

## مقایسه کارایی الگوریتم DDS با الگوریتم ژنتیک و تکامل تصادفی جوامع در بهینه‌سازی پارامترهای مدل هیدرولوژیکی یکپارچه HyMod

ابوالحسن فتح‌آبادی<sup>۱\*</sup>، مهناز کوهنشین<sup>۲</sup>، علی حشمت‌پور<sup>۳</sup> و معصومه فراستی<sup>۴</sup>  
<sup>۱،۳،۴</sup> استادیار، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس و <sup>۲</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد آبخیزداری، دانشکده کشاورزی و منابع  
طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۰۹/۱۰

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۳/۱۴

### چکیده

در دهه‌های اخیر مدل‌های هیدرولوژیکی کاربرد گسترده‌ای در شبیه‌سازی فرایند بارش رواناب یافته‌اند. این مدل‌ها دارای مقادیر پارامترهای ثابت هستند که نیاز است با روش مناسب، مقادیر آن‌ها بهینه شوند. در واقع، کارایی مدل‌های هیدرولوژیکی علاوه بر ساختار آن‌ها به مقادیر بهینه پارامترهای آن‌ها بستگی دارند. در این پژوهش، به بررسی کارایی سه روش بهینه‌سازی اتوماتیک شامل الگوریتم تکامل تصادفی جوامع، DDS و الگوریتم ژنتیک در بهینه‌سازی پارامترهای مدل یکپارچه HyMod در حوضه قورچای رامیان پرداخته شد. برای هر سه الگوریتم، سرعت رسیدن به هم‌گرایی و میزان تغییرات مقادیر بهینه شده مورد بررسی قرار گرفت. الگوریتم ژنتیک در تعداد اجرای کمتری به هم‌گرایی رسید و پس از آن، الگوریتم DDS در مرتبه بعدی قرار داشت. از نظر زمان اجرا به ازای هر تکرار، کمترین زمان مربوط به روش تکامل تصادفی جوامع و بیشترین زمان مربوط به روش الگوریتم ژنتیک بود. بیشترین نوسانات در جواب‌های بهینه شده مربوط به الگوریتم DDS و کمترین نیز مربوط به الگوریتم تکامل تصادفی جوامع بود که از این نظر، بهینه‌سازی با استفاده از روش تکامل تصادفی جوامع از ثبات بیشتری برخوردار بود. با استفاده از تحلیل واریانس و مقایسه میانگین‌ها مشاهده شد، در روش تکامل تصادفی جوامع با افزایش تعداد جوامع تا ۱۲ جمعیت عملکرد مدل بهتر شد که از این تعداد بیشتر، عملکرد الگوریتم بهبود پیدا نکرد. برای پارامتر alpha با افزایش مقدار آن، عملکرد الگوریتم بدتر شد و بهترین عملکرد الگوریتم مربوط به مقدار برابر با ۰/۵۸ بود. بر عکس پارامتر alpha، با افزایش پارامتر beta عملکرد الگوریتم بهتر شد و بهترین عملکرد در مقدار beta برابر با یک به دست آمد. برای الگوریتم ژنتیک مقادیر بهینه تعداد کروموزوم‌ها، نرخ تزویج و نرخ جهش به ترتیب برابر با ۱۶، ۰/۲ و ۰/۳ به دست آمد.

**واژه‌های کلیدی:** بارش رواناب، بهینه‌سازی اتوماتیک، حوضه قورچای رامیان، سرعت هم‌گرایی، واسنجی

### مقدمه

کشاورزی، مدیریت اراضی، انرژی برق آبی و غیره مدیران ناگزیر به استفاده از مدل‌های هیدرولوژیکی هستند. میزان اعتماد تصمیم‌گیران به یک مدل، بستگی به

به‌منظور مدیریت منابع آب برای ارزیابی تاثیر سناریوهای مختلف بر روی بخش‌های مختلف مانند

کرد (Daun, ۲۰۰۳). در واسنجی اتوماتیک یک الگوریتم در فضای پارامترها به جستجو پرداخته و بهترین مجموعه پارامتر را پیدا می‌کند. از آنجایی که این روش زمان‌بر نبوده، تحت تاثیر دانش کاربر نیست و با توسعه مدل قابلیت سازگاری و توسعه دارد، نسبت به روش دستی برتری یافته است (Madsen, ۲۰۰۳). الگوریتم‌های بهینه‌سازی با توجه به نوع مقادیر بهینه به دو دسته روش‌های محلی و سراسری تقسیم‌بندی می‌شوند. روش‌های جستجوی محلی شامل روش‌های مستقیم و روش‌های مبتنی بر مشتق هستند. در مدل‌های هیدرولوژیک به دلیل مسائلی از قبیل طبیعت معادلات مدل، وجود چندین منطقه جذب در فضای پارامترها، ناهموار و ناپیوسته بودن سطح تابع هدف و وجود پارامترهای آستانه‌ای استفاده از روش‌های بهینه‌سازی محلی نتایج رضایت‌بخشی ارائه نمی‌دهند (Duan, ۱۹۹۲ و ۲۰۰۳). در حالت وجود مناطق جذب مختلف، الگوریتم بهینه‌سازی باید جستجو و هم‌گرایی را به صورت سراسری انجام دهد. الگوریتم باید قادر باشد تا در نقاط بهینه محلی به دام نیفتد و همچنین، نباید نیاز به مشتقات تابع هدف نسبت به پارامترها داشته باشد. از سوی دیگر، به دلیل آن‌که معمولا مدل‌های هیدرولوژیک دارای تعداد زیادی پارامتر هستند، الگوریتم باید در فضای با بعد بالا کارایی لازم را داشته باشد (Duan, ۲۰۰۳).

چنانچه پارامترهای مدل به خوبی برآورد نشوند، اگر چه ساختار مدل مناسب باشد و داده‌های مناسب در دسترس باشند، مدل نمی‌تواند فرایند مورد نظر را به خوبی شبیه‌سازی کند. در این شرایط، نیاز به الگوریتمی است که بتواند مقادیر پارامترها را به نحوی پیدا کند که بیشترین شباهت بین مقادیر مشاهداتی و شبیه‌سازی شده وجود داشته باشد. روش‌های بهینه‌سازی مختلفی در منابع وجود دارند که از نظر ساختار، پیچیدگی، سرعت هم‌گرایی، زمان اجرا و سایر خصوصیات با هم متفاوت هستند. در این حالت، متناسب با داده‌های در دسترس، مدل مورد استفاده و زمان، باید روشی مناسب از بین روش‌های مختلف انتخاب شود.

