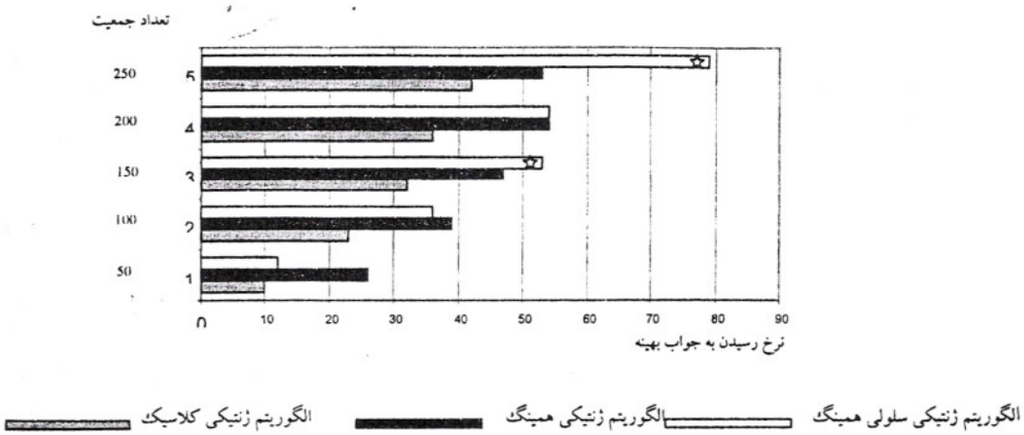
بازچینی سلولها، در اتوماتای سلولی ژنتیکی، عملی است که نحوه قرار گیری سلولها در اتوماتای سلولی را تغییر می‌دهد. این عمل که با الگوریتمهای مختلف و با توجه به مقدار شایستگی سلولها انجام می‌شود سبب از میان رفتن همسایگی‌های قدیمی یک سلول و ایجاد همسایگی‌های جدید برای ان سلول می‌گردد. بازچینی های مجدد، پس از مراحل زمانی معین سبب کنترل بعضی خصوصیات نامناسب و جلوگیری از همگرایی زودرس همسایگی‌ها خواهد شد. علاوه بر این فرصتی استثنایی فراهم می‌آید که با بازچینی مناسب سلولها و تشکیل همسایگی‌های جدید، افرادی در مجاورت یکدیگر قرار گیرند که برای زاد و ولد بسیار مناسب هستند. چند الگوریتم بازچینی که در [18] مطرح و بر روی مسایلی مانند مساله کوله پشتی، مساله فروشنده دوره گرد و مینیمم کردن تابع آزمایش شده اند ونتایج خوبی در افزایش کارایی داشته اند عبارتند از : بازچینی سطری، بازچینی قطری ، چینش مرکزی(چینش حلزونی)، بازچینی حداکثر فاصله و بازچینی تصادفی. در این مقاله، یک بازچینی جدید که از فاصله همینگ استفاده میکند را معرفی میکنیم و از طریق این بازچینی سعی میشود کارایی الگوریتمی که در بخش قبلی ارائه شد را افزایش دهیم.

بدین منظور به جای عبارت *F(EHamming(String-Candid , String-for-Crossover))*در رابطه ۳ که زمان بسیار زیادی را برای محاسبه صرف می‌کند، از خاصیتی که در ساختاراتوماتان سلولی وجود دارد استفاده می‌شود. بدین صورت در ابتدای الگوریتم، رشته‌های تخصیص، به طریقی دراتوماتان سلولی‌چیده می‌شوندکه فاصله همینگ رشته ها در سلولهای مجاور کمینه باشد. لازم به ذکر است که این بازچینی منحصر به فرد نخواهد بود ولی این مسئله تاثیری در کارایی الگوریتم نخواهد داشت[22]. عمل بازچینی می‌تواند در حین اجرای الگوریتم بدفعات تکرار شود. تناوب انجام عمل بازچینی می‌تواند بستگی به تعداد تکرار الگوریتم و یا به تعداد بیت‌های رشته‌های تخصیص داشته باشد. هرچه تعداد بیتها و تکرارهای الگوریتم بیشتر باشند استفاده بیشتر از این نوع بازچینی توصیه می‌شود. البته باید تعداد آن با توجه به سرباری که این بازچینی برای الگوریتم خواهد داشت، تنظیم گردد.

