مجله مهندسی مکانیک مدرس، اسفند 1395، دوره 16، شماره 12، ص‌ص 612-616

ماهنامه علمی پژوهشی

مهندسی مکانیک مدرس

mme.modares.ac.ir

# پیش‌بینی بهینه رفتار مخزن اختلاط T شکل براساس برنامه‌نویسی ژنتیکی چند هدفی

نیما هوشیار[1]، سید سیامک اشرف طالش[2*]

1-کارشناسی ارشد، مهندسی شیمی، دانشگاه گیلان، دانشکده فنی، رشت

2- استادیار، مهندسی شیمی، دانشگاه گیلان، دانشکده فنی، رشت

*رشت، صندوق پستی 1841، s_ashraf@guilan.ac.ir

**اطلاعات مقاله**

مقاله پژوهشی کامل

دریافت: 24 مهر 1395

پذیرش: 01 آذر 1395

ارائه در سایت: 05 دی 1395

*کلید واژگان:*

برنامه‌نویسی ژنتیکی

بهینه‌سازی فرآیندهای پیچیده

بهینه‌سازی چندهدفی

مدل‌سازی

**چکیده**

پیش‌بینی رفتار مخزن T شکل به‌دلیل پیچیدگی بالا همواره مورد علاقه محققین بوده است. در این مقاله براساس داده‌های آزمایشگاهی و با استفاده از برنامه‌ریزی ژنتیکی برای خروجی فرآیند اختلاط مدلی بهینه ارائه شده است. به‌منظور یافتن معادلات رفتاری سیستم، ابتدا با تغییر متغیرهای ورودی سیستم جدول داده‌های تجربی ورودی– خروجی به‌دست آمد. با استفاده از برنامه‌ریزی ژنتیکی، معادله حاکم بر جدول داده‌های ورودی– خروجی به‌منظور پیش‌بینی رفتار سیستم استخراج شده است. برای طراحی ساختار درخت‌های برنامه‌ریزی ژنتیکی از بهینه‌سازی چند هدفی با دو تابع هدف خطای مدل‌سازی و پیچیدگی ساختار مدنظر قرار گرفته است. با کمینه کردن همزمان این دو تابع هدف، به دنبال یافتن معادلات ساده‌تر (کمینه کردن پیچیدگی ساختار) و افزایش دقت مدل‌سازی (کمینه کردن خطا) انجام گردیده است. به‌منظور دست یافتن به معادلات با پیچیدگی کمتر عمق درختان تولید شده در ساختار برنامه‌ریزی ژنتیکی کمینه شده است. با استفاده از بهینه‌سازی چند هدفی مجموعه‌ای از نقاط بهینه ارائه گردیده است. مقایسه نتایج حاصل از خروجی مدل‌های ارائه شده و داده‌های تجربی نشان‌دهنده تطابق و عمل کردن بسیار خوب مدل ارائه شده براساس برنامه‌نویسی ژنتیکی چند هدفی می‌باشد.

# Optimum prediction of the T shape mixing chamber behavior based on multi-objective genetic programming

**Nima Hushyar, Seyed Siamak Ashraf Talesh***

Department of Chemical Engineering, University of Guilan, Rasht, Iran
* P.O.B. 1841, Rasht, Iran, s_ashraf@guilan.ac.ir

**ARTICLE INFORMATION**

Original Research Paper
Received 15 October 2016
Accepted 21 November 2016
Available Online 25 December 2016

*Keywords:*
Genetic programming
optimization of complex process
multi-objective optimization
modelling

**ABSTRACT**

Prediction of the behavior of T-shaped chambers due to their high complexity has always been of great interest to researchers. In this article, based on experimental data and genetic programming, the optimal model was presented for mixing process response. To obtain the system's behavioral equations, first, using the experimental results and by changing the input variables system, input – output data is extracted. In order to predict the behavior of the system, the equation of input – output data, is derived using genetic programming. To design the structure of genetic programming trees, multi-objective optimization with two objective functions is taken into consideration: model inaccuracy and complexity of structure. By minimizing the objective function at the same time, we are looking for simple equations (minimizing the complexity of the structure) and increasing the accuracy of modeling (minimizing the error). In order to achieve a less complex equation, depth of the generated trees in structure of genetic programming will be minimal. By using multi-objective optimization, optimum set of points have been presented. Comparing the results obtained from the models and real data represents a very good match.