توانایی مدل در شبیه‌سازی مقادیر مشاهداتی دارد (Westerberg و همکاران، ۲۰۱۱). مدل‌های هیدرولوژیکی مفهومی بر اساس روابط تجربی بین متغیرهای هیدرولوژیکی مشاهده شده در طبیعت یا آزمایشگاه بنا گذاشته شده‌اند. در واقع، در این نوع مدل‌ها یک خلاصه‌سازی از طبیعت صورت گرفته است. این مدل‌ها دارای برخی ضرایب ثابت هستند که به عنوان پارامترهای مدل شناخته می‌شوند و کارایی مدل‌های هیدرولوژیک بستگی به مقادیر آن‌ها دارد (Duan و همکاران، ۱۹۹۴). اگر چه، برای برخی پارامترها یک مبنای فیزیکی وجود دارد، اما این پارامترها نیز به صورت مستقیم در عرصه قابل اندازه‌گیری نیستند و یا اندازه‌گیری آن‌ها بسیار مشکل است. بنابراین، در اغلب موارد این پارامترها نیز بهینه می‌شوند (Duan, ۲۰۰۳).

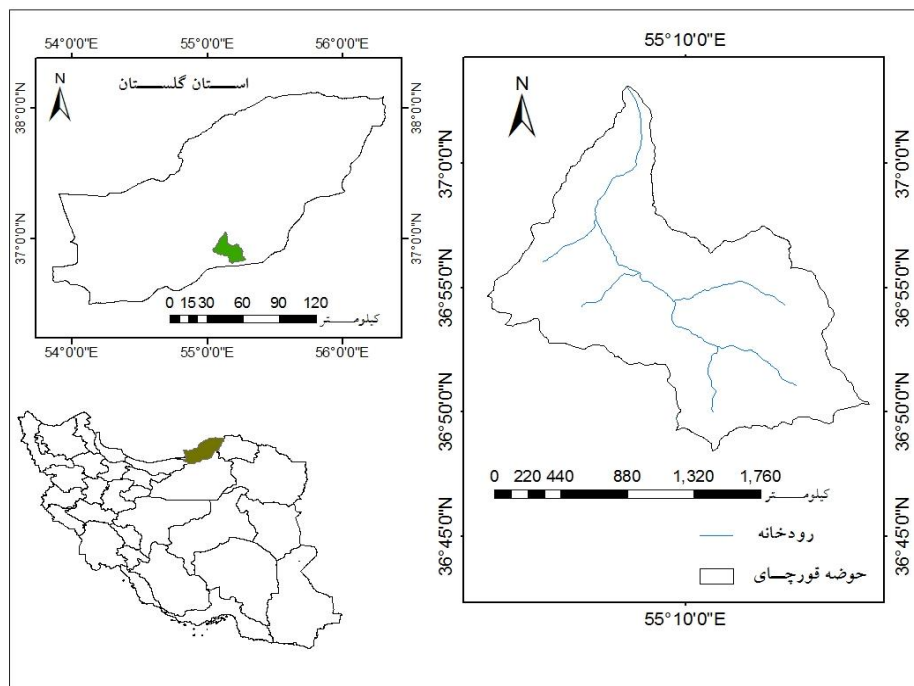
فرایند پیدا کردن پارامترهای مدل با توجه به ورودی‌ها و خروجی‌های مشاهداتی را واسنجی می‌گویند (Tolson و Shoemaker, ۲۰۰۷). واسنجی مدل، مستلزم تنظیم پارامترهای مدل به نحوی است که بیشترین شباهت بین مقادیر مشاهداتی و خروجی مدل وجود داشته باشد. به دلیل عدم تحدب فضای پارامترها، حجم زیاد محاسبات برای تعیین تابع هدف و همچنین ابعاد بالای مسئله فرایند واسنجی یک فرایند پیچیده است (Duan, ۱۹۹۲). دو رویکرد متداول برای واسنجی مدل‌های هیدرولوژیک شامل واسنجی دستی و واسنجی اتوماتیک می‌باشند (Boyle و همکاران، ۲۰۰۰). واسنجی دستی شامل فرایند پیدا کردن یک مجموعه پارامتر قابل قبول با آزمون و خطا است. در این روش، دانش و فهم کاربر از نحوه تغییرات معیار ارزیابی نسبت به تغییرات پارامترهای مختلف به همراه قضاوت کارشناسی و چشمی ترکیب شده تا در نهایت بهترین مجموعه پارامترها به دست آیند (Duan, ۲۰۰۳). در این روش، ارتباط مستقیم کاربر با مدل باعث می‌شود تا فرایند واسنجی دستی بی‌نهایت پر زحمت شود و نیاز به کاربران با تجربه و دقیق دارد (Madsen, ۲۰۰۳). از مزیت‌های این روش می‌توان به تاثیر کم داده‌های پرت در فرایند بهینه‌سازی و همچنین، بالا رفتن درک کاربر نسبت به مدل اشاره

۲۴۸۱۶ هکتار و محیط آن ۹۰۹۸۰ متر می‌باشد. رودخانه اصلی این حوضه، قره‌چای بوده که دارای ۳۵/۸ کیلومتر طول می‌باشد و از قسمت‌های کوهستانی جنوب حوضه سرچشمه گرفته و از شمال حوضه خارج می‌شود. ۱۸۴۷۷/۵۳ هکتار از مساحت حوضه دارای پوشش جنگلی، ۸۲۷ هکتار مرتع و ۳۴۱۸/۴۳ هکتار زمین‌های زراعی است. شیب متوسط حوضه برابر ۳۶/۰۴ درصد بوده که آن را در زمره حوزه‌های آبخیز با شیب تند قرار می‌دهد. در این پژوهش، از داده‌های دبی، بارش و تبخیر و تعرق ایستگاه رامیان در خروجی حوضه قره‌چای استفاده شد. داده‌های مربوط به ابتدای مهر ۱۳۷۴ تا آخر شهریور ۱۳۷۷ برای واسنجی مدل و داده‌های مربوط به ابتدای مهر ۱۳۷۷ تا انتهای شهریور ۱۳۸۰ برای اعتبارسنجی مدل استفاده شد.

بدین منظور، در این پژوهش، به بررسی کارایی الگوریتم DDS و مقایسه آن با روش‌های الگوریتم ژنتیک و تکامل تصادفی جوامع در بهینه‌سازی پارامترهای مدل هیدرولوژیکی HyMod اقدام می‌شود. در این پژوهش، مدل HyMod با توجه به ساختار ساده آن، سرعت بالای اجرا، در دسترس بودن کدهای Matlab آن و همچنین، نیاز به ورودی‌های کم استفاده شد.

## مواد و روش‌ها

**منطقه مورد پژوهش:** حوضه قورچای در جنوب حوزه آبخیز گرگان‌رود و در جنوب شهرستان رامیان در استان گلستان، در طول جغرافیایی  $24^{\circ} 21' 55''$  تا  $47^{\circ} 16'$  شرقی و  $36^{\circ} 48' 26''$  تا  $5^{\circ} 3'$  شمالی قرار دارد (شکل ۱). مساحت کل حوضه



شکل ۱- موقعیت منطقه مطالعه در ایران و استان گلستان

تبخیر و تعرق به مدل معرفی می‌شوند (شکل ۲). مدل با در نظر گرفتن مقدار بیشینه ظرفیت ذخیره رطوبت خاک و تبخیر و تعرق، تغییرات مقدار رطوبت خاک ( $S_M$ ) را متناسب با زمان با استفاده از رابطه‌های (۱) تا (۳) محاسبه می‌کند.

