



## اصلاح الگوریتم ژنتیک متداول برای حل مسائل انتقال حرارت معکوس

محمد مزیدی شرف‌آبادی<sup>1\*</sup>، منصور علیزاده<sup>2</sup>، لیلا نورپور<sup>3</sup>

1- استادیار، مهندسی مکانیک، پژوهشگاه صنعت نفت، تهران

2- استادیار، مهندسی مکانیک، دانشگاه علم و صنعت ایران، تهران

3- دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد، مهندسی مکانیک، دانشگاه علم و صنعت ایران، تهران

\* تهران، صندوق پستی 14665-137، mazidim@ripi.ir

## چکیده

## اطلاعات مقاله

مقاله پژوهشی کامل  
دریافت: 23 مرداد 1396  
پذیرش: 26 مهر 1396  
ارائه در سایت: 06 آذر 1396

کلید واژگان:

هدایت حرارتی معکوس  
شار حرارتی مجهول  
الگوریتم ژنتیک  
بازآرایی ژن‌ها

در این مطالعه مسأله انتقال حرارت معکوس تخمین شار حرارتی مجهول در مرز یک صفحه نازک یک بعدی توسط الگوریتم ژنتیک و دو نسخه اصلاح شده از این الگوریتم حل شده است و نتایج به دست آمده از نسخه‌های متفاوت الگوریتم ژنتیک با یکدیگر مقایسه شده‌اند. دو نسخه اصلاح شده بر پایه رهیافت بازآرایی ژن‌ها توسعه داده شده‌اند. در این رهیافت یک تابع هزینه اضافی به الگوریتم ژنتیک متداول اضافه می‌شود تا بازده محاسباتی آن را افزایش دهد. نتایج به‌دست‌آمده با به کارگیری اندازه‌گیری‌های دمایی شبیه‌سازی شده بدون خطا نشان می‌دهند الگوریتم‌های ژنتیک اصلاح شده می‌توانند همگرایی و دقت حل معکوس را در مقایسه با الگوریتم ژنتیک متداول بهبود ببخشند و حتی با تعداد اندک نسل‌ها و اندازه جمعیت نه چندان زیاد تخمین‌های دقیقی را برای شار حرارتی مفروض ارائه دهند. نتایج نشان می‌دهند الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) در همه پارامترهای سنجش حل‌ها، پاسخ‌های بهتری نسبت به الگوریتم ژنتیک متداول و دیگر نسخه اصلاح شده ارائه می‌دهد، همچنین در این مطالعه تأثیر اضافه نمودن ترم منظم‌سازی تیخونوف به تابع هدف بر پایداری حل بررسی می‌شود. هر چند در این مطالعه تنها یک مسأله یک بعدی ساده برای تشریح رهیافت بازآرایی ژن‌ها حل شده است، اما انتظار می‌رود این رهیافت در حل معکوس مسائل چند بعدی پیچیده نیز موفق ظاهر شود.

## The Modification of the Conventional Genetic Algorithm for Solving Inverse Heat Transfer Problems

Mohammad Mazidi Sharfabadi<sup>1\*</sup>, Mansour Alizadeh<sup>2</sup>, Leila Nourpour<sup>2</sup>

1- Development and Optimization of Energy Technologies Division, Research Institute of Petroleum Industry (RIPI), Tehran, Iran.

2- School of Mechanical Engineering, Iran University of Science and Technology, Tehran, Iran.

\* P.O.B. 14665-137, Tehran, Iran, mazidim@ripi.ir

## ARTICLE INFORMATION

Original Research Paper  
Received 14 August 2017  
Accepted 18 October 2017  
Available Online 27 November 2017

## Keywords:

Inverse heat conduction  
Unknown heat flux  
Genetic algorithm  
Genes rearrangement

## ABSTRACT

In this study, the inverse heat transfer problem of the estimation of unknown heat flux imposed on the boundary of a one-dimensional slab is solved by the genetic algorithm and two modified versions of this algorithm and the results obtained from different versions of the genetic algorithm are compared with each other. These two modified versions are developed based upon genes rearrangement approach. In this approach, an additional cost function is added to the conventional genetic algorithm to increase its computational efficiency. The results obtained by using errorless simulated temperature measurements show that modified genetic algorithms can improve the convergence and accuracy of the inverse solution in comparison with the conventional genetic algorithm and they give accurate estimations for the supposed heat flux even by using a small number of generations and moderate population size. The results show that modified genetic algorithm (2) provides better response to all the parameters of the solution evaluation in comparison with the conventional genetic algorithm and other modified version. In addition, in this study, the effect of adding Tikhonov regularization term to the objective function on the stability of the solution is investigated. Although only a simple one-dimensional problem has been solved in this study to demonstrate the approach of genes rearrangement, but this approach is expected to succeed in the inverse solution of complicated multidimensional problems.

## 1- مقدمه

دلیل بزرگ بودن فضای جستجو امکان استفاده از روش‌های جستجوی معمول وجود ندارد. اعمال این‌گونه تکنیک‌ها برای حل چنین مسائلی احتیاج به زمان زیادی دارد. به همین دلیل تکنیک‌های بهینه‌سازی با این ویژگی اصلی که هدف در آن‌ها رسیدن به پاسخ بهینه یا نزدیک به پاسخ بهینه است، مطرح شدند. روش‌های جستجو به سه دسته اصلی جستجو بر پایه محاسبه، جستجوی تصادفی هدایت شده و جستجوی شمارشی تقسیم شده‌اند.

مسأله انتقال حرارت معکوس در واقع نوعی مسأله بهینه‌سازی است که در آن تابع هدف مینیمم می‌شود. مسأله انتقال حرارت معکوس به دنبال پیدا کردن پارامتر مجهول با استفاده از دماهای اندازه‌گیری شده در داخل دامنه محاسباتی است. در مسائل انتقال حرارت معکوس از نوع تخمین تابعی که در آن‌ها اطلاعاتی در مورد نحوه تغییرات پارامتر مجهول در دسترس نیست، به

## Please cite this article using:

M. Mazidi Sharfabadi, M. Alizadeh, L. Nourpour, The Modification of the Conventional Genetic Algorithm for Solving Inverse Heat Transfer Problems, *Modares Mechanical Engineering*, Vol. 17, No. 11, pp. 408-418, 2018 (in Persian)

برای ارجاع به این مقاله از عبارت ذیل استفاده نمایید:

عددی از لحاظ محاسباتی پرهزینه است، در این روش همه پاسخ‌های احتمالی ابتدا به صورت نه چندان دقیق با استفاده از یک مدل جانشین ساده‌تر ارزیابی اولیه می‌شوند و تنها اعضایی که بهترین عملکرد را در این مرحله دارند، توسط روش حل عددی معادله مستقیم مانند روش حجم محدود ارزیابی دقیق می‌گردند.

فاموری و همکاران [8] یک روش ترکیبی که با پیوند الگوریتم ژنتیک نخبه‌گرای اصلاح شده و شبکه عصبی به‌دست‌آمده را برای تخمین هم‌زمان ضریب هدایت حرارتی و ظرفیت گرمایی وابسته به دما به کار گرفتند. الگوریتم ژنتیک اصلاح شده نخبه‌گرا به دلیل توانایی در جستجوی قوی و کارای تکاملی و شبکه عصبی جهت پیش‌بینی مقدار تابع هدف با یکدیگر ترکیب شده‌اند. نتایج نشان می‌دهد که روش ترکیب پیشنهادی می‌تواند با توجه به نوع مسئله بدون کاهش دقت حل در زمان انجام محاسبات صرفه‌جویی کند.

پورقلی و همکاران [9] یک رهیافت عددی با ترکیب روش حداقل مربعات و الگوریتم ژنتیک (روش مرحله‌ای و رهیافت موازی‌سازی چند هسته‌ای<sup>5</sup>) را برای تعیین دما در یک مسئله هدایت حرارتی معکوس پیشنهاد دادند. نتایج نشان داد که تخمین بسیار خوبی با به کارگیری روش مرحله‌ای و الگوریتم ژنتیک موازی (16 هسته‌ای) به دست آمده است.

الگوریتم ژنتیک برای بهینه‌سازی دمای بدون بعد در مسائل انتقال حرارت غیرخطی نیز کاربرد دارد. کادری و خان [10] سه هندسه متداول را برای تجزیه و تحلیل انتخاب کردند. در مطالعه آن‌ها فرض شده است که ضریب هدایت حرارتی به طور خطی با دما تغییر می‌کند. نتایج نشان داد که الگوریتم ژنتیک در هر هندسه انتخاب شده حداقل دمای بدون بعد را تخمین می‌زند.

اگر چه مکانیزم‌های اصلی عملکرد الگوریتم ژنتیک شناخته شده است، اما برای پیاده‌سازی عملی آن نیاز به تعیین پارامترهای کلیدی نظیر اندازه جمعیت، تعداد کروموزوم‌های نخبه، نرخ جهش و غیره است. سینشی و فده [11] در مطالعه‌ای نتایج چند آزمایش تجربی برای یافتن پارامترهای کلیدی مناسب الگوریتم ژنتیک که قادر به حل سریع و قابل اطمینان یک مسئله هدایت حرارتی معکوس باشد را ارائه کردند.

در سال‌های اخیر علاقه به تئوری و کاربرد مسائل انتقال حرارت معکوس در حال افزایش است. این تئوری تقریباً در تمام شاخه‌های علم و مهندسی به کار می‌رود. در این میان تخمین شار حرارتی مجهول در مسائل مختلف مهندسی و برنامه‌های فضایی حائز اهمیت فراوان است. به طور مثال محاسبه شار حرارتی ورودی به سپرهای حرارتی، دماغه مخروطی موشک‌ها و یا تخمین شار حرارتی ورودی به دیواره داخلی شیپوره راکت‌ها، همچنین تحلیل گرمایش شاتل‌ها و موشک‌هایی که از فضا به اتمسفر زمین برمی‌گردند، مورد توجه قرار گرفته است. در مثالی دیگر اندازه‌گیری مستقیم شار حرارتی سطح یک دیوار که مجاور آتش قرار دارد با روش‌های رایج کار مشکلی است، اما می‌توان آن را با اندازه‌گیری دما در موقعیتی دور از سطحی تخمین زد که در حال گرم شدن است.

در این مقاله دو الگوریتم ژنتیک اصلاح شده مبتنی بر بازآرایی ژن‌ها پیشنهاد می‌شوند. در این دو الگوریتم اصلاحی با معرفی یک تابع هزینه تک تک ژن‌های کروموزوم‌ها ارزیابی و سپس بازآرایی می‌شوند. در یکی از الگوریتم‌های اصلاح شده با توجه به ارزیابی تک تک ژن‌ها اصلاحاتی در عملکرد

روش‌های بهینه‌سازی جدید (کلونی مورچگان<sup>1</sup>، ژنتیک، ممیتیک<sup>2</sup> و...) معمولاً جزء گروه روش‌های جستجوی تصادفی هدایت شده هستند. الگوریتم ژنتیک یکی از مناسب‌ترین و کاربردی‌ترین روش‌های حل مسائل انتقال حرارت معکوس است. برای نخستین بار رودنسکی و همکاران [1] در سال 1995 میلادی بر کاربرد الگوریتم ژنتیک برای حل یک مسئله انتقال حرارت معکوس مطالعه کردند. در مطالعه آن‌ها ضریب انتقال حرارت جابه‌جایی مجهول در شرط مرزی یک مسئله هدایت حرارتی شناسایی شد. حل مسائل معکوس با به کارگیری الگوریتم ژنتیک به خوبی انجام می‌شود و دقت نتایج بعد از چند مرحله تکرار به طور قابل ملاحظه‌ای بهبود می‌یابد. هر چند پیشرفت در بهبود نتایج به کندی انجام می‌شود.