## 1- مقدمه

برنامه‌ریزی ژنتیک[1] که به اختصار GP نامیده می‌شود، از الگوریتم‌های ژنتیک برای نوشتن برنامه‌های کامپیوتری استفاده می‌کند. در هوش مصنوعی، برنامه‌نویسی ژنتیکی(GP)، یک روش الگوریتم تکاملی الهام گرفته از تکامل بیولوژیکی[2] برای پیدا کردن برنامه کامپیوتری می‌باشد [1]. برنامه‌ریزی ژنتیکی نوعی از مدل‌سازی است که با ایجاد یک تابع، پارامترهای موثر یک فرآیند را به خروجی آن مرتبط می‌کند. هر سیستم پیچیده‌ای شامل یک سری متغیرهایی است که وابسته به سایر اجزا می‌باشد که ما برای درک چگونگی اثرگذاری این پارامترها به مدل‌سازی روی می‌آوریم [2]. برنامه‌ریزی ژنتیک که برای اولین بار توسط کوزا ارائه شد، جز روش‌های الگوریتم تکاملی محسوب می‌شود. در حالی‌که سایر روش‌های محاسبات تکاملی از کروموزم‌های رشته‌ای استفاده می‌کردند، کوزا از برنامه‌های کامپیوتری در قالب نمایش درختی در زبان لیسپ استفاده کرد و نشان داد که الگوریتم ژنتیک به این روش، در گستره وسیعی از مسایل قابل اجراست. این روش به برنامه‌ریزی ژنتیک معروف شد [3].

برنامه‌ریزی ژنتیکی روشی برای مدل‌سازی است که موجب بهتر شناخته شدن فرآیند می‌شود. در این روش از الگوریتم‌های ژنتیک برای نوشتن برنامه‌های رایانه‌ای استفاده شده است. دراین حالت متغیرها، ساختارهای

[1] Genetic Programming
[2] Biological evolution

**Please cite this article using:**

**برای ارجاع به این مقاله از عبارت ذیل استفاده نمایید:**

N. Hushyar, S. S. Ashraf Talesh, Optimum prediction of the T shape mixing chamber behavior based on multi-objective genetic programming, *Modares Mechanical Engineering*, Vol. 16, No. 12, pp. 612-616, 2016 (in Persian)

برنامه‌ریزی بوده، و خروجی نیز میزان توانایی برنامه در رسیدن به اهدافش است. برنامه‌ریزی ژنتیک جدیدترین شیوه از بین روش‌های الگوریتم گردشی[1] می‌باشد که به‌دلیل دارا بودن دقت کافی، به‌عنوان یک روش کاربردی مطرح می‌شود [4]. در برنامه‌ریزی ژنتیکی، ابتدا بلوک‌های موجود که شامل متغیرهای ورودی و هدف و نیز تابع ارتباط دهنده آن‌ها می‌باشند، تعریف گردیده و سپس ساختار مناسب الگو و ضرایب آن تعیین می‌شود. این روش شامل یک معادله ارتباط‌دهنده بین متغیرهای ورودی و خروجی بوده، لذا قادر به انتخاب خودکار متغیرهای مناسب الگو و حذف متغیرهای غیرمرتبط است که این امر سبب کاهش ابعاد متغیرهای ورودی خواهد شد [5]. انتخاب ورودی‌های مناسب، یکی از مهمترین مواردی است که بایستی در این روش مورد توجه قرار گیرد. این امر در شرایطی که از داده‌های ورودی مختلفی بهره برده می‌شود، از اهمیت مضاعفی برخوردار خواهد شد. چرا که ارائه داده‌های ورودی غیرمرتبط، سبب کاهش دقت الگو و ایجاد الگوهای پیچیده‌تری می‌شود که تفسیر آن‌ها با دشواری‌های بیشتری مواجه است [6].

در کاربرد مهندسی، از برنامه‌نویسی ژنتیک به‌طور وسیعی در الگوسازی مسائل مربوط به تعیین ساختار پدیده‌ها استفاده می‌شود. فرآیند گام به گام برنامه نویسی ژنتیک به‌صورت کلی به‌صورت زیر خلاصه می‌شود:

- یک جمعیت اولیه از توابع مرکب نشان‌دهنده الگوهای پیش‌بینی، به‌صورت تصادفی در نظر گرفته می‌شود (ایجاد کروموزوم‌ها)
- معرفی جمعیت اولیه (کروموزوم‌ها) به رایانه و ارزیابی هر یک از افراد (ژن) جمعیت مذکور با استفاده از توابع برازش (شناسایی موثرترین افراد در ماهیت پدیده)
- انتخاب ژن‌ها موثر به‌منظور تکثیر، جهش، جفت‌گیری و تولید مثل افراد جدید با صفات اصلاح شده (فرزندان)
- اعمال فرآیندهای توسعه تکراری بر روی فرزندان در هر تولید گام چهارم به تعداد معین و یا تا حصول بهترین پاسخ تکرار خواهد شد [7].