**مدل HyMod:** در این مدل فرض می‌شود، ظرفیت ذخیره رطوبت خاک در قسمت‌های مختلف حوضه متغیر بوده و بخشی از حوضه که دارای رطوبت اشباع است متناسب با زمان تغییر می‌کند. در ابتدا، داده‌های بارش و

(۴) اولین مخزن رواناب سریع ( $S_{F1}$ )

$$dS_{F1}/dt = \alpha P_e - Q_{F1}$$

$$Q_{F1} = S_{F1} R_F$$

(۵) دومین مخزن رواناب سریع ( $S_{F2}$ )

$$dS_{F2}/dt = Q_{F1} - Q_{F2}$$

$$Q_{F2} = S_{F2} R_F$$

(۶) سومین مخزن رواناب سریع ( $S_{F3}$ )

$$dS_{F3}/dt = Q_{F2} - Q_{F3}$$

$$Q_{F3} = S_{F3} R_F$$

که در آن‌ها،  $R_F$  مقیاس زمانی رواناب سریع است که

نیاز است تا بهینه شود. همچنین، تغییرات مقدار ذخیره رواناب کند، متناسب با زمان با استفاده از رابطه (۷) محاسبه می‌شود.

(۷) مخزن رواناب کند ( $S_{S1}$ )

$$dS_{S1}/dt = (1 - \alpha)P_e - Q_{S1} \quad Q_{S1} = S_{S1} R_S$$

که در آن،  $R_S$  مقیاس زمانی مخزن رواناب کند است. در نهایت رواناب خروجی حوضه  $Q_m$  با استفاده از رابطه (۸) محاسبه می‌شود.

$$Q_m = Q_{S1} + Q_{F3} \quad (۸)$$

$$dS_M / dt = P - P_e - E_a \quad (۱)$$

$$P_e = FP$$

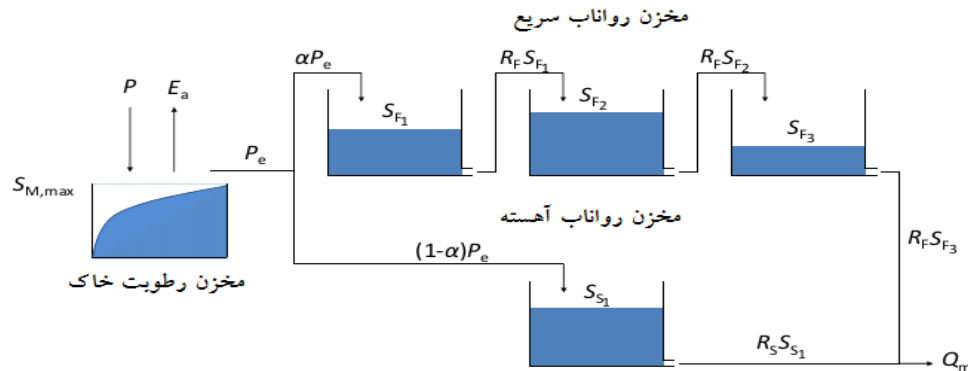
$$F = 1 - (1 - S_M / S_{M,max})^\beta \quad (۲)$$

$$E_a = WE_p$$

$$W = \frac{S_M}{S_{M,max}} \quad (۳)$$

که در آن‌ها،  $P_e$  مقدار بارش مازاد،  $E_a$  مقدار بارش تبخیر یافته،  $E_p$  مقدار تبخیر پتانسیل،  $S_{M,max}$  و  $\beta$  به ترتیب بیشینه ظرفیت ذخیره خاک و ضریب تغییرپذیری مکانی رطوبت خاک هستند که نیاز است تا این پارامترها بهینه شوند.

پس از تعیین میزان ذخیره رطوبت خاک، بارش مازاد  $P_e$  وارد بخش روندیابی می‌شود. در این قسمت، رواناب مازاد با توجه به مقدار ضریب  $\alpha$  که تعیین کننده ضریب رواناب سریع و آهسته است و لازم است تا بهینه شود، وارد دو سری مخازن موازی مربوط بخش‌های رواناب سریع و رواناب کند می‌شود. در قسمت رواناب سریع، سه مخزن سری وجود دارد که تغییرات مقدار ذخیره و دبی خروجی آن‌ها به ترتیب با استفاده از روابط (۴) تا (۶) محاسبه می‌شوند.



شکل ۲- ساختار مدل HyMod

می‌کنند و سایر پارامترها در مقادیر مشخص ثابت هستند. بر این اساس، Tolson و Shoemaker (۲۰۰۷) الگوریتم بهینه‌سازی DDS را ارائه دادند. گام‌های لازم برای اجرای روش DDS به صورت زیر می‌باشند.

**الگوریتم<sup>۱</sup> DDS:** در بهینه‌سازی دستی پارامترهای هیدرولوژیکی، در ابتدا تمام پارامترها تغییر پیدا می‌کنند تا مجموعه پارامترهای بهتری به دست بیایند. با بهبود جواب‌ها، در ادامه فقط مقادیر برخی پارامترها تغییر پیدا

<sup>1</sup> Dynamically Dimensioned Search

در این روش در اولین گام جمعیت اولیه برای  $p$  پارامتر تولید می‌شود. سپس جمعیت تولید شده به چند جامعه که هر یک شامل  $2p+1$  عضو است، تقسیم می‌شوند. هر جامعه به‌طور مستقل با استفاده از روش سیمپلکس (سادک) برای چند مرحله تکامل پیدا می‌کنند. سپس، به‌منظور تبادل اطلاعات بین جامعه‌ها، همه جوامع باهم برمی‌خورند. اگر هم‌گرایی به‌دست نیامد، کل جمعیت به چند جامعه جدید تقسیم می‌شود و فرایند تکامل و اشتراک‌گذاری اطلاعات تکرار شده تا در نهایت جواب بهینه سراسری برای مسئله مورد بررسی پیدا شود.

در این الگوریتم تعدادی پارامتر رفتار الگوریتم را تعیین می‌کنند و باید به‌وسیله کاربر تعیین شوند. پارامترهای این الگوریتم شامل تعداد نقاط در هر جامعه ( $m$ )، تعداد نقاط در هر زیر جامعه ( $q$ )، تعداد فرزندان که در هر زیر جامعه تولید می‌شود ( $\alpha$ )، تعداد مراحل تکامل برای هر جامعه ( $\beta$ ) و تعداد جوامع ( $p$ ) هستند. Duan و همکاران (۱۹۹۴)، بیان کردند، مقادیر پارامترهای الگوریتم که باید توسط کاربر تعیین شوند، متناسب با تعداد پارامترهای مدل هستند، بنابراین، در این حالت  $m = (2n + 1)$ ،  $q = (n + 1)$  می‌شود. با تعیین دو پارامتر  $m$  و  $q$  سه پارامتر دیگر شامل  $a$ ،  $B$  و تعداد جوامع باید به‌وسیله کاربر تعیین شود. در مدل‌های هیدرولوژیک، برای تعیین پارامترهای مهم و اثرات متقابل آن‌ها از روش‌های تحلیل حساسیت استفاده می‌شود. با توجه به این‌که این پارامترها مربوط به الگوریتم بهینه‌سازی (و نمی‌توان از خروجی مدل به‌دست آورد) است، بنابراین، نمی‌توان از روش‌های تحلیل حساسیت استفاده کرد. بدین‌منظور، در این پژوهش، برای تعیین مقادیر بهینه این پارامترها و ارزیابی اثرات متقابل آن‌ها از تجزیه واریانس و مقایسه میانگین استفاده شد. بر اساس پژوهش‌های Duan و همکاران (۱۹۹۴)، Tolson و Shoemaker (۲۰۰۷)،  $Q_i$  و همکاران (۲۰۱۶) مقادیر پارامترهای تعداد جوامع،  $\alpha$  و  $\beta$  به ترتیب در دامنه مقادیر دو تا ۲۰، ۰/۱ تا سه و ۰/۰۵ تا یک، مورد بررسی قرار گرفتند. برای پارامتر