چیوپاکوفسکی و همکاران [2] مسئله تخمین شرط اولیه مجهول برای معادله انتقال حرارت هدایتی در یک قطعه را با استفاده از یک نوع خاص از الگوریتم ژنتیک موازی حل نمودند که از یک عملگر تکاملی جدید استفاده می‌کند. در این نوع از الگوریتم پارامترهای متعددی باید برای دستیابی به بهترین نتایج توسط کاربر تعیین شود. نتایج به‌دست‌آمده با این الگوریتم دقت خوبی دارند و با دیگر روش‌های بهینه‌سازی معین کلاسیک قابل رقابت است.

سورم و همکاران [3] یک مسئله انتقال حرارت معکوس یک بعدی را با مینیمم‌سازی تابع هدف که شامل شکل اصلاح شده‌ای از تابعی تیخونف<sup>3</sup> است و با به کارگیری یک الگوریتم تکاملی حل کردند. نتایج نشان داد که استفاده از این ترم منظم‌سازی اصلاح شده منجر به عملکرد بهتر الگوریتم تکاملی می‌شود. این نتایج با مشاهده تغییرات مقدار تابع هدف با تعداد جفت‌گیری‌ها قابل استنباط است. در این مطالعه عملکرد الگوریتم با استفاده از دماهای اندازه‌گیری همراه با خطا نیز ارزیابی شده است.

لی [4] تخمین تابع منبع حرارتی مجهول را با به کارگیری الگوریتم ژنتیک مطالعه کرد. در مطالعه آن‌ها برای دستیابی به دقت بیشتر جهت حل مسئله انتقال حرارت معکوس مورد مطالعه یک الگوریتم ژنتیک اصلاح شده مبتنی بر ارزش‌گذاری ژن‌ها توسعه داده شده است. در مقایسه با الگوریتم ژنتیک مقادیر حقیقی ساده الگوریتم ژنتیک اصلاح شده زمان محاسباتی برای همگرایی را با ارائه نتایج دقیق‌تر کاهش می‌دهد.

چانگ و همکاران [5] یک الگوریتم بهینه‌سازی که معمولاً برای حل مسائل انتقال حرارت معکوس استفاده می‌شود را برای به‌دست آوردن خواص یک نوع جامد با ساختار شیمیایی به نسبت ساده به کار گرفتند. عملکرد الگوریتم ژنتیک ترکیبی پیشنهادی با الگوریتم ژنتیک معمولی در این مطالعه مقایسه شده است. نتایج نشان می‌دهد الگوریتم ژنتیک ترکیبی عملکرد بهتری را در تخمین خواص مورد نظر ارائه می‌دهد.

جعفری ندوشن و همکاران [6] یک مسئله معکوس انتقال حرارت گذرای دو بعدی را با استفاده از ترکیب دو روش المان‌های مرزی و الگوریتم ژنتیک و به منظور تخمین ضریب انتقال حرارت جابه‌جایی در مرزهای جسم حل کردند.

وکیلی و گادالا [7] معادله مستقیم مسئله حل معکوس تخمین شار حرارتی مجهول را با به کارگیری داده‌های در دسترس و براساس فیزیک مسئله توسط مدل‌های جانشین<sup>4</sup> تقریب زدند. نتیجه تحقیق آن‌ها روشی است که کارایی و پایداری الگوریتم‌های تکاملی را با هزینه محاسباتی خیلی کمتر داراست. از آنجایی که حل معادله مستقیم با استفاده از روش‌های متداول

<sup>1</sup> Ant colony

<sup>2</sup> Memetic

<sup>3</sup> Tikhonov

<sup>4</sup> Surrogate models

<sup>5</sup> Multi-core parallelization

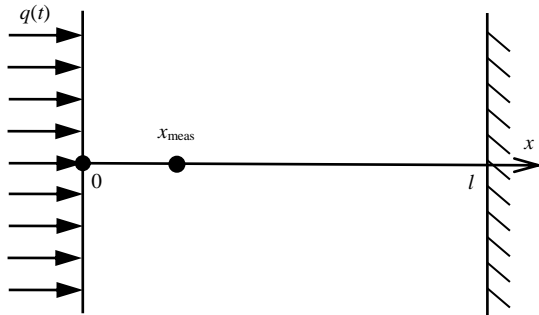


Fig. 1 The geometry of the problem

شکل 1 هندسه مسأله

پیوسته شار حرارتی  $q(t)$  جهت محاسبات عددی گسسته شده و با یک کروموزوم شبیه‌سازی می‌شود. مقدار هر ژن یک عدد حقیقی است که مقدار شار حرارتی در هر گام زمانی را نشان می‌دهد. در این‌جا مسأله پیدا کردن شار حرارتی مجهولی است که با به‌کارگیری آن در رابطه مستقیم (1)، دمای تخمین زده شده در محل قرارگیری سنسور نزدیک به مقادیر اندازه‌گیری شده در این نقطه به دست آید. همان‌طور که اشاره شد هدف در مسأله معکوس حاضر مینیمم کردن رابطه (2) است. به عبارت دیگر این مسأله یک مسأله مینیمم‌سازی به کمک الگوریتم ژنتیک است که تابع برازندگی آن برابر با تابع هدف در نظر گرفته می‌شود.

مسأله پیدا کردن مینیمم تابع هدف  $S[q(t)]$  را در نظر بگیرید، برای این مسأله بهینه‌سازی، جمعیت کروموزوم‌ها در نسل  $k$ -ام از الگوریتم ژنتیک به شکل رابطه (3) است.

$$G^k = \{q_1^k, q_2^k, q_3^k, \dots, q_j^k, \dots, q_N^k\} \quad j = 1, 2, \dots, N \quad (3)$$

در آن  $q_j^k$  کروموزومی است که یک پاسخ ممکن برای مسأله را نمایش می‌دهد.  $k$  شماره نسل و  $N$  اندازه جمعیت است که به طور اختیاری انتخاب می‌شود. کروموزوم  $q_j^k$  به شکل رابطه (4) تعریف می‌شود.

$$q_j^k = (g_{j1}, g_{j2}, g_{j3}, \dots, g_{ji}, \dots, g_{jl}) \quad i = 1, 2, \dots, l \quad (4)$$

در آن  $g_{ji}$  یک ژن منحصر به فرد و  $l$  تعداد کل ژن‌ها در هر کروموزوم است که همان تعداد کل گام‌های زمانی برای تخمین شار حرارتی را نشان می‌دهد.

با جایگزینی  $q_j^k$  داخل رابطه مستقیم (1) می‌توان دماهای تخمین زده شده،  $T_{im}$ ، را محاسبه کرد. هر کروموزوم  $q_j^k$ ، با تابع هدف (برازندگی)  $S(q_j^k)$  ارزیابی می‌شود که معیاری برای تعیین میزان برازندگی آن کروموزوم به صورت رابطه (5) است.

$$S(q_j^k) = \sum_{i=1}^l \sum_{m=1}^M (T_{im} - Y_m)^2 \quad (5)$$

کروموزوم‌ها براساس میزان برازندگی مرتب و فهرست می‌گردند، سپس بعضی از کروموزوم‌ها براساس رتبه‌بندی برازندگی آن‌ها با استفاده از چرخ رولت<sup>3</sup> [13] انتخاب می‌شوند.

ادغام فرآیند تبادل بین عضوهای دو راه حل ممکن است. کروموزوم‌های انتخابی با به‌کارگیری عملگر ادغام مناسب ترکیب می‌شوند. در این مرحله تعداد  $N_E$  از بهترین کروموزوم‌ها از لحاظ میزان برازندگی براساس مفهوم نخبه‌گرایی در ابتدای لیست حفظ می‌شوند و سپس به تعداد فرزندان تولید شده،  $N_{GO}$ ، از کروموزوم‌های انتهایی لیست حذف می‌شود، فرزندان تولید شده

ادغام اکتشافی<sup>1</sup> متداول صورت پذیرفته است. این نسخه‌های اصلاحی جهت بالا بردن دقت حل بدون افزایش تعداد نسل‌ها پیشنهاد شده‌اند. در این مطالعه اثر اصلاحی اضافه نمودن ترم منظم‌سازی نیز بررسی می‌شود.

## 2- مسأله مستقیم

یک صفحه نامحدود (صفحه نازک) به ضخامت  $l$  که هدایت حرارتی گذرا و خطی در آن برقرار است در نظر گرفته می‌شود. صفحه ابتدا در دمای اولیه صفر قرار دارد و در زمان‌های  $t > 0$  یک شار حرارتی متغیر با زمان،  $q(t)$ ، در مکان  $x = 0$  به صفحه وارد می‌شود و از طرف دیگر در  $x = l$  صفحه عایق شده است. هندسه مسأله در شکل 1 نشان داده شده است.

با فرض خواص ترموفیزیکی ثابت، معادله حاکم بر مسأله هدایت یادشده به همراه شرایط مرزی و اولیه در دستگاه مختصات کارتزین به شکل روابط (1) است.

$$\begin{aligned} \frac{\partial^2 T(x, t)}{\partial x^2} &= \frac{1}{\alpha} \frac{\partial T(x, t)}{\partial t} & 0 < x < l, t > 0 \\ \frac{\partial T(0, t)}{\partial x} &= -\frac{q(t)}{k} & t > 0 \\ \frac{\partial T(l, t)}{\partial x} &= 0 & t > 0 \\ T(x, 0) &= T_0 & 0 \leq x \leq l \end{aligned} \quad (1)$$

که در آن‌ها  $\alpha$  ( $m^2/s^2$ ) ضریب نفوذ حرارتی،  $k$  ( $W/m \cdot ^\circ C$ ) ضریب هدایت حرارتی و  $T_0$  ( $^\circ C$ ) دمای اولیه جسم است.

در مسأله مستقیم که خصوصیات فیزیکی آن در بالا یادشده،  $q(t)$  شار حرارتی معلوم در نظر گرفته می‌شود. هدف از مسأله مستقیم به دست آوردن میدان دمای گذرا  $T(x, t)$  در صفحه است.

## 3- مسأله معکوس

در مسأله معکوس شار حرارتی متغیر با زمان،  $q(t)$ ، مجهول در نظر گرفته می‌شود، ولی متغیرهای دیگر در مسأله معلوم است. فرض می‌شود  $M$  سنسور دمایی در صفحه نامحدود قرار دارند. اطلاعات به دست آمده از اندازه‌گیری دما در مکان قرارگیری سنسورها،  $x_m$ ، در زمان‌های مختلف  $t_i$   $i = 1, 2, \dots, l$  برای تخمین  $q(t)$  استفاده می‌شود.