محاسبه و کنترل اندازه ذرات برای بهبود کیفیت داروی تولید شده از اهمیت خاصی برخوردار است. در این تحقیق سعی بر این است که به کمک یکی از روش‌های هوش مصنوعی به نام برنامه‌نویسی ژنتیک مدلی برای اندازه ذرات پیدا شود. مدل تعریف شده این کمک را می‌کند که در یک محدوده‌ی خاصی از تغییرات متغیرها بدون انجام آزمایش، اندازه تولید شده ذرات به درستی محاسبه شود. به‌عبارتی ساده‌تر با دادن مقادیر متغیرها به مدل بدون انجام آزمایش، می‌توان اندازه ذره تولید شده را از طریق مدل به‌دست آورد. با توجه به این‌که تاکنون در هیچ تحقیقی یک تابع تحلیلی که ارتباط بین ورودی‌ها و خروجی‌های این فرایند ارائه نشده است، لذا در این تحقیق مدل‌سازی اندازه ذرات خروجی از یک مخزن اختلاط T شکل به روش برنامه‌نویسی ژنتیکی چندهدفی جهت پیش‌بینی رفتار سیستم و ارائه یک مدل تحلیلی، صورت پذیرفته است.

## 2- برنامه‌ریزی ژنتیکی

همان‌گونه که ذکر گردید یکی از شاخه‌های پردازش تکاملی، برنامه‌نویسی ژنتیک می‌باشد. در برنامه‌نویسی ژنتیک سعی شده است که با استفاده از الگوریتم ژنتیک و مفاهیم درخت‌های تجزیه برای کاربردهای خاص، به جای نوشتن کد برنامه، به کامپیوتر این امکان داده شود که تنها با دانستن مفهوم کلی از کار، برنامه مورد نظر را آماده کند. در واقع یک دستور سطح بالا به کامپیوتر ارایه گردد و کامپیوتر برنامه لازم برای اجرای برنامه مورد نظر را آماده کرده، سپس برنامه را اجرا و خروجی مطلوب را ارائه دهد.

در الگوریتم‌های ژنتیکی، در طی مرحله تولید مثل[2] از عملگرهای ژنتیکی استفاده می‌شود. با تاثیر این عملگرها بر روی یک جمعیت، نسل[3] بعدی آن جمعیت تولید می‌شود. عملگرهای انتخاب[4]، پیوند[5] و جهش[6] معمولاً بیشترین کاربرد را در الگوریتم‌های ژنتیکی دارند [5,4].

امروزه در برنامه‌ریزی ژنتیکی، برنامه‌ها به جای خطوط کد به صورت نمایش درختی بیان می‌شوند. به‌عنوان مثال، "شکل 1" نمایش‌دهنده نمایش برنامه $\ln(y)+\sin(2x)$ است. متغیرها و مقادیر ثابت در برنامه $(2,x,y)$ برگ‌های درخت می‌باشند که در برنامه‌ریزی ژنتیکی به آن‌ها ترمینال[7] گفته می‌شود. همچنین عملگرهای محاسباتی $(+,*,\sin,\ln)$که گره‌های داخلی هستند، توابع[8] نامیده می‌شوند. توابع و ترمینال‌های مجاز در کنار هم مجموعه اولیه[9] یک سیستم برنامه‌ریزی ژنتیکی را تشکیل می‌دهند.

## 3- شرح آزمایش

کاربامازپین به‌عنوان یک ضدتشنج برای انواع گوناگونی از صرع تجویز می‌شود. مصرف جهانی این دارو در حدود 2.2 میلیون پوند در سال می‌باشد [7]. داده‌های آزمایشگاهی مربوط به تولید داروی کاربامازپین در مخزن اختلاط T شکل به روش جت‌های برخوردی می‌باشد.

همان‌طور که در "شکل 2" مشخص است دو جت مایع با هم مخلوط می شوند، و ضدحلال که به عنوان عاملی برای رسوب ذرات دارو می‌باشد به

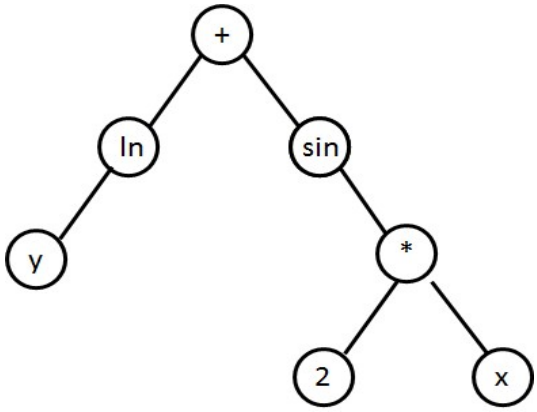


**Fig. 1** Display a formula in genetic programming

**شکل 1** نمایش یک رابطه در برنامه نویسی ژنتیکی

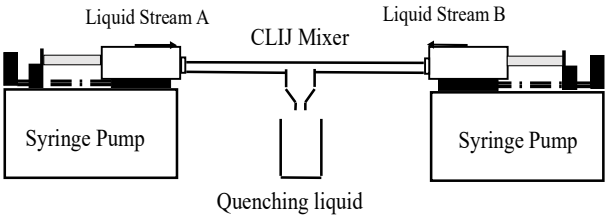


**Fig. 2** Method mixing in jet collision

**شکل 2** نحوه اختلاط در جت‌های برخوردی

[1] Circulating algorithm

[2] Reproduction
[3] Generation
[4] Selection
[5] Crossover
[6] Mutation
[7] Terminal
[8] Functions
[9] Primitive set