گام ۱: ورودی‌های الگوریتم شامل مقدار پارامتر  $r$  (در این پژوهش، برابر با ۰/۲ قرار داده شد)، تعداد تکرارهای مدل  $m$ ، حدود بالا ( $X_{min}$ ) و پایین ( $X_{max}$ ) هر پارامتر و مقادیر جواب‌های اولیه  $X^0 = [X_1, \dots, X_D]$  تعیین شد.

گام ۲: شمارنده  $i$  را برابر یک قرار داده و مقدار تابع هدف برای جواب اولیه  $F(X^0)$  برآورد می‌شود و مقادیر  $F_{best}$  (بهترین مقدار تابع هدف) و  $X^{best}$  (مقدار پارامترهای بهینه) برابر با  $X^{best} = X^0$  و  $F_{best} = F(X^0)$  قرار داده می‌شود.

گام ۳: از بین  $D$  پارامتر (در این پژوهش، تعداد پارامترها برابر پنج بود)،  $J$  پارامتر برای قرار دادن در همسایه  $\{N\}$  و ایجاد تغییر انتخاب می‌شوند.

گام ۴: برای  $j=1, \dots, J$  پارامتر موجود در  $\{N\}$ ، مقادیر بهینه آن‌ها  $X^{best}$  را با استفاده از داده‌های تصادفی تولید شده به‌وسیله توزیع نرمال استاندارد تغییر داده تا بردار پارامترهای  $X^{new}$  به‌دست آید.

گام ۵: مقدار تابع هدف را به ازای بردار پارامترهای  $X^{new}$ ،  $f(X^{new})$  محاسبه کرده و اگر نیاز باشد، بهترین جواب مسئله به‌روز می‌شود.

$$\text{if } f(X^{new}) \leq F_{best}, F_{best} = F(X^{new}) \text{ and } X^{best} = X^{new},$$
  
$$\text{else, } F_{best} = F_{best} \text{ and } X^{best} = X^{best}$$

گام ۶: یکی به‌مقدار شمارنده اضافه کرده و شرط توقف الگوریتم بررسی می‌شود. اگر  $i=m$  باشد، الگوریتم متوقف، در غیر این صورت به گام سه بر می‌گردد و از دوباره مراحل تکرار می‌شوند.

**الگوریتم تکامل تصادفی جوامع (SCE-UA):** در یک بررسی تفصیلی در زمینه بهینه‌سازی مدل‌های هیدرولوژیک، Duan و همکاران (۱۹۹۲) پنج ویژگی عمده را که باعث پیچیدگی فرایند بهینه‌سازی پارامترهای مدل‌های هیدرولوژیک می‌شود را شناسایی کردند و سپس، روش بهینه‌سازی تکامل تصادفی جوامع را توسعه دادند. روش SCE-UA مبتنی بر چهار ویژگی مهم زیر است. ۱- ترکیب روش‌های تعیینی و احتمالی در فرایند بهینه‌سازی، ۲- تکامل سیستماتیک جوامع نقاط، ۳- برزدن و تبادل اطلاعات جوامع و ۴- تکامل رقابتی.

۱۶، برای نرخ تزویج دامنه ۰/۲ تا ۰/۷ و برای نرخ جهش دامنه ۰/۱ تا ۰/۳ مورد بررسی قرار گرفت. برای تعداد کروموزوم‌ها تعداد هفت حالت، نرخ تزویج شش حالت و برای نرخ جهش چهار حالت در بین دامنه مقادیر بالا در نظر گرفته شدند. برای ترکیبات مختلف مقادیر پارامترهای بالا، مدل به تعداد سه تکرار اجرا شد. در هر سه اجرا، برای اطمینان از عدم تاثیر تعداد اجرا بر عملکرد مدل تعداد اجراها برابر با ۱۰۰ قرار داده شده است.

به‌منظور اجرای روش‌های بهینه‌سازی ذکر شده، از نرم‌افزار Matlab استفاده شد. بدین‌منظور، در این نرم‌افزار بین کدهای مدل هیدرولوژیکی HyMod و کدهای هر یک از الگوریتم‌های بهینه‌سازی ارتباط برقرار و روش‌های مختلف بهینه‌سازی اجرا شد.

**معیار ارزیابی:** در این پژوهش، از معیار ارزیابی نش-ساتکلیف به‌عنوان تابع هدف الگوریتم‌های مختلف استفاده شد که به‌صورت رابطه (۹) است.

$$NS(x) = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (Y_{OBS} - Y_{SIM})^2}{\sum_{i=1}^n (Y_{OBS} - E(Y_{OBS}))^2} \quad (9)$$

که در آن،  $Y_{SIM}$  مقادیر برآورد شده به‌وسیله مدل،  $E(Y_{OBS})$  میانگین مقادیر مشاهداتی و  $Y_{OBS}$  مقادیر مشاهداتی هستند.

### نتایج و بحث

**الگوریتم DDS:** در روش‌های بهینه‌سازی تکاملی با توجه به تصادفی بودن روش جستجو نمی‌توان فقط با یک مرتبه اجرا، عملکرد الگوریتم را ارزیابی نمود (Zhang و همکاران، ۲۰۰۹؛ Tolson و Shoemaker، ۲۰۰۷). بدین‌منظور، روش DDS برای هر اجرا، ۱۰ مرتبه تکرار شد و نتایج آن ارائه شد. در شکل ۳، بهترین مقادیر نش-ساتکلیف برای تعداد اجرای مختلف در ۱۰ تکرار مختلف ارائه شده است. با توجه به شکل، ملاحظه می‌شود، در بین تمام اجراها بهترین مقادیر نش-ساتکلیف در حدود ۰/۴۲ به‌دست آمده است. بدترین عملکرد مربوط به حالتی است که تعداد اجراها برابر با ۱۰ بود که در این تعداد اجرا، بهترین مقدار نش-ساتکلیف برابر با ۰/۳۳ به‌دست آمد. در این تعداد اجرا،

تعداد جوامع ۱۰ سطح، alpha هفت سطح و beta هفت سطح در دامنه مقادیر بالا در نظر گرفته شد. تحلیل واریانس با استفاده از آزمایش‌های فاکتوریل با سه عامل و ۴۹۰ تیمار صورت گرفت.