فرض می‌شود که هیچ اطلاع قبلی در مورد نحوه تغییرات  $q(t)$  در دست نیست. ما به دنبال یافتن  $q(t)$  روی یک بازه زمانی هستیم. حل مسأله مورد نظر باید به صورتی انجام گیرد که مقادیر نهایی تخمین زده شده برای متغیر مجهول، تابع هدف،  $S[q(t)]$ ، رابطه (2) را مینیمم کند [12].

$$\begin{aligned} S[q(t)] &= \int_{t=0}^{t_f} \sum_{m=1}^M \{Y_m(t) - T[x_m, t, q(t)]\}^2 dt = \\ &= \int_{t=0}^{t_f} \sum_{m=1}^M (Y_m - T_m)^2 dt \end{aligned} \quad (2)$$

در آن  $Y_m$  ( $^\circ C$ ) و  $T_m$  ( $^\circ C$ ) به ترتیب دمای اندازه‌گیری شده و تخمین زده شده در مکان قرارگیری سنسور  $m$ -ام است.

## 4- الگوریتم ژنتیک مقادیر حقیقی ساده<sup>2</sup>

در این بخش الگوریتم ژنتیک مقادیر حقیقی متداول برای حل مسأله انتقال حرارت معکوس تخمین شار حرارتی مجهول به کار گرفته می‌شود. تابع

<sup>3</sup> Roulette Wheel

<sup>1</sup> Heuristic crossover

<sup>2</sup> Simple Genetic Algorithm (SGA)

این فرآیند تا رسیدن به یک عدد پیش فرض برای تعداد نسل‌ها یا همگرا شدن پاسخ‌ها با توجه به معیار توقفی ادامه می‌یابد.

### 5- اصلاح الگوریتم ژنتیک ساده

رضایت‌بخش نبودن دقت حل با تعداد نسل‌های اندک یک مشکل بزرگ در حل مسائل انتقال حرارت معکوس با استفاده از الگوریتم ژنتیک مقادیر حقیقی متداول ارائه شده در بخش (4) است. هر چند عملکرد موفقیت‌آمیز الگوریتم ژنتیک مقادیر حقیقی به عنوان یک الگوریتم بهینه‌ساز به اثبات رسیده، اما عملکرد کند این الگوریتم در همگرا شدن یک تنگنا برای این روش حل محسوب می‌شود. تکنیک‌های متفاوتی برای بهبود دقت و عملکرد الگوریتم ژنتیک به کار گرفته شده‌اند [11-1].

### 5-1- تعریف تابع هزینه<sup>6</sup> و بازآرایی<sup>7</sup> ژن‌ها

در مطالعه حاضر یک تابع هزینه اضافه،  $J$ ، به الگوریتم ژنتیک مقادیر حقیقی متداول اضافه می‌شود تا کارایی محاسبات را بهتر کند. این تابع هزینه به شکل رابطه (10) تعریف می‌شود.

$$J^k(g_{ji}) = \sum_{m=1}^M |T_{im} - Y_{im}|, j = 1, 2, \dots, N, i = 1, 2, \dots, I \quad (10)$$

تابع هزینه معرفی شده در معادله (10) جهت انتخاب بهترین ژن‌های منفرد برای شکل دادن کروموزوم‌های جدید در گام‌های بعدی به کار می‌رود. بعد از گام انتخاب بهترین پاسخ‌ها بر طبق تابع هدف  $S(q_i)$  انتخاب می‌شوند. در الگوریتم‌های ژنتیک اصلاح شده بر خلاف آن چه در الگوریتم ژنتیک مقادیر حقیقی متداول اتفاق می‌افتد، به جای انتخاب و رفتن به گام ادغام و جهش، تابع هزینه برای ارزیابی ژن‌های منفرد به کار گرفته می‌شود. از بین بهترین کروموزوم‌ها بهترین ژن‌های منفرد در هر موقعیت براساس مقادیر تابع هزینه  $J$  انتخاب می‌شوند تا کروموزوم‌های جدید دیگری را شکل دهند. برای مثال اگر پاسخ‌های احتمالی یا همان کروموزوم‌ها با شش گام زمانی (ژن) ارائه شوند، آن گاه به صورت روابط (11) داریم.

$$\begin{aligned} q_1 &= (g_{11}, g_{12}, g_{13}, g_{14}, g_{15}, g_{16}), \\ q_2 &= (g_{21}, g_{22}, g_{23}, g_{24}, g_{25}, g_{26}), \\ q_3 &= (g_{31}, g_{32}, g_{33}, g_{34}, g_{35}, g_{36}) \end{aligned} \quad (11)$$

$$J(g_{11}) = 3 \quad J(g_{21}) = 5 \quad J(g_{31}) = 1 \quad (12)$$

سپس بازآرایی ژن‌ها برای موقعیت اولین ژن بر طبق تابع  $J$  پاسخ‌های روابط (13) را تولید می‌کند.

$$\begin{aligned} &(g_{31}, g_{12}, g_{13}, g_{14}, g_{15}, g_{16}), \\ &(g_{11}, g_{22}, g_{23}, g_{24}, g_{25}, g_{26}), \\ &(g_{21}, g_{32}, g_{33}, g_{34}, g_{35}, g_{36}). \end{aligned} \quad (13)$$

سپس همان سیستم رتبه‌بندی و انتخاب روی موقعیت دومین ژن همه پاسخ‌ها پیاده‌سازی می‌شود. این روند تا زمانی ادامه می‌یابد که بهترین ژن‌ها در تمامی موقعیت‌های پاسخ‌ها انتخاب شوند. پاسخ‌های جدید ترکیبی از ژن‌های منفرد رتبه‌بندی شده در موقعیت‌های مختلف هستند. الگوریتم‌های ژنتیک اصلاحی نه تنها بهترین پاسخ‌ها را انتخاب می‌کنند، بلکه ابر کروموزوم‌ها که دارای بهترین ژن‌ها در تمامی موقعیت‌ها هستند را در گام‌ها و نسل‌های بعدی وارد می‌کنند.

جایگزین کروموزوم‌های انتهایی لیست می‌گردند. اندازه جمعیت،  $N$ ، از یک نسل به نسل دیگر برای ادامه محاسبات ثابت باقی می‌ماند.

در این الگوریتم ژنتیک برای تولید دو فرزند جدید با استفاده از عملگر ادغام میانه توسعه یافته<sup>1</sup> [14]، ابتدا  $\lambda_i$  به طور تصادفی به تعداد  $m$  ژن انتخاب می‌شود به طوری که رابطه (6) به صورت زیر است.

$$\lambda_i \in [-d, 1 + d], i = 1, 2, 3, \dots, m \quad (6)$$

معمولاً مقدار کمیت  $d$  برابر 0.25 در نظر گرفته می‌شود [14]. به عنوان مثال اگر ساختار والدین با 6 عضو نمایش داده شود رابطه (7) را داریم.

$$\begin{aligned} q_1 &= (g_{11}, g_{12}, g_{13}, g_{14}, g_{15}, g_{16}) \\ q_2 &= (g_{21}, g_{22}, g_{23}, g_{24}, g_{25}, g_{26}) \end{aligned} \quad (7)$$

سپس جفت‌گیری بین کروموزوم‌ها از روش ادغام میانه توسعه یافته اتفاق می‌افتد و دو فرزند به صورت روابط (8) به وجود می‌آید.

$$\begin{aligned} &(g_{11} \times \lambda_1 + (1 - \lambda_1) \times g_{21}, \dots, g_{16} \times \lambda_6 + (1 - \lambda_6) \times g_{26}) \\ &(g_{21} \times \lambda_1 + (1 - \lambda_1) \times g_{11}, \dots, g_{26} \times \lambda_6 + (1 - \lambda_6) \times g_{16}) \end{aligned} \quad (8)$$

عملگر جهش به طور اختیاری یک یا چند عضو از یک کروموزوم انتخابی را تغییر می‌دهد. این امر تنوع جمعیت را افزایش می‌دهد. هر عضو از هر کروموزوم در نسل جدید دستخوش تغییری تصادفی با احتمالی از پیش تعیین شده می‌شود. در این الگوریتم ژنتیک از نوعی از عملگر جهش خزشی<sup>2</sup> [15] استفاده می‌شود. در این عملگر مقدار ژن‌هایی که برای جهش برگزیده شده‌اند با کسری از طول بازه معتبر برای مقادیر ژن‌ها که به آن کسر خزشی<sup>3</sup> گفته می‌شود، کاهش یا افزایش داده می‌شود. ژن انتخابی  $g_i$  طبق رابطه (9) جهش می‌یابد و به  $g'_i$  تبدیل می‌شود.

$$g'_i = \min(g_{\max}, \max(g_{\min}, g_i + rs(g_{\max} - g_{\min}))) \quad (9)$$

در آن  $g_{\max}$  و  $g_{\min}$  به ترتیب حد بالا و حد پایین دامنه مجاز برای مقادیر ژن‌ها هستند.  $r$  یک عدد تصادفی در محدوده  $[-1, 1]$  و  $s$  فاکتور خزش<sup>4</sup> است که توسط کاربر در بازه  $[0, 1]$  انتخاب می‌شود [15].

در این مطالعه برای به کارگیری عملگر جهش خزشی از نوعی تکنیک انطباقی<sup>5</sup> [15] استفاده می‌شود. در نسل‌های ابتدایی برای یافتن کروموزوم‌ها با میزان برازندگی مناسب‌تر و همچنین جلوگیری از همگرایی به سمت اکسترم‌های محلی باید تنوع کروموزوم‌ها در جمعیت زیاد باشد. یکی از راه‌های تحقق این امر انتخاب نرخ جهش بالاست که منجر به افزایش تعداد ژن‌های جهش یافته در جمعیت می‌شود. از طرف دیگر هنگامی که تعداد نسل‌ها افزایش می‌یابد، با توجه به ماهیت ذاتی الگوریتم ژنتیک، جمعیت به سمت پاسخ نهایی همگرا می‌شود؛ بنابراین باید نرخ جهش را کاهش داد. نرخ جهش تابع معکوسی از تعداد نسل‌هاست. براساس این موضوع می‌توان نرخ جهش،  $\mu$ ، را بین دو مقدار ماکزیمم و مینیمم به طور خطی در حال تغییر به صورت رابطه (10) قرار داد [15].

$$\mu = \frac{\mu_{\min} - \mu_{\max}}{N_{\text{gen}, \max}} N_{\text{gen}} + \mu_{\max} \quad (10)$$

در آن  $N_{\text{gen}}$  متغیری است که شماره نسل را نشان می‌دهد. نکته حایز اهمیت درباره رابطه (9) تعیین کران بالا و پایین نرخ جهش است که این مورد از مسأله‌ای به مسأله دیگر فرق می‌کند و هیچ راه خاصی برای یافتن مقدار بهینه آن‌ها به جز استفاده از روش سعی و خطا وجود ندارد. پس از گام جهش جمعیت جدید برای نسل  $k + 1$  شکل می‌گیرد.