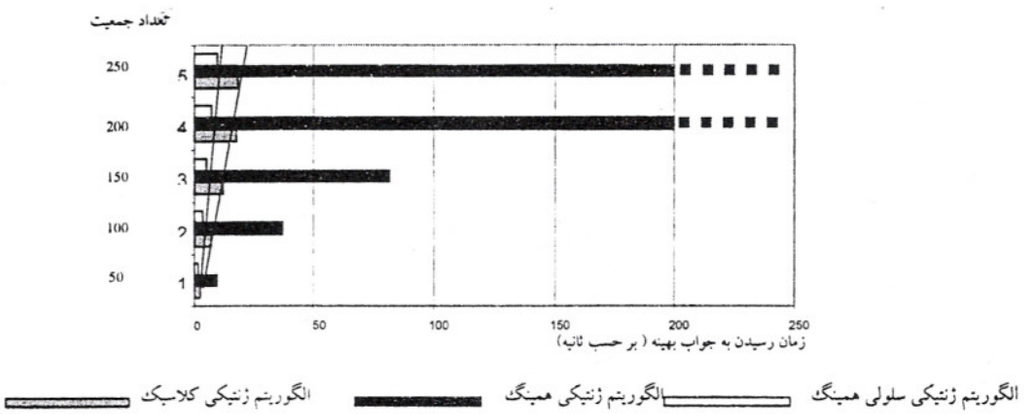
الگوریتم‌های ژنتیکی سلولی، غیر سلولی همینگ و الگوریتم ژنتیکی کلاسیک را بروی مسئله تخصیص کانال که در بخش ۴ به آن اشاره شده است آزمایش و از نظر درصد رسیدن به جواب بهینه و سرعت اجرای الگوریتم مقایسه شدند. نتایج این آزمایش در نمودارهای ۱ و ۲ ارائه شده اند. همانطور که در نمودار ۱ مشاهده میشود، الگوریتم سلولی جدید نه تنها از لحاظ نرخ رسیدن به جواب بهینه در ۱۰۰ تکرار مختلف، از الگوریتم ژنتیکی همینگ کمتر نیست، بلکه گاهی از آن بهتر عمل می‌کند(موارد بهتر با علامت ستاره بروی میله‌ها مشخص شده است). در نمودار مقایسه زمان الگوریتم‌های مذکور(نمودار۲) مشاهده میشود که الگوریتم ژنیتکی سلولی از لحاظ زمان دستیابی به جواب دارای سرعت بیشتری نسبت به دو الگوریتم دیگر میباشد

۶- نتیجه گیری

در این مقاله در ابتدا با استفاده از ایده گرایش دو رشته در الگوریتمهای ژنتیکی یک الگوریتم ژنتیکی جدید برای حل مسئله تخصیص کانال در شبکه‌های موبایل سلولی پیشنهاد گردید. این الگوریتم در مقایسه با الگوریتم‌های کلاسیک ژنتیکی گزارش شده دارای کارایی بالاتری در رسیدن به جواب می باشد. سپس با ترکیب مدل اتوماتای‌سلولی والگوریتم ژنتیکی پیشنهادی یک الگوریتم ژنتیکی که دارای سرعت بالاتری نسبت به الگوریتم پیشنهادی میباشد ارایه گردید.



نمودار ۳- مقایسه الگوریتم ژنتیکی معمولی ، همینگ و سلولی همینگ



نمودار ۴- مقایسه زمان الگوریتم ژنتیکی معمولی ، همینگ و سلولی همینگ

مراجع

[1] I. Katzela and M. Naghshineh, "*Channel assignment achemes for cellular mobile telecommunication systems: A comprehensive survey*", IEEE Personal Communications, June 1996.

[2] I. Katzela and M. Naghshineh, "*A new strategy for the application of genetic algorithms to the channel-assignment problem*", IEEE Transactions on Vehicular Technology 48 (1999), no. 4, 1261-1269.

[3] C. Crisan and H. MÄuhlenbein, "*The breeder genetic algorithm for frequency assignment*", Lecture Notes in Computer Science 1498, 1998, pp. 897-906.