**الگوریتم ژنتیک:** برای اجرای الگوریتم ژنتیک مراحل کار به‌صورت زیر است.

۱- در ابتدا، جمعیت اولیه که شامل تعدادی کروموزوم (یا مجموعه پارامترها) و هر کروموزوم شامل تعدادی ژن است (در این پژوهش، با توجه به تعداد پارامترهای مدل HyMod هر کروموزوم دارای پنج ژن بود) که به‌صورت تصادفی ایجاد می‌شود.

۲- با استفاده از کروموزوم‌های (مجموعه پارامترهای اولیه) تولید شده گام قبل، مدل اجرا شده و تابع هدف که مقدار نش-ساتکلیف است، محاسبه می‌شود.

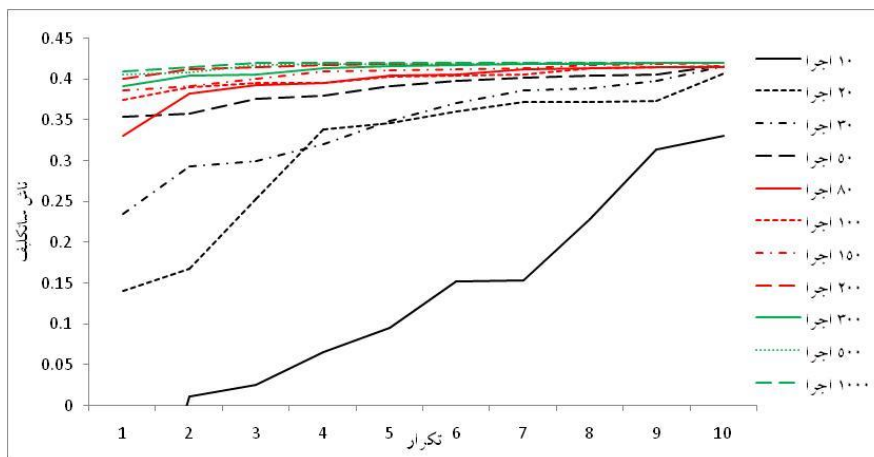
۳- در این گام، با استفاده از عملگرهای تزویج و جهش تعدادی کروموزوم جدید تولید می‌شود. بدین‌منظور، از بین جمعیت گام قبل، تعدادی از کروموزوم‌ها، با توجه به مقدار تابع هدف، به‌عنوان والد انتخاب و با انجام عملگر تزویج تعدادی فرزندان جدید ایجاد می‌شوند. سپس، تعدادی از ژن‌ها به تصادف انتخاب می‌شوند و با تولید اعداد تصادفی عملگر جهش روی آن‌ها اعمال می‌شود تا فرزندان جدید تولید شوند. پس از تولید فرزندان جدید، مقدار تابع هدف برای فرزندان محاسبه می‌شوند و با جمعیت اولیه با یکدیگر در یک جمعیت قرار می‌گیرند.

۴- تا این گام، یک تکرار فرایند بهینه‌سازی صورت گرفته است. برای تکرار بعد با توجه به مقدار تابع هدف، تعدادی از کروموزوم‌ها که بهترین عملکرد را داشته‌اند، انتخاب شده و به‌عنوان کروموزوم‌های اولیه برای تکرار بعدی استفاده می‌شوند. این مراحل تکرار می‌شوند تا در نهایت، شرایط توقف مسئله برآورده شوند.

در این الگوریتم، سه پارامتر اصلی تعداد کروموزوم‌ها، نرخ جهش و نرخ تزویج هستند که با توجه به مسئله مورد بررسی، نیاز است تا مقادیر مناسب آن‌ها انتخاب شوند. بدین‌منظور، برای تعداد کروموزوم‌ها دامنه چهار تا

می‌شود با افزایش تعداد اجرا، اختلاف بین کمینه و بیشینه مقدار نش-ساتکلیف کمتر شده است. بیشترین اختلاف بین بهترین و بدترین مقدار نش-ساتکلیف مربوط به ۱۰ اجرا و کمترین اختلاف نیز مربوط به ۱۰۰۰ اجرا است.

الگوریتم نتوانسته به مقدار بهینه سراسری که در حدود ۰/۴۲ است، برسد. این مسئله برای تعداد ۲۰ اجرا نیز صادق است. از تعداد ۲۰ اجرا بیشتر، از ۱۰ تکرار انجام شده، الگوریتم نتوانسته کمینه در یک تکرار مجموعه پارامترهای بهینه را پیدا کند. با توجه به شکل، مشاهده



شکل ۳- بهترین مقادیر شاخص نش در ده تکرار برای اجراهای مختلف روش DDS

جدول ۱- برخی پارامترهای آماری مربوط به بهترین مقادیر نش-ساتکلیف، ۱۰ تکرار برای هر اجرا در روش DDS

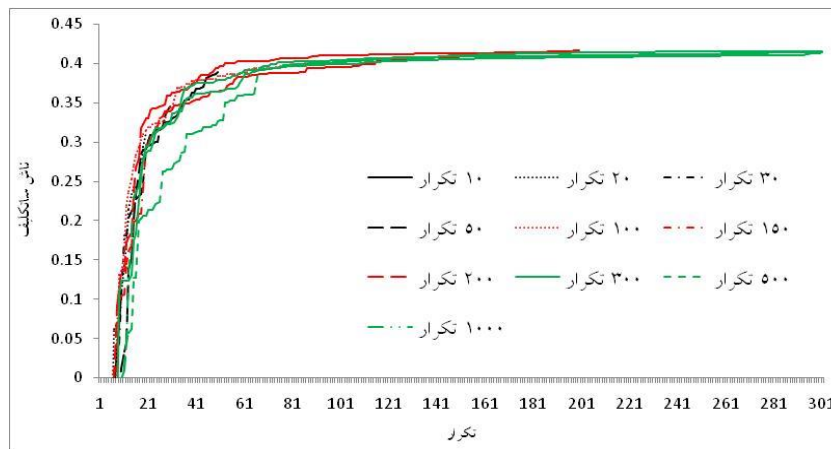
تعداد اجرا	متوسط زمان اجرا (ثانیه)	میانگین	انحراف معیار	بیشینه	کمینه
۱۰	9/311	0/111	0/172	0/331	-0/264
۲۰	11/254	0/313	0/093	0/406	0/141
۳۰	12/528	0/346	0/057	0/416	0/235
۵۰	16/355	0/388	0/021	0/417	0/353
۸۰	20/961	0/397	0/026	0/415	0/330
۱۰۰	25/290	0/401	0/013	0/416	0/375
۱۵۰	33/857	0/408	0/012	0/420	0/386
۲۰۰	42/956	0/416	0/006	0/420	0/400
۳۰۰	61/870	0/412	0/009	0/420	0/391
۵۰۰	96/386	0/417	0/005	0/420	0/406
۱۰۰۰	181/102	0/418	0/003	0/420	0/410