<sup>1</sup> Extended intermediate crossover

<sup>2</sup> Creep mutation

<sup>3</sup> Creep fraction

<sup>4</sup> Creep factor

<sup>5</sup> Adaptive technique

<sup>6</sup> Cost function  
<sup>7</sup> Rearrangement

## 5-2- الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1)

در این الگوریتم اصلاح شده بازآرایی ژن‌ها برای تولید کروموزم‌های جدید به گونه‌ای که در ابتدای بخش 5-1 شرح داده شد، انجام می‌شود. نخستین کروموزم در نسل بازآرایی شده شامل ژن‌هایی است که براساس مقدار تابع هزینه (9) رتبه اول را داراست. کروموزم دوم از نسل بازآرایی شده در تمامی موقعیت‌های ژنی شامل ژن‌هایی است که رتبه دوم را به دست آورده‌اند و این روال به همین ترتیب تا کروموزم آخر ادامه می‌یابد. در این الگوریتم اصلاحی ساختار کلی الگوریتم ژنتیک نسبت به نوع متداول آن تغییری نکرده است، تنها تعدادی از ابرکروموزم‌های تولید شده در نسل بازآرایی شده بدون اصلاح توسط عملگرهای ژنتیکی نظیر ادغام و جهش به نسل بعدی منتقل می‌شوند. به عبارت دیگر در تشکیل نسل جدید  $(1-k)$  تعداد از پیش تعیین شده‌ای از کروموزم‌های نسل حاضر  $(k)$  توسط بهترین کروموزم‌های نسل بازآرایی شده یا همان ابرکروموزم‌ها که تعداد آن‌ها با  $N_{RA}$  مشخص می‌شود، جایگزین می‌شوند. در این الگوریتم نیز نخبه‌گرایی به شکلی اعمال می‌شود که برای الگوریتم ژنتیک متداول توضیح داده شد.

در این الگوریتم اصلاحی تغییراتی بر عملگر ادغام اکتشافی متداول [14] اعمال شده است. این عملگر با توجه به تعیین برازندگی هر ژن از هر کروموزم توسط تابع هزینه اصلاح شده است. عملگر ادغام اکتشافی تنها منجر به تولید یک فرزند از والدین می‌شود. با توجه به مقدار تابع هزینه برای هر ژن از دو والد در هر موقعیت، ژنی از والدین انتخاب می‌شود که مقدار تابع هزینه آن کوچک‌تر باشد. به علاوه در عملگر ادغام اکتشافی اصلاح شده بر خلاف نوع متداول آن به جای حذف فرزندان با مقادیر غیرممکن و خارج از بازه مجاز، ماکزیمم یا مینیمم مقدار مجاز طبق رابطه (14) به آن‌ها اختصاص داده می‌شود.

$$g_{c,i} = \begin{cases} J(g_{p_2,i}) & \text{اگر } J(g_{p_2,i}) \leq J(g_{p_1,i}) \\ \max(g_{\min}, \min(\lambda_i(g_{p_2,i} - g_{p_1,i}) + g_{p_1,i}, g_{\max})) & \text{در غیر صورت این} \end{cases} \quad (14)$$

در آن زیرنویس  $p_1$  و  $p_2$  مربوط به والد اول و دوم است و زیرنویس  $C$  فرزند را نشان می‌دهد، همچنین  $\lambda_i$  یک مقدار تصادفی در بازه  $[0,1]$  است. در این الگوریتم اصلاح شده روش انتخاب کروموزم‌های جهت ادغام و عملگر جهش مشابه با الگوریتم ژنتیک متداول است.

## 5-3- الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2)

در این الگوریتم پس از مرحله انتخاب بازآرایی ژن‌ها برای تولید کروموزم‌های جدید و تشکیل نسل بازآرایی شده انجام می‌شود. تفاوت این الگوریتم با الگوریتم اصلاح شده (1) در فرآیند انتخاب والدین جهت جفت‌گیری و نوع عملگر ادغام است. برای فرآیند ادغام یک والد از نسل حاضر  $(k)$  و والد دیگر از میان کروموزم‌های بازآرایی شده انتخاب می‌شود. انتخاب والدین از دو نسل حاضر و بازآرایی شده جداگانه و با استفاده از چرخ رولت رتبه‌ای انجام می‌پذیرد. در الگوریتم اصلاحی از همان عملگر ادغام میانه توسعه یافته و عملگر جهش حزشی استفاده می‌شود که در بخش (4) برای الگوریتم ژنتیک متداول توصیف شده‌اند.

راهبرد تشکیل نسل جدید  $(1-k)$  در الگوریتم‌های ژنتیک ساده و اصلاح شده در شکل (2) نشان داده شده است. در شکل (2) ترکیب نسل

$1-k$  ام می‌تواند به یکی از دو شکل تعداد مطلق یا کسر نسبی با روابط (15) برای همه الگوریتم‌های توصیف شده در این بخش تعیین شود.

$$N = N_{GO} + N_E + N_{RA} \quad (15)$$

در آن زیرنویس GO به معنی عملگرهای ژنتیکی، E به معنی نخبه و RA به معنی بازآرایی شده است. اندازه جمعیت،  $N$ ، برای تمامی نسل‌ها ثابت باقی می‌ماند.

## 6- جزئیات حل و استخراج نتایج

مشخصات و جزئیات مسأله معکوس مورد مطالعه در جدول (1) آورده شده است. متغیرهای جدول (1) با توجه به مسأله معکوس تعریف شده در بخش (2) و شکل (1) به گونه‌ای انتخاب شده‌اند که معادله مستقیم (1) بدون بعد شود.

در این تحقیق نسخه‌های متفاوت از روش الگوریتم ژنتیک برای تخمین شار حرارتی مجهول به کار گرفته شده‌اند. این تکنیک‌ها در نرم‌افزار متلب<sup>3</sup> با توجه به الگوریتم‌های محاسباتی توصیفی در بخش‌های (5,4) و فلوچارت‌های ارائه شده در شکل (2) پیاده‌سازی شده‌اند.

6-1- اندازه‌گیری‌های شبیه‌سازی شده<sup>4</sup>

در این مطالعه به دلیل عدم دسترسی به دماهای اندازه‌گیری شده برای حل معکوس مسأله ارائه شده توسط روابط (1) از داده‌های شبیه‌سازی شده با خطای تصادفی استفاده می‌شود. به طوری که ابتدا برای شار حرارتی،  $q(t)$ ، تابع مفروضی در نظر گرفته می‌شود و مسأله مستقیم حل می‌گردد. پس از حل مسأله مستقیم دما در موقعیت‌های مفروض اندازه‌گیری یا همان محل تعبیه سنسورهای فرضی،  $T(x_m, t)$ ، به دست می‌آید. از این داده‌ها به طور مستقیم به عنوان داده‌های سنسور دما استفاده می‌شود که به آن داده‌های شبیه‌سازی شده می‌گویند.

در این مطالعه تابع شار حرارتی مجهول به شکل مثلثی انتخاب شده است. این فرم از تابع با وجود این‌که از لحاظ فیزیکی توجیه ندارد، اما معمولاً برای آزمودن دقت الگوریتم‌ها به کار می‌رود. شار حرارتی مفروض مثلثی شکل به رابطه (16) تغییر می‌کند.

$$q(t) = \begin{cases} t & 0 \leq t \leq 0.6 \\ 1.2 - t & 0.6 \leq t \leq 1.2 \\ 0 & 1.2 \leq t \leq t_f \end{cases} \quad (16)$$

در روابط ارائه شده در رابطه (17) زمان نهایی که برابر با 1.8 در نظر گرفته شده است.

جدول 1 مشخصات مسأله معکوس نمونه

مشخصه	نوع یا مقدار
طول، $l(m)$	1
ضریب هدایت حرارتی، $k(W/m \text{ } ^\circ C)$	1
چگالی، $\rho(kg/m^3)$	1
گرمای ویژه در فشار ثابت، $C_p(J/kg \text{ } ^\circ C)$	1
دمای اولیه، $T_i(^{\circ}C)$	0
تعداد سنسورها، $M$	حداکثر 3
محل نصب سنسور، $x_m(m)$	0.05, 0.5, 0.95
زمان نهایی، $t_f(s)$	1.8

<sup>3</sup> MATLAB R2014b (8.4.0.150421)<sup>4</sup> Simulated measurements<sup>1</sup> Modified Genetic Algorithm 1 (MGA1)<sup>2</sup> Modified Genetic Algorithm 2 (MGA2)

معکوس برای شار حرارتی مجهول مشابه با رابطه ارائه شده در معادله (16) باشد. البته برای تخمین تابعی فرض بر آن است که هیچ گونه اطلاعاتی اعم از روند تغییرات تابع مجهول یعنی ثابت، خطی، سینوسی، پله ای یا مثلثی بودن آن‌ها در دسترس نیست.

### 2-6- محاسبه خطا

در مطالعه حاضر میزان خطای جذر میانگین مربعات<sup>1</sup> معیار مناسبی برای مقایسه دقت نتایج با یکدیگر است. به کمک این کمیت می‌توان اثر افزایش خطا در داده‌های اندازه‌گیری شده بر دقت تخمین را بررسی کرد. میزان این خطا با رابطه (17) محاسبه می‌شود.

$$e_{rms} = \sqrt{\frac{1}{I-1} \sum_{i=2}^I [q_{ex}(t_i) - q_{est}(t_i)]^2} \quad (17)$$

در آن  $q_{est}(t_i)$  شار حرارتی تخمین زده شده به کمک روش معکوس در زمان  $t_i$  و  $q_{ex}(t_i)$  مقدار دقیق شار حرارتی در آن زمان است که برای تولید داده‌های شبیه‌سازی شده به کار گرفته شده است، همچنین  $I$  تعداد کل اندازه‌گیری‌هاست.

معمولاً الگوریتم‌های معکوسی که تابع مجهول را بر کل دامنه به طور هم‌زمان تخمین می‌زنند، در تخمین کمیت مجهول در نزدیکی زمان اولیه چندان توانمند نیستند. نتایج این تحقیق با استفاده از الگوریتم ژنتیک هم این موضوع را نشان می‌دهد؛ بنابراین همان‌طور که در رابطه (17) مشاهده می‌شود، در این مطالعه مقدار خطای جذر میانگین مربعات بر بازه‌ای که از گام زمانی دوم شروع می‌شود و تا زمان نهایی ادامه دارد، محاسبه می‌شود تا مقایسه نتایج حاصل از روش‌ها و حالات مختلف با صحت بهتری انجام پذیرد. مقدار تابع هدف ارائه شده در رابطه (2) با توجه به تعداد کل سنسورهای مورد استفاده در تحلیل،  $M$  و تعداد کل اندازه‌گیری‌ها،  $I$  و توسط رابطه (18) نرمال‌سازی<sup>2</sup> می‌شود.

$$S_n = \sqrt{\frac{S}{MI}} \quad (18)$$

مقدار نرمال‌سازی شده تابع هدف در واقع همان خطای جذر میانگین مربعات در تخمین دما در محل‌های مفروض اندازه‌گیری یا همان محل نصب سنسورها را نشان می‌دهد.