[4] W. Crompton, S. Hurley, and N.M. Stephens, "*A parallel genetic algorithm for frequency assignment problems*", Proceedings IMACS/IEEEInt. Symp. on Signal Processing, Robotics and Neural Networks, Lille, France, April 1994, pp. 81-84.
[4] M. Cuppini, *"A genetic algorithm for channel assignment problems*", European Transactions on telecommunications and related technologies 5, 1994, pp. 285-294.
[5] F. J. Jaimes-Romero, D. Munoz-Rodriguez, and S. Tekinay, *"Channel assignment in cellular systems using genetic algorithms*", Proceedings of the 46th IEEE Vehicular Technology Conference, Atlanta, USA, 1996, pp. 741-745.
[6] A. Kapsalis, P. Chardaire, V. J. Rayward-Smith, and G. D. Smith, "*The radio link frequency assignment problem: A case study using genetic algorithms*", Lecture Notes on Computer Science 993, 1995, pp. 117-131.
[7] A. W. J. Kolen, *" A genetic algorithm for frequency assignment*", Tech. report, Universiteit Maastricht, 1999.
[8] W. K. Lai and G. G. Coghill, "*Channel assignment through evolutionary optimization*", IEEE Transactions on Vehicular Technology 45, 1996, pp. 91-95.
[9] C. Y. Ngo and V. O. K. Li, "*Fixed channel assignment in cellular radio networks using a modifed genetic algorithm*", IEEE Transactions on Vehicular Technology 47, 1998, pp.163-171.
[10] C. Valenzuela, S. Hurley, and D. H. Smith, "*A permutation based genetic algorithm for minimum span frequency assignment*", Lecture Notes in Computer Science 1498, 1998, pp. 907-916.
[11] Y. J. Cao and Q. H. Wu, "A *Cellular Automata Based Genetic Algorithm and Its Application In Mechanical Design Optimisation*" , UKACC International Conference on Control, 1998.
[12] K. I. Aardal, S .P Hoesel, A. Koster, C. Mannino and A. Sassano, " *Models and solution techniques for frequency assignment problems* ", ZIB-Report 01-04, December 2001.
[13] L. Davis, Handbook of genetic algorithms, van Nosteramd New York, 1991.
[14] M. Fischetti, C. Lepschy, G. Minerva, G. Romanin-Jacur, and E. Toto, "*Frequency assignment in mobile radio systems using branch-and-cut techniques*", European Journal of Operational Research 123, 2000, pp. 241-255.
[15] M. G. Kazantzakis, P. P. Demestichas, and M. E. Anagnostou, "*Optimum frequency reuse in mobile telephone systems*", International Journal of ommunications Systems 8, 1995, pp. 185- 190.
[16] M. Zhang and T.P. Yum, "*The nonuniform compact pattern allocation algorithm for cellular mobile systems*", IEEE Transactions on Vehicular Technology 40, 1991, pp.387-391.
[17] R. Mathar and J. Mattfeldt, "*Channel assignment in cellular radio networks*", IEEE Transactions on Vehicular Technology 42, 1993, pp. 647-656.
[18] M. Meybodi, M. Lesani, "*Genetic Cellular Automata*", Tech Report, Amirkabir University of Technology, 2003.
[19] Hartmut Pohlheim, *Genetic and Evolutionary Algorithm Toolbox for use with Matlab* (GEATbx), http://www.systemtechnik.tu-ilmenau.de/~pohlheim/GA_Toolbox.
[20] *Genetic Algorithms Archive, Repository for GA related information*, http://www.aic.nrl.navy.mil/galist.
[21] S. Wolfram, "*Cellular Automata as Models of Complexity*", Nature, 311, pp. 419—424, 1984.
[22] H. Rajabalipour and M. R. Meybodi, " *Genetic Algorithms for Channel Assignment Problem*" Technical Report, Computer Engineering Department, Amirkabir University, Tehran, Iran, 2003.

انجمن کامپیوتر ایران
Computer Society of Iran



مجموعه مقالات

(جلد اول)

(مشتمل بر مقالات فارسی)

نهمین

۲۸ تا ۳۰ بهمن ماه ۱۳۸۲
دانشگاه صنعتی شریف

کنفرانس سالانه
انجمن کامپیوتر ایران

ITRC

مرکز
فناوری
اطلاعات
و ارتباطات
پیشرفته