در باقی حالت‌ها با افزایش تعداد اجرا، مقدار میانگین نش-ساتکلیف بیشتر شده است. با افزایش تعداد اجراها تا ۲۰۰ اجرا، اختلاف بین میانگین نش-ساتکلیف اجراهای مختلف، نسبتاً زیاد بوده و از ۲۰۰ اجرا به بالا، با افزایش تعداد اجراها اختلاف بین مقادیر نش-ساتکلیف‌ها ناچیز شده است. با توجه به این جدول، می‌توان دید که بیشترین انحراف معیار و دامنه تغییرات

در جدول ۱، برخی پارامترهای آماری مربوط به بهترین مقادیر نش-ساتکلیف هر تکرار در هر اجرا ارائه شده است. با توجه به این جدول، ملاحظه می‌شود، با افزایش تعداد اجراها زمان لازم برای اجرا به صورت خطی افزایش یافته است. کمترین مقدار میانگین نش-ساتکلیف، مربوط به تعداد ۱۰ اجرا و بیشترین مقدار آن نیز مربوط به ۱۰۰۰ اجرا است. به غیر از تعداد ۳۰۰ اجرا

به دست آمده است. در شکل ۴، هم‌گرایی الگوریتم برای تعداد اجرای مختلف و در تکرارهای مختلف، ارائه شده است (قابل ذکر است، برای رسم این شکل‌ها از مقادیر نش-ساتکلیف ۱۰ تکرار، میانگین‌گیری شده و این شکل رسم شد).

(اختلاف بین بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین مقدار نش-ساتکلیف) مربوط به تعداد ۱۰ اجرا و کمترین مقدار مربوط به تعداد ۱۰۰۰ اجرا است. در بین تمام اجراها، کمترین مقدار نش-ساتکلیف مربوط به یکی از تکرارهای ۱۰ اجرا برابر با ۰/۲۶۴- و برای تعداد اجرای بیشتر از ۱۵۰، بیشترین مقدار نش-ساتکلیف برابر با ۰/۴۲



شکل ۴- مقادیر میانگین شاخص نش برای اجرای مختلف در تکرارهای متفاوت روش DDS

مشاهده کردند، در حالی که تعداد اجرا کم باشد، تفاوت عملکرد الگوریتم در جوامع مختلف زیاد است و با افزایش تکرار تفاوت عملکرد الگوریتم در تعداد جوامع مختلف کاهش یافته و پارامترهای مدل HyMod بهینه می‌شوند. پس از بهینه‌سازی این پارامترها، مدل با استفاده از مقادیر پارامترهای بهینه، اجرا شد و خروجی مدل برای داده‌های دوره واسنجی و اعتبارسنجی به دست آمد. در نهایت، مقادیر معیار نش برای دوره واسنجی محاسبه شد و این مقادیر نش محاسباتی به همراه سطوح مختلف ترکیبات مختلف تیماری وارد نرم‌افزار SAS شد.

در جدول ۲، نتایج تجزیه واریانس برای پارامترهای  $\alpha$ ،  $\beta$  و تعداد جوامع، ارائه شده است. با توجه به این جدول، مشاهده می‌شود که اثرات هر یک از پارامترها به صورت منفرد، معنی‌دار شده است. اثرات متقابل دوتایی هر سه پارامتر با یکدیگر معنی‌دار نشده، ولی اثرات متقابل عوامل  $\alpha$  و  $\beta$ ، اثرات متقابل عوامل  $\alpha$  و تعداد جوامع و همچنین، اثرات متقابل عامل تعداد جوامع و  $\beta$  معنی‌دار شده‌اند.

با توجه به شکل ۴، ملاحظه می‌شود، الگوریتم در تعداد اجرای حدود ۸۰ اجرا، به هم‌گرایی رسیده است. قبل از تعداد ۸۰ اجرا، نوسانات مقادیر نش-ساتکلیف به دست آمده، بالا بوده، پس از تعداد ۸۰ اجرا، نوسانات تمام اجراها کمتر شده است و به نوعی الگوریتم به هم‌گرایی رسیده است. بنابراین، برای کمینه جواب قابل قبول نیاز است تا الگوریتم به تعداد ۸۰ مرتبه اجرا شود تا به نوعی جواب قابل قبول ارائه دهد.

**الگوریتم تکامل تصادفی جوامع:** در این روش، سه پارامتر شامل  $\alpha$ ،  $\beta$  و تعداد جوامع باید به وسیله کاربر تعیین شوند. بدین منظور، در این پژوهش، با استفاده از تحلیل واریانس و مقایسه میانگین، عملکرد الگوریتم برای مقادیر مختلف این پارامترها مورد بررسی قرار گرفت. با استفاده از ترکیبات مختلف تیماری این پارامترها، در نظر گرفتن ۲۰۰۰ اجرا، به این دلیل استفاده شد که عملکرد الگوریتم تحت تاثیر تعداد تکرارها نبوده، فقط مقادیر این پارامترها بر روی عملکرد الگوریتم تاثیرگذار باشند. Zhang و همکاران (۲۰۰۹)،



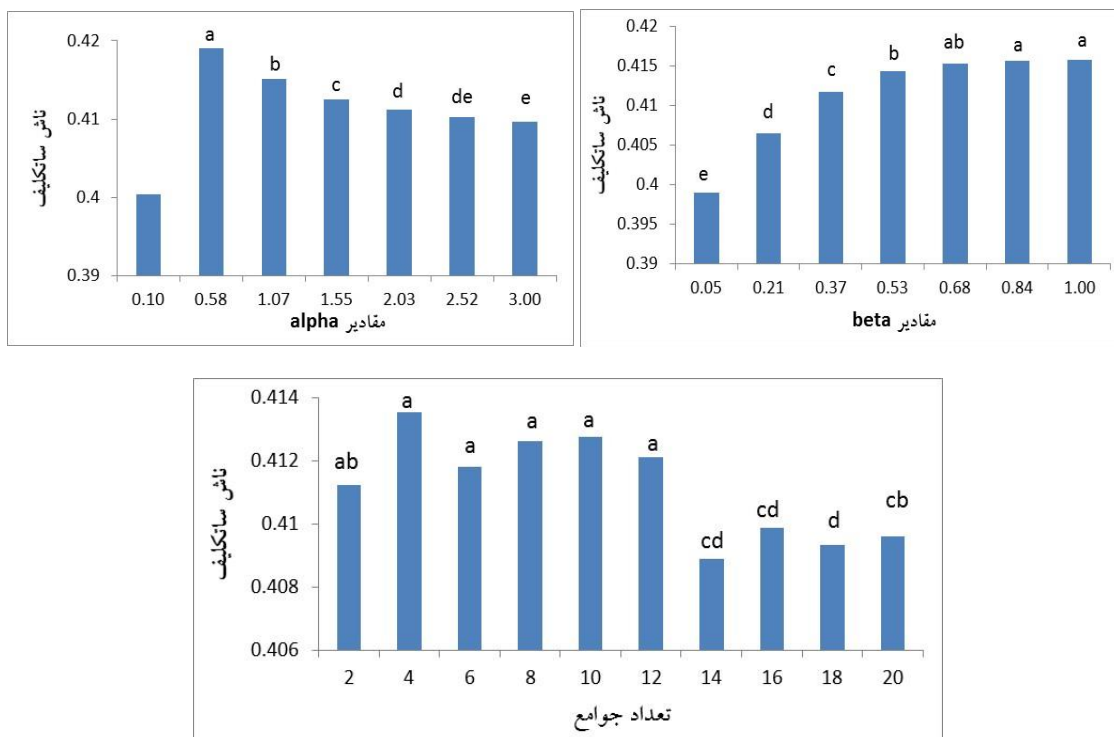
است. در تعداد چهار تا ۱۲ جامعه، عملکرد الگوریتم تفاوت معنی‌داری نداشته است. یک دلیل این مسئله را می‌توان در آن دانست که با افزایش تعداد جوامع تبادل اطلاعات بین جوامع کمتر شده و در این حالت، الگوریتم به زمان بیشتری نیاز دارد. در پژوهشی، Zhang و همکاران (۲۰۰۹) مشاهده کردند، در تعداد اجراهای کم، الگوریتم در تعداد جوامع کم عملکرد بهتری دارد.