### 3-6- جزئیات گسسته‌سازی و حل عددی معادلات

در شروع حل عددی مسأله باید تعداد گره‌های شبکه و طول گام زمانی مشخص شود. تعداد گره‌های شبکه باید طوری تعیین شود که نخست پاسخ برنامه دارای دقت کافی باشد و دوم مدت زمان اجرای برنامه در حد قابل قبول و منطقی باشد. با در نظر گرفتن این دو مطلب تعداد گره‌های شبکه باید طوری انتخاب شود که تعادل میان هزینه محاسباتی و دقت قابل قبول برای نتایج تأمین گردد. البته یک حل عددی درست حتی برای شبکه‌های زمخت هم باید پاسخ‌های قابل قبولی بدهد. به منظور دستیابی به نتایجی که دقت لازم را داشته باشند، شبکه محاسباتی باید تا حد امکان ریز انتخاب شود تا براساس اصل سازگاری<sup>3</sup> [16] در روش عددی معادلات گسسته شده جبری به معادلات دیفرانسیل پاره‌ای حاکم نزدیک شوند و تقلیدی صحیح از واقعیت صورت پذیرد. دامنه محاسباتی در این مطالعه یعنی محدوده  $0 \leq l \leq 1$  به

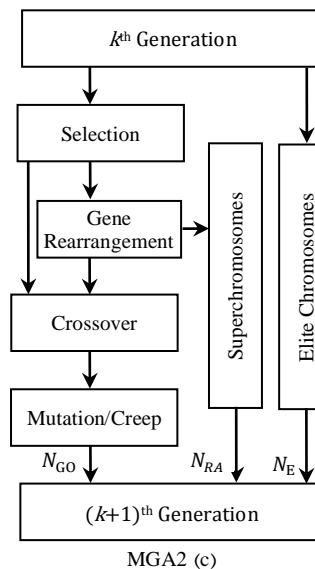
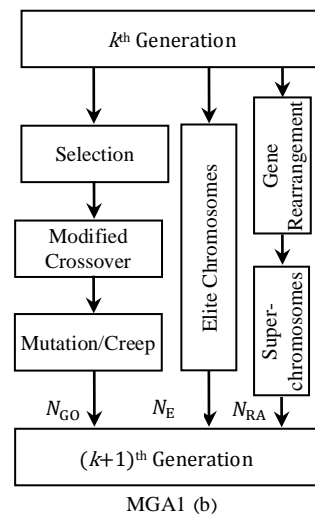
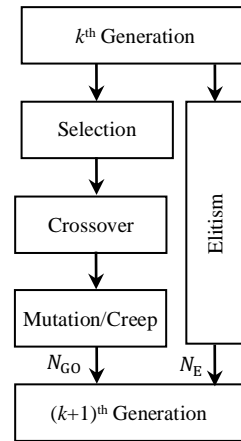


Fig. 2 The strategies of creation of the new generation for simple and modified genetic algorithms

شکل 2 راهبرد تشکیل نسل جدید در الگوریتم‌های ژنتیک ساده و اصلاح شده

حل مسأله مستقیم ارائه شده با روابط (1) با استفاده از شار حرارتی مفروض (16) اندازه‌گیری‌های دقیق (بدون خطا) را فراهم می‌کند. با استفاده از چنین داده‌های شبیه‌سازی شده به عنوان داده‌های ورودی برای آنالیز معکوس و با به کارگیری الگوریتم ژنتیک انتظار داریم تخمین‌های حاصل از روش‌های

<sup>1</sup> Root Mean Square (RMS) error

<sup>2</sup> Normalization

<sup>3</sup> Consistency principle

20 حجم کنترل مساوی گسسته شده است.

محل نصب سنسورها و تعداد آن‌ها نقش بسزایی را در دقت حل معکوس داراست به نحوی که با نصب سنسور در مکانی نامناسب علاوه بر بالا رفتن هزینه محاسبات، امکان ناپایداری حل نیز وجود خواهد داشت. بررسی‌ها نشان می‌دهد هر چه محل نصب سنسور به مرزی که شار حرارتی به آن اعمال می‌شود نزدیک‌تر باشد میزان خطای جذر میانگین مربعات برای بهترین حل و همچنین مقدار متوسط آن کاهش می‌یابد و نتایج بهتری در تخمین تابع مجهول حاصل خواهد شد.

با دور شدن مکان نصب سنسور از محل اعمال شار حرارتی، سنسور از لایه حرارتی<sup>2</sup> [12] خارج شده و در این حالت دماهای اندازه‌گیری شده کمک چندانی به تخمین شار حرارتی توسط الگوریتم ژنتیک نخواهند کرد و مسئله معکوس حاضر به وضع و حل ناپایدار می‌شود. این مشکل روش الگوریتم ژنتیک در حل معکوس با اضافه کردن ترم منظم‌سازی به تابع هدف تا حد زیادی رفع خواهد شد. همچنین با افزایش تعداد سنسورها مدت زمان پردازش نیز زیاد می‌شود و این در حالی است که دقت تخمین‌ها بهبود نمی‌یابد. به عبارت دیگر نتایج به‌دست‌آمده با به‌کارگیری دو یا سه سنسور از نتایج حاصل از استفاده از یک سنسور دقیق‌تر نیستند. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده برای سه مکان مختلف اندازه‌گیری دما در داخل صفحه نازک یک بعدی،  $\alpha_m = 0.05, 0.5, 0.95$  تنها یک سنسور که در نزدیکی محل اعمال شار حرارتی در  $x_{meas} = 0.05$  قرار دارد، برای به دست آوردن تخمین‌های رضایت‌بخش برای حل مسئله معکوس حاضر با استفاده از نسخه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک کافی است.

گاهی در حل‌های معکوس یک ترم منظم‌سازی به تابع هدف اضافه می‌شود تا پایداری حل‌های انجام شده را بهبود ببخشد. ضریب منظم‌سازی باید بر پایه اطلاع از نحوه تغییرات مورد انتظار از تابع مجهول انتخاب شود. در این مطالعه بجز در بخش 9 در بقیه بررسی‌های انجام شده تابع هدف بدون ترم منظم‌سازی در نظر گرفته شده است.

#### 7-1- بررسی و انتخاب ماکزیمم تعداد نسل‌ها در الگوریتم ژنتیک

در شکل 3 تابع شار حرارتی تخمین زده شده توسط الگوریتم ژنتیک ساده برای سه مقدار مختلف از ماکزیمم تعداد نسل‌ها، (50، 100 و 500 نسل) به همراه تابع شار حرارتی دقیق رسم شده است. این نتایج با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده بدون خطا و با تعبیه یک سنسور در  $x_{meas} = 0.05$  به‌دست آمده‌اند.

شکل 4 تغییرات بهترین مقدار تابع هدف نرمال‌سازی شده با افزایش تعداد نسل‌ها را برای مورد مطالعه نمایش می‌دهد. با توجه به متفاوت بودن ماکزیمم تعداد نسل‌ها در این بخش، مقدار محور افقی نمودار این شکل به صورت نسبی آورده شده است.

در جدول 3 میزان خطای جذر میانگین مربعات و مقدار تابع هدف نرمال‌سازی شده حاصل از تخمین شار حرارتی توسط الگوریتم ژنتیک ساده جهت بررسی اثر افزایش ماکزیمم تعداد نسل‌ها آورده شده است. در این جدول بهترین مقادیر این دو کمیت از میان پنج حل جداگانه در کنار مقادیر متوسط آن‌ها به همراه مدت زمان محاسبات مربوط به بهترین نتیجه نمایش داده شده‌اند.

در شکل 3 مشاهده می‌شود هر چه ماکزیمم تعداد نسل‌ها افزایش می‌یابد، پاسخ‌های بهتری حاصل می‌شود. فرم تابع مجهول با ادامه دادن محاسبات تا 500 نسل به خوبی تخمین زده شده است.

هر چه طول گام زمانی کوچک‌تر باشد، پاسخ به دست آمده دقیق‌تر خواهد بود. از سوی دیگر چنان‌چه طول گام زمانی بیش از حد لازم کوچک انتخاب شود، زمان اجرای برنامه طولانی می‌شود. در ابتدا با در نظر گرفتن یک گام زمانی نمونه مسئله حل می‌شود، سپس با کوچک‌تر کردن طول آن دقت حل افزایش می‌یابد و این روند تا وقتی ادامه می‌یابد که زمان اجرای برنامه در حد قابل قبولی قرار گیرد. هنگامی که شدت تغییرات در یک مسئله زیاد باشد، آن‌گاه هر چه طول گام زمانی کوچک‌تر باشد، تغییرات را بهتر می‌توان نمایش داد و پاسخ‌های به‌دست‌آمده دقیق‌تر خواهند بود. در این مطالعه پس از انجام چند حل عددی با طول گام‌های متفاوت برای حل عددی بازه زمانی  $0 \leq t \leq t_f$  به 18 گام زمانی مساوی تقسیم گردید. برای حل عددی معادلات حاکم مقدار معیار توقف  $10^{-5}$  در نظر گرفته شده است که از لحاظ دقت خطای مطلق کوچک و مناسبی به حساب می‌آید.

تمام نتایج عددی با استفاده از یک لپ‌تاپ برند سونی با پردازنده مرکزی 2.26 گیگاهرتزی و رم 4 گیگابایتی<sup>1</sup> به‌دست آمده است.

#### 7- تعیین پارامترهای کلیدی حل معکوس

نتایج تخمین شار حرارتی مجهول به کمک نسخه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک که در بخش‌های 5.4 توصیف شده‌اند با استفاده از پارامترهای کلیدی که در جدول 2 آورده شده‌اند به دست آمده‌اند. این پارامترهای کلیدی با توجه به تجربه کاربر و همچنین با وارد نمودن مقادیر مختلف این کمیت‌ها در برنامه رایانه‌ای و بررسی نتایج به‌دست‌آمده از آن‌ها به روش سعی و خطا حاصل شده‌اند. الگوریتم‌های ژنتیک شامل تعداد زیادی عملگر و پارامترهای تصادفی هستند؛ بنابراین هر تخمین توسط این الگوریتم‌ها به پاسخ‌های متفاوتی منجر می‌شود. در این مطالعه برای ارزیابی عملکرد الگوریتم‌های ژنتیک توصیف شده بهترین نتیجه از میان نتایج حاصل از پنج حل مستقل ارائه می‌شود. همچنین مقادیر کمیت‌های مورد مطالعه حاصل از این پنج حل متوسط‌گیری شده و در کنار بهترین مقادیر آورده می‌شوند.

جدول 2 پارامترهای کلیدی نسخه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک

Table 2 Key parameters of different versions of genetic algorithms

پارامترهای کلیدی	SGA	MGA1	MGA2
N تعداد جمعیت،	60	60	60
I تعداد ژن‌ها،	18	18	18
روش انتخاب نسل اولیه	تصادفی	تصادفی	تصادفی
انتخاب	چرخ رولت	چرخ رولت	چرخ رولت
عملگر ادغام	رتبه‌ای	رتبه‌ای	رتبه‌ای
عملگر جهش	میان‌توسعه	اکتشافی اصلاح	میان‌توسعه
نرخ جهش ماکزیمم،	یافته	شده	یافته
$H_{max}$	خزشی	خزشی	خزشی
$H_{min}$ نرخ جهش مینیمم،	0.3	0.2	0.2
S فاکتور خزش،	0.05	0.05	0.05
$\chi_{GO}$	0.1	0.1	0.1
$\chi_E$	0.5	0.5	0.5
$\chi_{RA}$	0.17	0.17	0.17
$g_{min}$	0	0.33	0.33
$g_{max}$	-1	-1	-1
	+2	+2	+2

<sup>2</sup> Thermal layer

<sup>1</sup> SONY (VGN-FW148J), Intel® Core™2 Duo CPU P8400 @ 2.26GHz, 4 GB RAM

نتایج حاصل از نسخه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک، ماکزیمم تعداد نسل‌ها برابر با 100 در نظر گرفته می‌شود.