محلول اضافه می‌شود. عوامل زیادی بر اندازه تولید شده داروی کاربامازپین در روش جت‌های برخوردی تاثیرگذار هستند که تعدادی از آن‌ها مورد بررسی قرار خواهد گرفت [9]. در این مقاله، با استفاده از برنامه‌ریزی ژنتیکی و نتایج حاصل از آزمایش‌های جت‌های برخوردی مدل حاکم بر این فرآیند با استفاده از بهینه‌سازی چندهدفی استخراج شده است. با مطالعه مدل حاکم و بررسی پارامترهای موثر در تولید دارو می‌توان راه‌کارهای مناسبی برای بهبود کیفیت داروی تولید شده ارائه داد. از جمله عواملی که بر اندازه ذرات در این روش موثر است می‌توان به اندازه راکتور، غلظت دارو در محلول، نوع و میزان دبی محلول، نوع و میزان دبی ضد حلال، استفاده از انواع پایدارکننده و غلظت آن، نسبت فرونشانی، نحوه یکنواخت‌سازی و موارد دیگر اشاره کرد. همان‌طور که عنوان شد برای بررسی اندازه داروی تولید شده تغییرات تعدادی از فاکتورها را با ثابت در نظر گرفتن دیگر فاکتورها بررسی می‌کنیم. پارامترهای مورد بررسی عبارتند از غلظت محلول دارو، دبی ضدحلال، دبی محلول و همچنین نوع حلال. این چهار پارامتر بیشترین اثر را بر روی اندازه ذرات تولید شده دارند، به‌عبارتی دیگر این پارامترها تعیین‌کننده اندازه داروی تولید شده می‌باشند [10]. نام‌گذاری این پارامترها در جدول 1 آمده است. در جدول 2 محدوده پارامترهای مورد بررسی در کار آزمایشگاهی ارائه شده است.

با تغییر متغیرها در محدود ذکر شده در جدول 2، 40 داده آزمایشگاهی جمع آوری شده است. برای افزایش میزان دقت درون‌یابی و همچنین افزایش قدرت پیش‌بینی با استفاده از فرمول‌هایی که از طریق برنامه GMDH برای پیش‌بینی اندازه ذرات همین آزمایش به‌دست آمده، با 400 انتخاب کاملا تصادفی در محدوده تغییرات پارامترها و قرار دادن در مدل به‌دست آمده برنامه GMDH، 400 اندازه ذره جدید محاسبه شده است. به این صورت مجموع داده‌ها به 440 داده می رسد. در این میان نیز 40 داده از 400 داده تولید شده توسط برنامه GMDH را، جهت سنجش قدرت پیش‌بینی در نظر گرفته میشود. در نهایت از 360 داده تولید شده برنامه GMDH و 40 داده جمع‌آوری شده در آزمایشگاه، برای به‌دست آوردن مدل استفاده می‌شود.

مشخصات برنامه‌نویسی ژنتیکی در جدول 3 آمده است، محدوده طول درختان استفاده شده در برنامه نویسی دو حالت 1تا 6 و 6 تا 17 در نظر گرفته شده است.

همان‌طور که ذکر گردید داده‌های تجربی در دو حالت با عمق 6 تا 17 و سپس با عمق 1 تا 6 بررسی شده است. افزایش عمق درختان باعث افزایش میزان دقت و پایین آمدن خطا می‌شود اما بر میزان پیچیدگی مدل نهایی

**جدول 1** نام‌گذاری پارامترها

**Table1** Naming Parameters

| پارامتر | نماد پارامتر |
|---|---|
| غلظت محلول دارو | $X_1$ |
| دبی محلول | $X_2$ |
| دبی ضد حلال | $X_3$ |
| نوع حلال | $X_4$ |

**جدول 2** محدوده تغییرات پارامترها

**Table 2** Parameters' changes range

| پارامتر | محدوده |
|---|---|
| غلظت محلول (mg/ml) | 9-27 |
| دبی محلول (ml/min) | 20-100 |
| دبی ضد حلال (ml/min) | 140-720 |
| نوع حلال | 1-2 |

**جدول 3** مشخصات برنامه نویسی ژنتیکی

**Table 3** Specifications of genetic programming

| پارامتر | مقدار |
|---|---|
| تعداد جمعیت اولیه | 2000 |
| روش ایجاد جمعیت اولیه | Ramped half- and-half |
| احتمال پیوند | 0.85 |
| احتمال جهش | 0.2 |
| روش انتخاب | تورنمنت و رولت ویل |
| احتمال تورنمنت | 60% |
| احتمال رولت ویل | 40% |
| اندازه تورنمنت | 3 |