به‌منظور تعیین بهترین مقادیر هر یک از پارامترها، از مقایسه میانگین استفاده شد. در نمودارهای شکل ۵، مقایسه میانگین هر یک از عوامل به‌صورت منفرد که با استفاده از آزمون LSD (کمینه تفاوت معنی‌دار) بررسی شده، ارائه شده‌اند. برای پارامتر تعداد جوامع، با توجه به شکل ۵، می‌توان دید که با افزایش تعداد جوامع از دو تا هشت، عملکرد الگوریتم به‌طور یکنواخت بهبود می‌یابد. از تعداد جوامع ۱۲ بیشتر، عملکرد الگوریتم بدتر شده

جدول ۲- تجزیه واریانس اثرات تعداد جوامع، alpha و beta در روش تکامل تصادفی جوامع

منبع تغییر	درجه آزادی	جمع مربعات خطا
تعداد جوامع	۹	۰/۰۰۰۳۱۵**
alpha	۶	۰/۰۰۵۸۵۷**
beta	۶	۰/۰۰۸۷۹۳**
alpha*beta	۳۶	۰/۰۰۰۵۶۱**
تعداد جوامع*alpha	۵۴	۰/۰۰۰۳۱۱**
تعداد جوامع*beta	۵۴	۰/۰۰۰۱۷۴**
تعداد جوامع*alpha*beta	۳۲۴	۲/۵۴E-۰۵ <sup>ns</sup>

\*\* معنی‌داری در سطح یک درصد، \* معنی‌داری در سطح پنج درصد و ns عدم معنی‌داری



شکل ۵- میانگین مقادیر نش برای مقادیر مختلف تعداد جوامع، alpha و beta (حروف نامشابه در شکل نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار در سطح پنج درصد است)



به نتایج این بخش، مقادیر پارامترهای تعداد جوامع،  $\alpha$  و  $\beta$  به ترتیب برابر با هشت،  $0/583$  و یک انتخاب شدند.

پس از تعیین مقادیر بهینه پارامترهای روش تکامل تصادفی جوامع، رفتار الگوریتم در تعداد تکرارهای مختلف تعیین شد. با توجه به طبیعت تصادفی الگوریتم همانند روش DDS الگوریتم در هر تعداد اجرا، ۱۰ مرتبه تکرار شد. در شکل ۶، بهترین مقادیر معیار نش-ساتکلیف برای ۱۰ تکرار در هر اجرا ارائه شده است. با توجه به این شکل، ملاحظه می‌شود، در تعداد اجراهای کم، تفاوت بین مقادیر نش در تکرارهای مختلف، متفاوت است و با افزایش تعداد اجراها این تفاوت کمتر شده است. با توجه به این شکل، ملاحظه می‌شود که در تعداد اجرای برابر با ۱۰، الگوریتم در هیچ یک از تکرارها مقدار نش بیشتر از  $0/4$  ارائه نداده است. تا تعداد ۴۰۰ اجرا، بیشینه مقدار نش به دست آمده برابر با  $0/415$  بوده است که کمتر از مقدار نش  $0/42$  است. به نوعی می‌توان بیان داشت، این الگوریتم تا تعداد ۴۰۰ اجرا، نتوانسته مقادیر پارامترهای بهینه نهایی را پیدا کند. در تعداد ۵۰۰ اجرا، الگوریتم نتوانسته مقادیر بهینه قابل قبول را پیدا کند. همچنین، از این تعداد اجرا بیشتر، تفاوت بین مقادیر نش در تکرارهای مختلف خیلی کم است. در پژوهشی، Zhang و همکاران (۲۰۰۹) در بهینه‌سازی پارامترهای مدل SWAT با استفاده از پنج الگوریتم بهینه‌سازی مشاهده کردند که در تعداد اجرای کم، تغییرات تابع هدف زیاد بوده و با افزایش تعداد اجرا، به تدریج تغییرات تابع هدف کاهش یافته است. اگر چه الگوریتم در تعداد اجرای ۵۰۰ نتوانسته مقادیر بهینه قابل قبولی ارائه دهد، اما تا تعداد اجرای ۱۲۰۰، مقدار نش برابر  $0/42$  (در تعداد اجرا ۱۲۰۰ از ۱۰ تکرار در چهار تکرار، مقدار نش برابر و بزرگ‌تر از  $0/42$  به دست آمد) به دست نیامده است. با مقایسه این شکل با شکل ۳، ملاحظه می‌شود، در مقایسه با الگوریتم DDS، در الگوریتم تکامل تصادفی جوامع تفاوت بین مقادیر نش در تکرارهای مختلف کمتر است و به نوعی ثبات این الگوریتم در تکرارهای مختلف بیشتر است. در پژوهشی، Franchini و همکاران (۱۹۹۸)