## 7-2- بررسی و انتخاب تعداد ابرکروموزم‌ها در نسخه‌های اصلاحی الگوریتم ژنتیک

در این مطالعه اثر تغییر تعداد ابرکروموزم‌ها در الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) بررسی شده است. شکل 5 بهترین نتیجه از میان نتایج تخمین شار حرارتی مثلی با استفاده از الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) و با وارد نمودن 10، 20 و 30 کروموزم از میان بهترین کروموزم‌های بازآرایی شده در نسل جدید را نشان می‌دهد. این نتایج با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده دقیق و با ماکزیمم تعداد نسل‌های برابر با 100 و برای جمعیت 60 کروموزمی به‌دست آمده‌اند.

همچنین شکل 6 تغییرات بهترین مقدار تابع هدف نرمال‌سازی شده با افزایش تعداد نسل‌ها برای سه حالت مورد مطالعه را نمایش می‌دهد. مقادیر متوسط خطای جذر میانگین مربعات و تابع هدف نرمال‌سازی

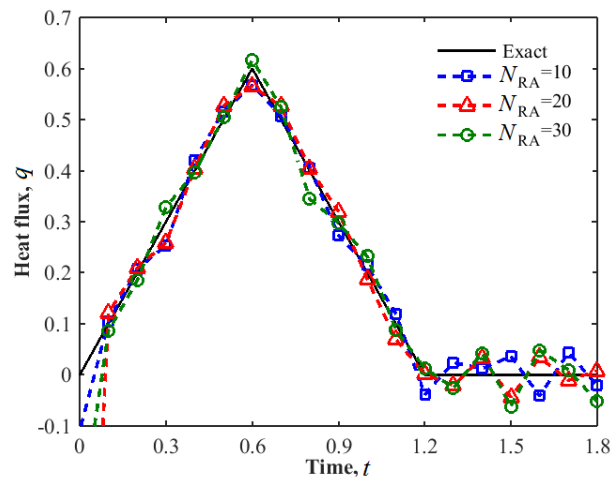


Fig. 5 Heat flux estimation by modified genetic algorithm (1) for different number of super chromosomes

شکل 5 شار حرارتی تخمین زده شده توسط الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) برای تعداد ابرکروموزم‌های مختلف

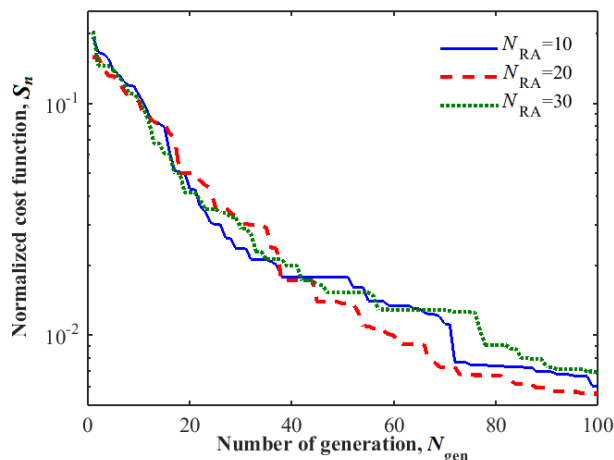


Fig. 6 The convergence history of modified genetic algorithm (1) for different number of super chromosomes

شکل 6 تاریخچه همگرایی الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) برای تعداد ابرکروموزم‌های مختلف

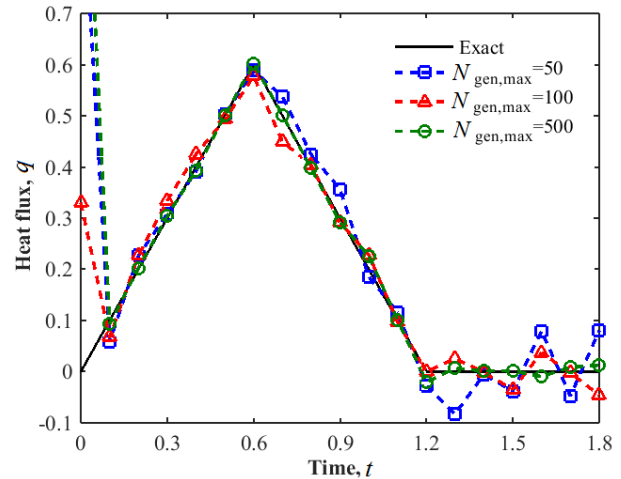


Fig. 3 Heat flux estimation by simple genetic algorithm for different maximum number of generations

شکل 3 شار حرارتی تخمین زده شده توسط الگوریتم ژنتیک ساده برای ماکزیمم تعداد نسل‌های مختلف

همان‌طور که در جدول 3 مشاهده می‌شود با افزایش ماکزیمم تعداد نسل‌ها میزان خطای جذر مربعات و مقدار تابع هدف نرمال‌سازی شده کاهش می‌یابد، اما از طرف دیگر مدت زمان انجام محاسبات طولانی‌تر می‌شود. این در حالی است که با صرف زمان طولانی‌تر پاسخ‌های دقیق‌تری نیز حاصل شده است. در این جدول تفاوت زیادی میان بهترین مقدار تابع هدف و مقدار میانگین آن برای الگوریتم ژنتیک ساده با ماکزیمم تعداد نسل‌های برابر با 50 دیده می‌شود. این بدان معناست که واریانس نتایج حاصل از حل‌های مختلف با این تعداد نسل زیاد است و برخی نتایج می‌توانند غیرقابل استناد باشند. با توجه به زمان محاسباتی ارائه شده در جدول 3 در ادامه جهت مقایسه

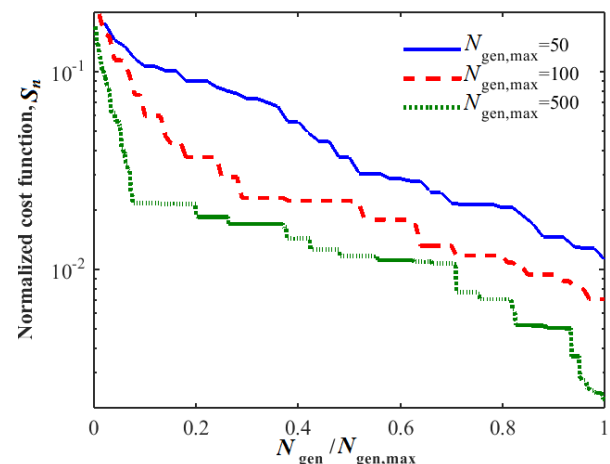


Fig. 4 The convergence history of simple genetic algorithm for different maximum number of generations

شکل 4 تاریخچه همگرایی الگوریتم ژنتیک ساده برای ماکزیمم تعداد نسل‌های مختلف

جدول 3 بررسی اثر افزایش ماکزیمم تعداد نسل‌ها با استفاده از الگوریتم ژنتیک ساده  
Table 3 The investigation of the effect of increasing maximum number of generations using simple genetic algorithm

$t_{CPU}(s)$	$\bar{S}_n$	$S_n$	$\bar{e}_{RMS}$	$e_{RMS}$	$N_{gen,max}$
82.8	0.0122	0.0112	0.0521	0.0424	50
154.4	0.0075	0.0071	0.0304	0.0269	100
752	0.0029	0.0022	0.0130	0.0096	500



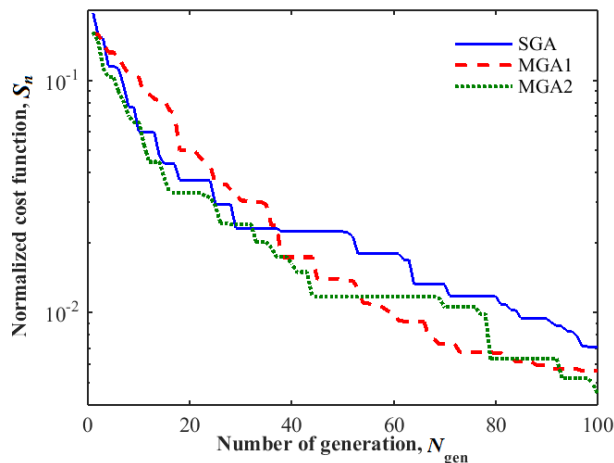


Fig. 8 The convergence history for three different versions of the genetic algorithm

شکل 8 تاریخچه همگرایی برای سه نسخه مختلف الگوریتم ژنتیک

جدول 5 ارزیابی عملکرد سه نسخه مختلف الگوریتم ژنتیک

Table 5 The performance evaluation of three different versions of genetic algorithm

$t_{CPU}$	$\bar{S}_n$	$S_n$	$\bar{e}_{rms}$	$e_{rms}$	نوع الگوریتم ژنتیک
154.4	0.0075	0.0071	0.0304	0.0269	SGA
162.2	0.0062	0.0056	0.0277	0.0248	MGA1
158.4	0.0062	0.0045	0.0270	0.0182	MGA2

نتایج شکل 7 آشکارا نشان می‌دهند که به کارگیری بازآرایی ژن‌ها اساساً عملکرد الگوریتم ژنتیک را بهبود می‌بخشد. دو نسخه اصلاح شده حتی با تعداد اندک نسل‌ها و اندازه جمعیت نه چندان زیاد تخمین‌های بسیار دقیقی را برای تابع شار حرارتی ارائه می‌دهند. برای الگوریتم ژنتیک ساده (بدون بازآرایی ژن‌ها)، همان‌طور که در بخش 1-7 نیز اشاره شد، این تعداد اندک نسل برای این اندازه جمعیت جهت تولید نتایج با دقت رضایت‌بخش کافی نیست، ولی با افزایش ماکزیمم تعداد نسل‌ها برای این نسخه از الگوریتم ژنتیک نیز می‌توان به نتایج دقیق و رضایت‌بخشی دست یافت، اما در این صورت زمان انجام محاسبات طولانی‌تر خواهد شد.

هر دو الگوریتم ژنتیک اصلاح شده پاسخ‌های مناسبی ارائه می‌دهند و عملکردشان از الگوریتم ژنتیک ساده به دلیل بازآرایی ژن‌ها بهتر است. دلیل این موضوع می‌تواند وارد نمودن ابرکروموزم‌های نسل بازآرایی شده بدون هیچ‌گونه تغییری در نسل بعدی باشد. برای مثال کروموزم رتبه اول در نسل بازآرایی شده بدون تغییر وارد نسل بعدی می‌شود. الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) در همه پارامترهای ارائه شده در جدول 5 پاسخ‌های بهتری ارائه می‌دهد. دلیل این امر تفاوت میان عملگر ادغام استفاده شده در این دو الگوریتم ژنتیک اصلاحی است. تفاوت در نحوه عملکرد عملگر ادغام نسخه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک را می‌توان در روند همگرایی این نسخه‌ها در شکل 8 مشاهده کرد. همان‌طور که در این شکل دیده می‌شود، همگرایی الگوریتم‌های ژنتیک ساده و اصلاح شده (2) با عملگر ادغام میانه توسعه یافته به صورت پله‌ای است، در حالی که عملگر ادغام اکتشافی اصلاحی در الگوریتم اصلاح شده (1) روند همگرایی هموارتری دارد.