تاثیر می‌گذارد و مدل‌های حاصل شده با این عمق به طور کلی مدل‌های پیچیده و طولانی می‌باشند، از این‌رو پذیرش مدلی با خطای بیشتر ولی در عین حال با پیچیدگی کمتر و ساده‌تر منطقی به نظر می‌رسد. با داشتن مدلی ساده‌تر می‌توان پارامترهای موجود در فرآیند و میزان تاثیرگذاری متغیرها را در نتیجه نهایی بهتر و بیشتر مورد بررسی قرار داد [11]. برای محاسبه مقدار خطا برای مدل نهایی از رابطه (1) استفاده شده است [12].

$$f = \sum (y1 - y2)^2 \qquad (1)$$

در رابطه فوق $y_1$ اندازه ذرات محاسبه شده از طریق رابطه حاصله از برنامه‌نویسی ژنتیک می‌باشد $y_2$ و اندازه ذرات به‌دست آمده در آزمایشگاه می‌باشد. هر چه جمع مقدار مجذور تفاضل اندازه ذرات به صفر نزدیکتر باشد به این معنا است که مدل به‌دست آمده تطابق بیشتری با واقعیت آزمایش دارد (اندازه ذرات برحسب نانومتر می‌باشد) در ابتدا به بررسی مدل با عمق درختان بیشتر می‌پردازیم. در این نمودار داده‌های به‌دست آمده از برنامه‌نویسی ژنتیک برحسب داده‌های آزمایشگاهی رسم و میزان ضریب همبستگی برای داده‌ها محاسبه شده است. مقدار ضریب همبستگی برای این حالت 0.9917 به‌دست آمده که با توجه به "شکل 3" از دقت بالایی برخوردار است.

با استفاده از نرم‌افزار متلب و رسم همزمان داده‌های آزمایشگاهی و داده‌های به‌دست آمده از برنامه‌نویسی ژنتیک برحسب شماره آزمایش‌ها میزان انطباق‌پذیری داده‌های حاصل شده از برنامه‌نویسی ژنتیک با نتایج آزمایشگاهی سنجیده می‌شود.

در "شکل 4" نمودار میزان انطباق‌پذیری خروجی مدل با داده‌های آزمایشگاهی (عمق 6 تا 17) مربوط به ساختار با عمق 6 تا 17 ارائه شده است. محور $X$ شماره آزمایش، محور $Y$ اندازه ذرات برحسب نانومتر، خطوط پیوسته نشان‌دهنده اندازه ذرات به‌دست آمده در آزمایشگاه و نقاط، اندازه ذرات محاسبه شده از طریق مدل به‌دست آمده از برنامه‌نویسی ژنتیک می‌باشد. ساختار درختی با در نظر گرفتن عمق 6 تا 17 در"شکل 5" آورده شده است. مدل پیشنهاد شده توسط برنامه نویسی ژنتیک برای اندازه ذرات تولید شده نانو داروی کاربامازپین به‌صورت رابطه (1) است.

$$y = 4x2 - x1 - 3ln(|x3|) - ln(|x3 - x4 + e^{x4}|) + \frac{x1^2}{x2} + \frac{x1+x3+sin\ (x4)}{x2-2x4} - \frac{x2-x1+sin(ln|x2|e^{x4})}{sin(sin(sin(-sin(x4)+ln|x3|))))} + \frac{x3}{x2} - ln(|x1x3|)\,cos(x2^2) + x1^2 + \frac{x1\,ln\left(\frac{|x4|}{|x3|}\right)}{cos\left(sin\left(\frac{x1}{x2}\right)\right) - \frac{ln(|x4|)(x2-x3)}{sinh\left(\frac{x3}{x1}\right)}} + \frac{x3^2}{x1x2^2} - \frac{x1^2\,sin(x1)}{x2} + \frac{ln\left(\frac{|x4|}{|x3|}\right)(x1+x4)}{cos\left(\frac{x2}{x3}\right)} + \frac{x2^2\left(x1+\frac{x3}{x2}\right)}{x3\left(x2-x1+cos\left(\frac{x3}{x1}\right)\right)} - \frac{x1x2e^{x4}sin(ln(|x1|))}{x2+x4} - \frac{x1x2e^{x4}\,cos(ln|x2|\,e^{x4})}{x3} \qquad (2)$$

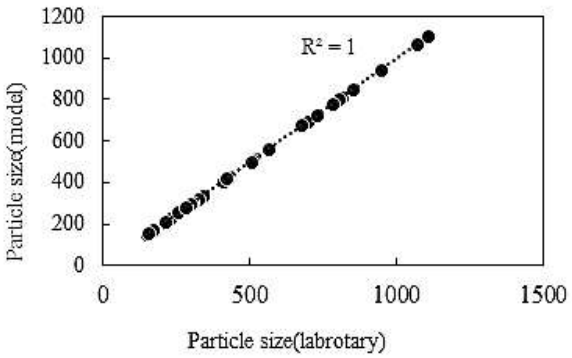


**Fig. 3**The correlation coefficient model with depth in the range of 6 to 17

**شکل 3** ضریب همبستگی مدل با عمق در محدوده 6 تا 17

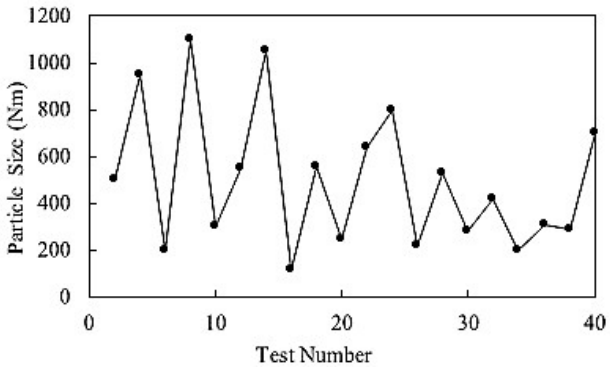


**Fig. 4** The adaptability of the model to experimental data (depth 1 to 6)

**شکل 4** میزان انطباق‌پذیری مدل بر داده‌های آزمایشگاهی (عمق 1 تا 6)

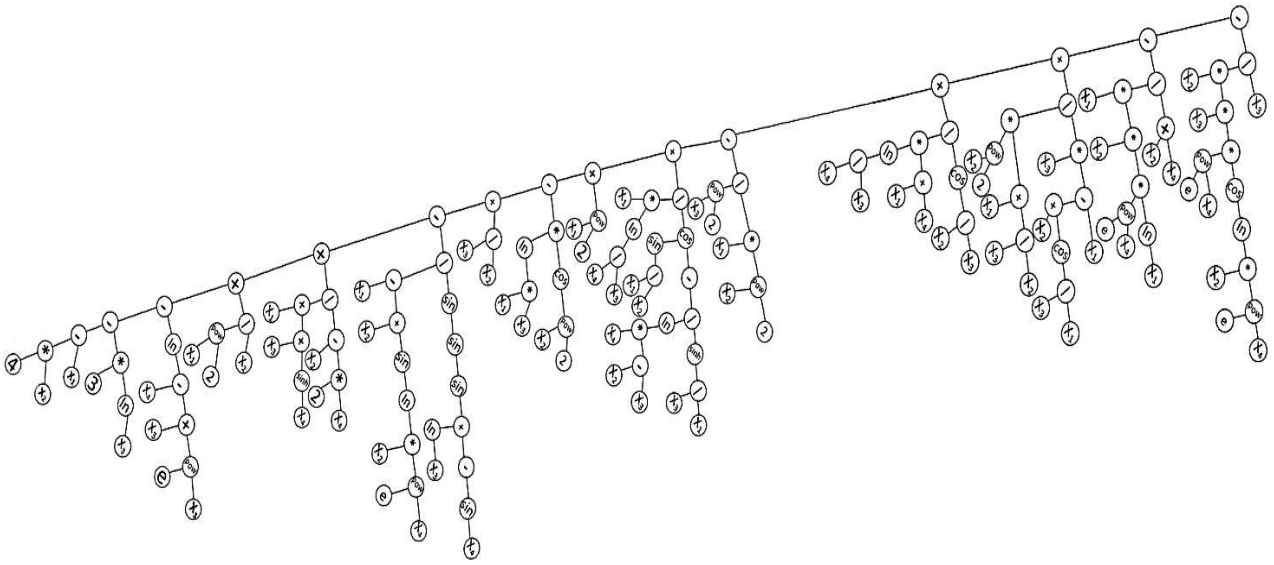

**Fig. 5** The first tree structure equation

**شکل 5** ساختار درختی رابطه اول

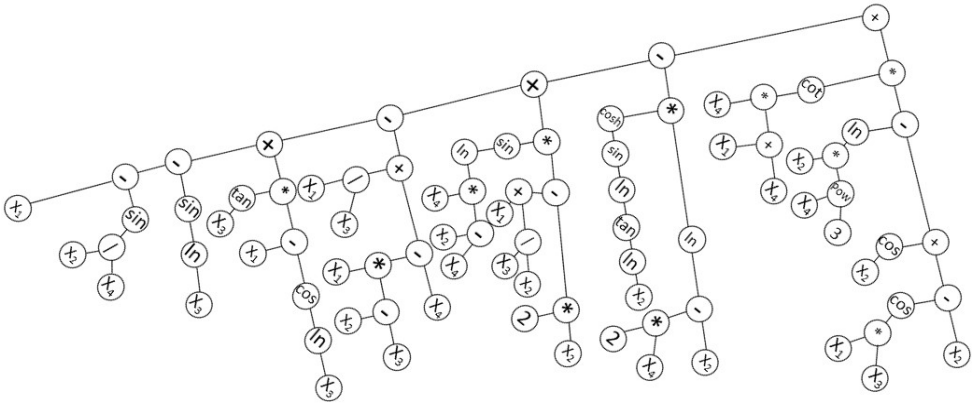

**Fig. 6** The second tree structure equation

**شکل 6** ساختار درختی رابطه دو

همان‌طور از رابطه (2) مشاهده می‌شود، مدل به‌دست آمده با وجود دقت بالا، طولانی و پیچیده می‌باشد. لازم به ذکر است این حد از پیچیدگی ریاضی از ساختار درختی "شکل 5" قابل پیش‌بینی می‌باشد. در نتیجه محدوده عمق درختان را به 1 تا 6 کاهش داده شده است. در "شکل 6"ساختار درختی با عمق 1 تا 6 ارائه شده است. از مقایسه "شکل 5 و 6" نیز می‌توان دریافت با توجه به سادگی ساختار درختی "شکل 6" در مقایسه با "شکل 5"، انتظار رابطه ریاضی ساده‌تر نیز وجود دارد. با توجه به "شکل 7" مقدار ضریب همبستگی در ساختار