در این مسئله بیشترین زمان پردازش صرف حل معادله مستقیم می‌شود. همان‌طور که از نتایج ارائه شده در جدول 5 دیده می‌شود، زمان پردازش یک حل توسط هر یک از سه نسخه الگوریتم ژنتیک با توجه به برابر بودن دفعات حل معادله مستقیم تقریباً یکسان است، اما کد رایانه‌ای الگوریتم‌های ژنتیک

شده در کنار بهترین مقادیر آن‌ها برای بررسی اثر افزایش تعداد ابرکروموزم‌ها در تشکیل نسل جدید توسط الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) در جدول 4 آورده شده است. در این جدول مدت زمان محاسباتی متناظر با بهترین حل معکوس از میان پنج حل انجام شده نیز نشان داده شده است.

همان‌طور که در جدول 4 مشاهده می‌شود، افزایش تعداد ابرکروموزم‌ها عملکرد الگوریتم را بهتر می‌کند، اما هنگامی که تعداد آن‌ها به نیمی از جمعیت کروموزم‌ها می‌رسد، عملکرد بدتر می‌شود. با توجه به رابطه (17)، برای شکل گرفتن نسل جدید با افزایش ابرکروموزم‌ها از تعداد کروموزم‌های اضافه شده به نسل جدید که حاصل از ادغام می‌باشند، کاسته می‌شود و این موضوع باعث کاهش تنوع در نسل جدید خواهد شد.

نتایج نشان می‌دهند الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) با تعداد 20 ابرکروموزم بهترین عملکرد را داراست. در دیگر محاسبات توسط این الگوریتم و همچنین در الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) که ماهیتی مشابه با الگوریتم اصلاحی (1) دارد، نیز از همین تعداد ابرکروموزم جهت تشکیل نسل جدید استفاده شده است.

### 8- مقایسه عملکرد نسخه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک

در این بخش نتایج حاصل از پنج حل جداگانه مسئله معکوس حاضر توسط سه نسخه متفاوت از الگوریتم ژنتیک (SGA، MGA1 و MGA2) با توجه به پارامترهای کلیدی انتخاب شده در بخش (7) و همچنین ارائه شده در جدول (2) آورده شده‌اند. در شکل‌های (7، 8) به ترتیب بهترین نتایج تخمین تابع شار حرارتی توسط این الگوریتم‌ها و تاریخچه همگرایی متناظر با آن با گذشت 100 نسل ارائه شده‌اند. نتایج با استفاده از اندازه‌گیری‌های شبیه‌سازی شده بدون خطا به دست آمده‌اند.

پارامترهای مورد نیاز جهت ارزیابی سه الگوریتم ژنتیک در جدول 5 آورده شده است.

جدول 4 بررسی اثر افزایش تعداد ابرکروموزم‌ها بر الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1)

Table 4 The investigation of the effect of increasing number of super chromosomes on modified genetic algorithm (1)

$t_{CPU}(s)$	$\bar{S}_n$	$S_n$	$\bar{e}_{rms}$	$e_{rms}$	$N_{RA}$
151.2	0.0072	0.0060	0.0317	0.0267	10
152.4	0.0062	0.0056	0.0277	0.0248	20
154.1	0.0085	0.0069	0.0374	0.0316	30

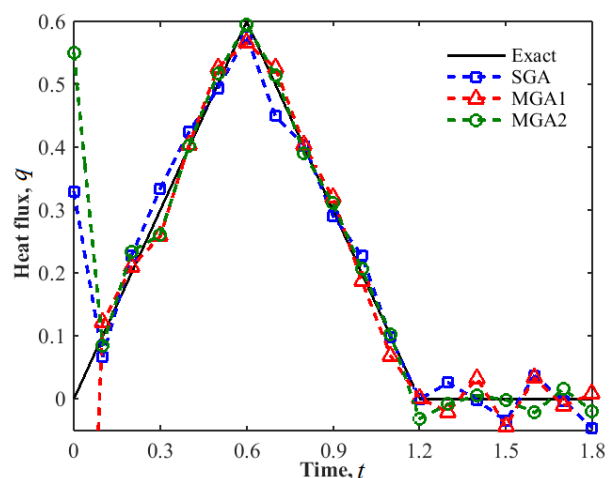


Fig. 7 Heat flux estimation by three different versions of the genetic algorithm

شکل 7 شار حرارتی تخمین زده شده توسط سه نسخه مختلف الگوریتم ژنتیک

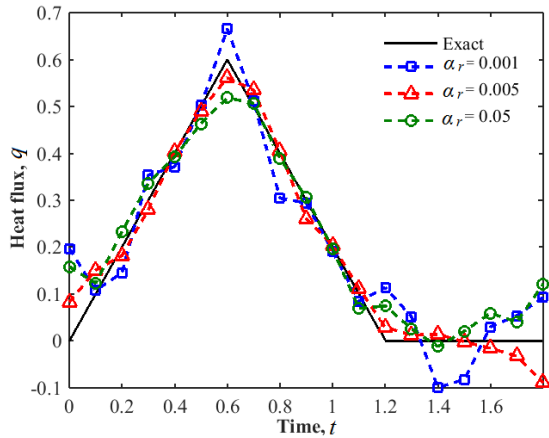


Fig. 9 Heat flux estimation by modified genetic algorithm (2) for different regularization coefficients

شکل 9 تخمین شار حرارتی توسط الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) برای ضرایب منظم‌سازی مختلف

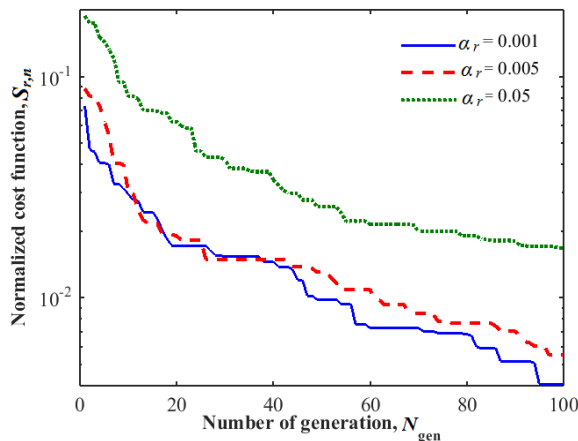


Fig. 10 The convergence history of modified genetic algorithm (2) for different regularization coefficients

شکل 10 تاریخچه همگرایی الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) برای ضرایب منظم‌سازی مختلف

جدول 6 بررسی اثر اضافه نمودن ترم منظم‌سازی با به‌کارگیری الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2)

Table 6 Investigating the effect of adding the regularization term using modified genetic algorithm (2)

$t_{CPU}(s)$	$\bar{S}_n$	$S_n$	$\bar{S}_{r,n}$	$S_{r,n}$	$\bar{e}_{rms}$	$e_{rms}$	$\alpha_r$
167.8	0.004	0.003	-	-	0.398	0.245	0
	5	4			4	4	
155.5	0.005	0.003	0.006	0.004	0.108	0.060	0.00
	7	8	1	1	2	2	1
152.8	0.005	0.005	0.006	0.005	0.045	0.031	0.00
	9	0	6	5	9	8	5
152.7	0.012	0.011	0.016	0.016	0.061	0.046	0.05
	4	9	4	8	3	4	

اطلاعی از نحوه تغییرات تابع مجهول در دسترس نیست و باید با حل معکوس مسئله شکل تغییرات شار حرارتی به دست بیاید. در این حالت مقدار ضریب منظم‌سازی بر اساس اطلاع اندکی در مورد نحوه تغییرات مورد انتظار یا با به کارگیری اصل باقی‌مانده‌ها<sup>1</sup> [1] با سعی و خطا انتخاب می‌شود.

همان‌طور که پیشتر اشاره شد در حالتی که  $\alpha_r=0$  است، با دور کردن مکان نصب سنسور از محل اعمال شار حرارتی پاسخ‌های حل معکوس دچار

اصلاح شده نسبت به الگوریتم ژنتیک ساده بلندترند، چرا که در آن‌ها یک تابع هزینه اضافی برای ارزیابی تک تک ژن‌های کروموزوم‌ها باید محاسبه شود. مدت زمان محاسباتی الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) اندکی از زمان پردازش الگوریتم اصلاحی (2) طولانی‌تر است، به این دلیل است که در الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (1) از هر جفت‌گیری تنها یک فرزند تولید می‌شود، در حالی که در الگوریتم اصلاحی (2) دو فرزند از هر جفت‌گیری حاصل شده و در نتیجه با نصف شدن تعداد آمیزش‌ها زمان محاسبات نیز کاهش می‌یابد.

### 9- اصلاح توسط اضافه نمودن ترم منظم‌سازی

همان‌طور که در بخش 7 اشاره شد با دور کردن محل اندازه‌گیری دما از مکان اعمال شار حرارتی حل مسئله توسط الگوریتم ژنتیک با نوسانات شدیدی همراه است. در این موارد مسئله معکوس به وضع است و عدم توانایی الگوریتم ژنتیک در تخمین شار حرارتی با استفاده از دماهای اندازه‌گیری شده در فاصله‌های دور از محل اعمال شار را می‌توان با اصلاح تابع هدف بهبود بخشید. این اصلاح با اضافه کردن ترمی به تابع هدف امکان‌پذیر است که همواری مورد انتظار برای تابع مجهول را به نحوی در مقدار تابع هدف منعکس می‌کند. این همان منظم‌سازی برای مسئله معکوس مورد مطالعه است. این ترم که به تابع هدف اضافه می‌شود، تغییرات زیگزاگی (نوسانات) شار حرارتی نسبت به زمان را جریمه می‌کند. تابع هدف که با رابطه (2) مشخص شده است به شکل رابطه (19) اصلاح می‌شود [12,1].

$$S_r[q(t)] = \sum_{i=1}^I \sum_{m=1}^M (T_{im} - Y_{im})^2 + \alpha_r \sum_{i=1}^{I-1} [q(t_{i+1}) - q(t_i)]^2 \quad (19)$$

که در آن  $\alpha_r$  ضریب منظم‌سازی است که بهترین مقدار برای حل مسئله باید برای این کمیت انتخاب شود. این ترم اضافه شده به تابع هدف که به ترم منظم‌سازی تیخونوف معروف است، همان فرم گسسته شده منظم‌سازی مرتبه اول که به شکل رابطه (20) است [1].

$$\alpha_r = \int \left( \frac{\partial q(t)}{\partial t} \right)^2 dt \quad (20)$$

تخمین شار حرارتی مثلی با اضافه نمودن ترم منظم‌سازی به تابع هدف و برای مقادیر مختلف ضریب منظم‌سازی،  $\alpha_r=0.001, 0.005, 0.05$ ، شکل 9 آورده شده است. این نتایج با به کارگیری الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) با ماکزیمم تعداد نسل برابر با 100 و با استفاده از دماهای شبیه‌سازی بدون خطا به دست آمده‌اند. همان‌طور که در بخش 7 اشاره شد، با قرار دادن یک سنسور دور از محل اعمال شارحرارتی، به طور مثال در  $\alpha_{meas}=0.95$  تخمین‌ها توسط الگوریتم ژنتیک دچار نوسانات شدیدی می‌شود؛ بنابراین در این بخش بررسی‌ها برای حالتی انجام شده است که سنسور در این نقطه قرار دارد.