درختی با عمق 1 تا 6، 0.7652 به‌دست آمده است. میزان انطباق‌پذیری و ضریب همبستگی داده‌های به‌دست آمده از برنامه‌نویسی ژنتیک برحسب داده‌های آزمایشگاهی در "شکل 8" نشان داده شده است.

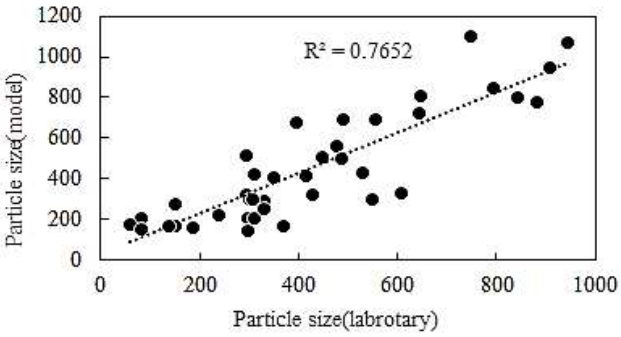


**Fig. 7** The correlation coefficient model with a depth ranging from 1 to 6

**شکل 7** ضریب همبستگی مدل با عمق در محدوده 1 تا 6

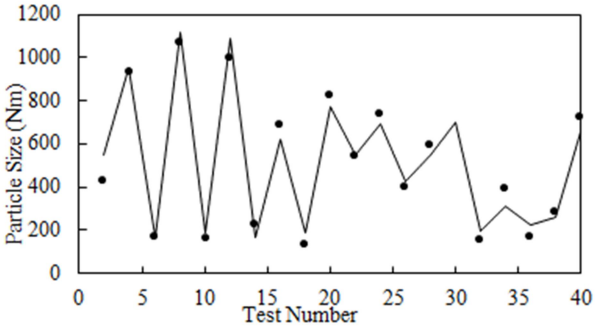


**Fig. 8** The adaptability of the model to experimental data (depth 1 to 6)

**شکل 8** میزان انطباق‌پذیری مدل بر داده‌های آزمایشگاهی (عمق 1 تا 6)

مدل پیشنهاد شده توسط برنامه‌نویسی ژنتیک برای اندازه ذرات تولید شده نانوداروی کاربامازپین با عمق درختان کمتر به‌صورت معادله (3) می‌باشد.

$$y = \left(x1 - sin\left(\frac{x2}{x4}\right) - sin\big(ln(|x3|)\big) + tan\big(ln(|x3|)\big)\right)\left(x1 - cos\big(ln(|x3|)\big) - ln\left(\frac{|x1(x2-x3)|}{|x4|}\right) + \frac{x1}{x3}\right) - sin\big(ln(|x4(x2 - x4)|)\big)\left(x1 - 2x2 + \frac{x3}{x2}\right) + cosh\big(sin\big(ln(|tan(ln(|x2|))|)\big)\big)\, ln(|2x4 - x2 + cot(x4)(x1 + x4)|)\,(x2 - cos(x1x3) + cos(x2) - ln(|x2||x4|^3) \quad (3)$$