شکل 10 تغییرات بهترین مقدار تابع هدف نرمال‌سازی شده برای سه ضریب منظم‌سازی مختلف را نمایش می‌دهد.

بهترین مقدار و مقدار متوسط تابع هدف نرم‌سازی شده با و بدون در نظر گرفتن مقدار منظم‌سازی و میزان خطای جذر میانگین مربعات به همراه مدت زمان پردازش در جدول 6 آورده شده است.

برای انتخاب ضریب منظم‌سازی مناسب احتیاج به دانستن نحوه تغییرات شار حرارتی جهت محاسبه میزان خطای تخمین برای مقایسه میان عملکرد حل معکوس با بکارگیری مقادیر مختلف این پارامتر است. در مسائل واقعی

<sup>1</sup> Residual principle

الگوریتم‌های ژنتیک اصلاح شده مبتنی بر بازآرایی ژن‌ها هستند. اساساً عملکرد الگوریتم ژنتیک با بازآرایی ژن‌ها و وارد نمودن ابرکروموزم‌ها به ساختار نسل بعدی بهبود می‌یابد. دو نسخه اصلاح شده حتی با تعداد اندک نسل‌ها و اندازه جمعیت نه چندان زیاد تخمین‌های دقیقی را برای تابع شار حرارتی ارائه می‌دهند. الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) در همه پارامترهای سنجش حل‌ها پاسخ‌های بهتری ارائه می‌دهد. افزایش تعداد ابرکروموزم‌ها عملکرد الگوریتم را برای الگوریتم‌های ژنتیک اصلاح شده بهتر می‌کند، اما هنگامی که تعداد آن‌ها به نیمی از جمعیت کروموزم‌ها می‌رسد، عملکرد بدتر می‌شود.

بررسی‌ها نشان دادند که با ضریب منظم‌سازی برابر با 0.005 پاسخ‌هایی بدون نوسان و هموار به دست می‌آیند، همچنین نتایج به‌دست‌آمده از روش گرادیان مزدوج با معادله الحاقی حتی در حالتی که سنسور در محلی دور از مکان اعمال شار قرار دارد، مقادیر دقیق تابع مفروض را به خوبی پوشش می‌دهد و در این حالت حل معکوس توسط این روش بر خلاف روش الگوریتم ژنتیک بد وضع نیست.

## 11- مراجع

- [1] M. Raudensky, K. A. Woodbury, J. Kral, T. Brezina, Genetic algorithm in solution of inverse heat conduction problems, *Numerical Heat Transfer, Part B: Fundamentals: Computation and Methodology*, Vol. 28, No. 3, pp. 293-306, 1995.
- [2] L. D. Chiwiacowsky, H. F. de Campos Velho, A. J. Preto and S. Stephany, Identifying initial condition in heat conduction transfer by a genetic algorithm: a parallel approach, *Proceedings of 24<sup>th</sup> Iberian Latin American Congress on Computational Methods in Engineering (CILAMCE-2003)*, Ouro Preto, Brazil, 2003.
- [3] S. Suram, K. M. Bryden, D. A. Ashlock, An evolutionary algorithm to estimate unknown heat flux in a one-dimensional inverse heat conduction problem, *Proceedings of the 5th International Conference on Inverse Problems in Engineering: Theory and Practice*, Cambridge, UK, 2005.
- [4] F. B. Liu, A modified genetic algorithm for solving the inverse heat transfer problem of estimating plan heat source, *Heat and Mass Transfer*, Vol. 51, No. 15-16, pp. 3745-3752, 2008.
- [5] H. C. Chang, W. H. Park, K. B. Yoon, T. K. Kim, D. H. Lee, W. S. Jung, Inverse estimation of properties for charring material using a hybrid genetic algorithm, *Mechanical Science and Technology*, Vol. 25, No. 6, pp. 1429-1437, 2011.
- [6] Y. Jafari, N. M. Khodadad Saryazdi, M. Dashti, Solving the inverse problem of transient heat transfer problem using boundary element method and genetic algorithm, *Proceeding of the 19<sup>th</sup> Annual Conference on Mechanical Engineering (ISME2011)*, Birjand, Iran, May 10-12, 2011. (in Persian)
- [7] S. Vakili, M. S. Gadala, Low cost surrogate model based evolutionary optimization solvers for inverse heat conduction problem, *Heat and Mass Transfer*, Vol. 56, No. 1-2, pp. 263-273, 2013.
- [8] M. Famouria, M. Jannatabadi, H. T. F. Ardakani, Simultaneous estimations of temperature-dependent thermal conductivity and heat capacity using a time efficient novel strategy based on MEGA-NN, *Applied Soft Computing*, Vol. 13, No. 1, pp. 201-210, 2013.
- [9] R. Pourgholi, H. Dana, S. H. Tabasi, Solving an inverse heat conduction problem using genetic algorithm: sequential and multi-core parallelization approach, *Applied Mathematical Modelling*, Vol. 38, No. 7-8, pp. 1948-1958, 2014.
- [10] M. B. Kadri, W. A. Khan, Application of genetic algorithms in nonlinear heat conduction problems, *The Scientific World Journal*, vol. 2014, Article ID 451274, 8 pages, 2014.
- [11] S. Szenasi, I. Felde, Configuring genetic algorithm to solve the inverse heat conduction problem, *Proceedings of 2017 IEEE 15th International Symposium on Applied Machine Intelligence and Informatics (SAMII)*, Herl'any, Slovakia, January 26-28, 2017.
- [12] M. N. Ozisik, H. R. B. Orlande, *Inverse Heat Transfer: Fundamentals and Applications*, First Edition, pp. 15-177, New York: Taylor & Francis, 2000.
- [13] M. Alireza, *An Introduction to Genetic Algorithm and its Applications*, Second Edition, pp. 1-63, Tehran: Naghoos, 2007. (in Persian)
- [14] A. Chipperfield, P. Fleming, H. Pohlheim, C. Fonseca, *Genetic Algorithm Toolbox for Use with MATLAB*, User's Guide, Version 1.2, University of Sheffield: Department of Automatic Control and Systems Engineering, 1994.
- [15] M. Gen, R. Cheng, *Genetic Algorithms and Engineering Optimization*, First Edition, pp. 1-41, US: John Wiley & Sons, 2000.
- [16] S. V. Patankar, *Numerical Heat Transfer and Fluid Flow*, First Edition, pp. 41-59, Washington: Taylor & Francis, 1980.

نوسانات شدیدی می‌شود. چنانچه مقدار ترم هموارسازی کوچک باشد،  $\alpha_r=0.001$ ، آن‌گاه وزن این ترم در مقدار تابع هدف ناکافی خواهد بود و مانند حالتی که  $\alpha_r=0$  است، کاهش مقدار تابع هدف نرمال‌سازی شده بدون ترم هموارسازی،  $S_{II}$ ، به دلیل کاهش حساسیت دماها به مقدار تابع مجهول در این فاصله از محل اعمال شار دیگر معیار قابل اطمینانی برای پی بردن به کاهش خطا در تخمین تابع مجهول نیست. همان‌طور که در جدول 6 قابل مشاهده است، کوچک‌تر بودن مقدار تابع هدف  $\alpha_r=0.001$  نسبت به دو حالت دیگر لزوماً منجر به تخمین‌هایی با خطای کمتر نشده‌اند. البته باید به این نکته توجه کرد که حتی با همین مقدار کوچک ضریب منظم‌سازی نیز پاسخ‌ها نسبت به حالت  $\alpha_r=0$  بهبود چشمگیری یافته‌اند. چنانچه مقدار تابع هموارسازی بزرگ باشد،  $\alpha_r=0.05$ ، آن‌گاه اثر ترم منظم‌سازی بر فرآیند جستجو غالب شده و مقادیر پیش‌بینی شده برای شار حرارتی مجهول با خطای بیشتری همراه خواهند بود. به هر حال با استفاده از برخی مقادیر ضریب منظم‌سازی مانند  $\alpha_r=0.005$ ، همان‌طور که در شکل 9 مشاهده می‌شود، پاسخ‌هایی منطقی به‌دست می‌آید. نتایج تخمین شار حرارتی با استفاده از این مقدار از ضریب منظم‌سازی برای شفافیت بیشتر با نتایج تخمین شار حرارتی بدون اضافه نمودن ترم منظم‌سازی به تابع هدف در شکل 11 مقایسه شده‌اند.

## 10- جمع‌بندی و نتیجه‌گیری

در این مقاله نتایج حاصل از حل معکوس مسأله تخمین شار حرارتی مجهول با استفاده از نسخه‌های مختلف الگوریتم ژنتیک با یکدیگر مقایسه شدند. دو نسخه اصلاح شده از این الگوریتم جهت بهبود عملکرد الگوریتم ژنتیک ساده ارائه و ارزیابی شدند. نتایج با استفاده از اندازه‌گیری‌های دمایی شبیه‌سازی شده بدون خطا به دلیل عدم دسترسی به داده‌های آزمایشگاهی برای حل معکوس به دست آمدند.

با افزایش ماکزیمم تعداد نسل‌های الگوریتم ژنتیک میزان خطای جذر مربعات تخمین شار حرارتی و مقدار تابع هدف نرمال‌سازی شده کاهش می‌یابد، اما از طرف دیگر مدت زمان انجام محاسبات طولانی‌تر می‌شود. این در حالی است که با صرف زمان طولانی‌تر پاسخ‌های دقیق‌تری نیز حاصل شده است.

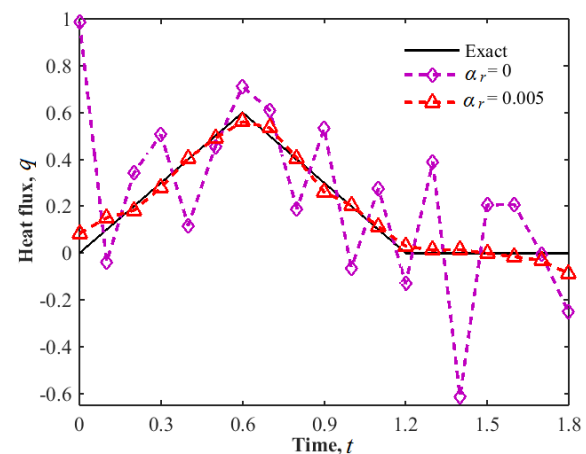


Fig. 11 Heat flux estimation by modified genetic algorithm (2) for  $\alpha_r=0$  and  $\alpha_r=0.005$  by using exact simulated temperature at  $x_{meas}=0.95$

شکل 11 تخمین شار حرارتی توسط الگوریتم ژنتیک اصلاح شده (2) برای  $\alpha_r=0$  و  $\alpha_r=0.005$  با استفاده از دمای شبیه‌سازی شده دقیق در  $x_{meas}=0.95$