## 4- جمع‌بندی

استفاده از برنامه‌ریزی ژنتیکی در مدل‌سازی فرآیندهای پیچیده منجربه ارائه راه‌حل‌های ساده‌تر و دقیق‌تر نسبت به سایر روش‌ها می‌شود. برنامه‌ریزی ژنتیکی، اعمال الگوریتم ژنتیک بر روی برنامه‌های کامپیوتری با ساختارهای درختی انعطاف‌پذیر است. این روش می‌تواند فضای جستجوی وسیع‌تری را نسبت به الگوریتم ژنتیک تحت پوشش قرار دهد و در مسائلی که الگوریتم ژنتیک به‌دلیل ثابت بودن ساختارهای تحت تکاملش توانایی حل آن‌ها را ندارند، پاسخ‌های مناسب ارائه دهد. با تغییرات در برخی از پارامترهای برنامه‌نویسی در پاره‌ای از مواقع با حدس و خطا می‌توان به نتیجه مناسب رسید. مشاهده شده که در این آزمایش با عمق درختان زیاد و تنها با استفاده از داده‌های آزمایشگاهی می‌توان به ضریب همبستگی بالایی رسید ولی به‌دلیل طولانی بودن و غیرقابل مشتق‌گیری رابطه نهایی، جنبه کاربردی آن به‌شدت کاهش پیدا می‌کند. در نتیجه برای کوچک‌تر کردن رابطه نهایی عمق درختان کاهش داده شده است. همچنین برای افزایش قدرت پیش‌بینی مدل با استفاده از کارهای انجام شده بر روی داده‌های آزمایشگاهی داروی کاربامازپین، مدلی برای هر دو آزمایش از طریق برنامه GMDH به دست آمده است، که در این تحقیق از همین مدل‌ها برای افزایش داده استفاده شده است. در نتیجه پس از بررسی و به‌دست آوردن مدل با عمق پیشنهادی جان کوزا، از عمق کمتر و با داده‌های بیشتر برای بار دوم رابطه‌ای برای آزمایش از طریق برنامه‌نویسی ژنتیکی به‌دست آمده است. در این آزمایش زمانی که عمق درختان کاهش می‌یابد ضریب همبستگی داده‌های محاسبه شده نسبت به داده‌های آزمایشگاهی از 0.9917 به 0.7652 کاهش می‌یابد. با بررسی ضریب همبستگی‌های مدل‌ها برای هر دو حالت، می‌توان دریافت که مدل پیشنهادی حالت اول با وجود دقت بالا، فاقد قدرت پیش‌بینی وهمچنین پیچیدگی زیاد است. در نتیجه مدل دوم، مدلی کاربردی‌تر می‌باشد.

## 5- مراجع

[1] C. R. Shalizi, *Methods and Techniques of complex systems science: An overview*, Springer, US, 978-387-30241-6, Vol.12, pp. 33-114, 2006.

[2] C. A .C. Coello, G. B. Lamont, D. A. V. Veldhuizen, *Evolutionary Algorithms for solving Multi-objective problems*, second ed. Springer, 978-0-387-36797-2,Vol.5,pp.131-154, 2007.

[3] J. R. Koza, Genetic programming: *On the programming of computers by means of natural selection*, Cambridge, MIT Press, Vol. 19,pp. 121-181, 1992.

[4] R. S. Rosenburg, *Simulation of genetic populations with biochemical properties*, PhD thesis, University of Michigan, Ann Halbor, 1967.

[5] J. D. Schaffer, Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms, presented at the first international conference on genetic algorithms and their applications, *Lawrence, London*,0-8058-0426-9, Vol. 12, pp. 93-102, 1985.

[6] Y. S. R. Eberhart, J. Kennedy, *Swarm Intelligence*, first Edition, pp. 194-225, San Francisco: Morgan Kaufmann, 2001.

[7] C. M. F. K. Rodriguez-Vazquez, P. J. Fleming, Multi-objective genetic programming: A nonlinear system identification application, *Genetic Programming Conference*, Stanford University, CA, USA, Vol. 34, pp. 930-931, 1998.

[8] A. AsadiTashvigh, F. ZokaeeAshtiani, M. Karimi, A. Okhovat, A novel approach for estimation of solvent activity in polymer solutions using genetic programming, *CALPHAD: Computer Coupling of Phase Diagrams and Thermochemistry*, Vol. 51, pp. 35–41, 2015.

[9] E. Ghotbi, R. Rahmannejad, A. Monfared, E. Ghotbi, Application of numerical modeling and genetic programming to estimate rock mass modulus of deformation, *International Journal of Mining Science and Technology*, Vol. 23, pp. 733–737, 2013.

[10] M. A. Pereira, C. A. D. Júnior, E. G. Carrano, J. Vasconcelos, A niching genetic programming-based multi-objective algorithm for hybrid data classification, *Neurocomputing*, Vol. 133, pp. 342–357, 2014.

[11] W. B. Langdon, R. Poli, Better trained ants for genetic programming Technical, *In Technical Report CSRP-98-12*, Ed. University of Birmingham, School of Computer Science, Vol. 8, pp. 4-9, 1998.

[12] W. B. Langdon, S. J. Barrett, B. F. Buxton, Predicting biochemical interaction human P450 2D6 enzyme inhibition, *Proceedings of the 2003 Congress on Evolutionary Computation CEC2003*, Vol. 2, pp. 807-814, 2003.