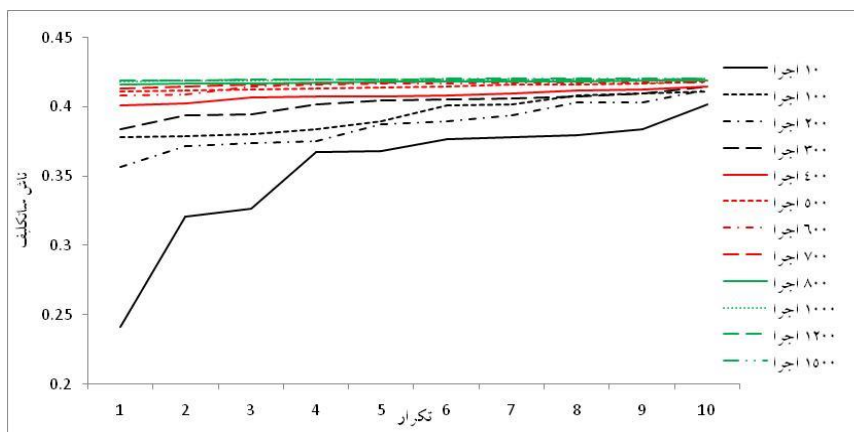
Zhang و همکاران (۲۰۱۵)، بیان کردند، چنانچه تعداد جوامع کم باشد و مدل پیچیده باشد، الگوریتم نمی‌تواند جواب‌های بهینه را پیدا کند. از سوی دیگر، چنانچه تعداد جوامع زیاد باشد، الگوریتم نیاز به زمان زیادی تا مقادیر بهینه را پیدا کند. Zhang و همکاران (۲۰۱۵)، در بهینه‌سازی پارامتر مدل هیدرولوژیکی XAJ مشاهده کردند، چنانچه ۱۳ پارامتر بهینه‌سازی شود، الگوریتم در تعداد جوامع برابر با یک و دو و در حالتی که هشت پارامتر آن بهینه شود، الگوریتم در تعداد جوامع برابر با یک نمی‌تواند جواب بهینه را پیدا کند و در نهایت بیان کردند که تعداد مناسب جوامع بستگی به ابعاد مسئله بهینه‌سازی دارد و برای این مدل، تعداد جوامع باید بیشتر از چهار باشد. در پژوهشی، Qi و همکاران (۲۰۱۶) مشاهده کردند، در حالتی که تعداد اجراها کم بود، الگوریتم در تعداد جوامع کمتر، بهتر توانسته به هم‌گرایی برسد. با توجه به نتایج این بخش، افزایش تعداد جوامع اگر چه باعث افزایش حجم محاسبات شده است، اما نتوانسته عملکرد الگوریتم را بهبود دهد.

برای پارامتر  $\alpha$  با توجه به شکل ۵، ملاحظه می‌شود، بهترین عملکرد مربوط به زمانی است که مقدار  $\alpha$  برابر با  $0/58$  است. در مقدار  $\alpha$  برابر با  $0/1$ ، الگوریتم بدترین عملکرد را داشته و در مقادیر بیشتر از  $0/58$ ، عملکرد الگوریتم به صورت یکنواخت کاهش یافته است. بنابراین، با توجه به این شکل، می‌توان بیان داشت، مقدار بهینه  $\alpha$  برابر با  $0/58$  است. بدترین عملکرد الگوریتم نیز مربوط به زمانی است که مقدار این پارامتر برابر با  $0/1$  است.

برای پارامتر  $\beta$ ، با توجه به شکل ۵، ملاحظه می‌شود، با افزایش مقادیر آن، عملکرد الگوریتم بهتر شده است. تا مقادیر  $0/525$  اختلاف بین سطوح مختلف معنی‌دار بوده و در سطوح بزرگ‌تر از  $0/525$  عملکرد الگوریتم بهتر شده است. اما، تفاوت بین مقادیر مختلف آن معنی‌دار نشده و به نوعی می‌توان گفت، بین چهار سطح  $0/525$ ،  $0/683$  و  $0/842$ ، یک تفاوت معنی‌داری در عملکرد الگوریتم مشاهده نمی‌شود. در نهایت، با توجه

جوامع جستجو از تعداد زیادی نقطه مختلف شروع می‌شود و در هر گام، اطلاعات جوامع با یکدیگر تبادل می‌شوند. در جدول ۳، پارامترهای آماری مربوط به بهترین مقادیر نش ارائه شده‌اند. با توجه به این جدول، ملاحظه می‌شود، با افزایش تعداد اجراها، به مقادیر میانگین و بیشینه افزوده شده و از مقادیر تفاوت کمینه و بیشینه، واریانس و کمینه کاسته شده است. با مقایسه جدول‌های ۱ و ۳، ملاحظه می‌شود، از نظر زمان اجرا در تعداد اجراهای مشابه، روش تکامل تصادفی جوامع به زمان اجرای کمتری نیاز داشته است. در مقایسه با روش DDS، در روش تکامل تصادفی جوامع در تعداد اجراهای مشابه، مقدار واریانس تکرارهای مختلف، خیلی کمتر است.

مشاهده کردند، جواب پیدا شده با این الگوریتم دارای تغییرات کمی است. در مقایسه با الگوریتم تکامل تصادفی جوامع، الگوریتم DDS در تعداد اجرای ۲۰۰ به مقدار نش برابر با ۰/۴۲ دست پیدا کرده است. از سوی دیگر، در الگوریتم DDS در تعداد اجرای برابر با ۱۰، مقادیر نش منفی به دست آمد و بیشینه مقدار نش به دست آمده نیز برابر با ۰/۳۳ است. در حالی که، در الگوریتم تکامل تصادفی جوامع در تعداد اجرای برابر با ۱۰، کمینه و بیشینه مقدار نش برابر با ۰/۲۴ و ۰/۴ به دست آمد. این مسئله، به نوعی به ساختار دو الگوریتم مربوط است. در الگوریتم DDS، هر جواب مستقل از جواب‌های دیگر، به سمت مقدار بهینه سراسری، تکامل پیدا می‌کند. در حالی که، در روش تکامل تصادفی



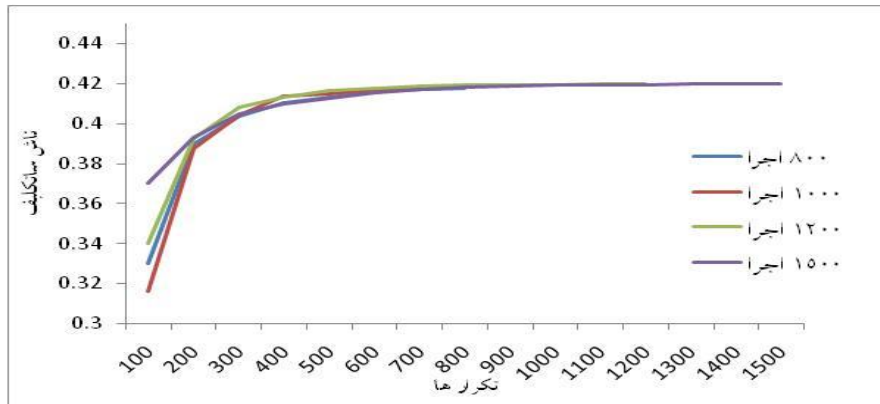
شکل ۶- مقادیر نش به دست آمده در اجراهای مختلف در ۱۰ تکرار الگوریتم تکامل تصادفی جوامع

جدول ۳- پارامترهای آماری بهترین مقادیر نش برای اجراهای مختلف در ۱۰ تکرار در روش تکامل تصادفی جوامع

تعداد اجراها	متوسط زمان اجرا (ثانیه)	میانگین	انحراف معیار	بیشینه	کمینه
10	10/379	0/355	0/047	0/402	0/242
100	22/145	0/394	0/014	0/411	0/378
200	22/081	0/387	0/017	0/412	0/357
300	35/691	0/402	0/009	0/415	0/384
400	52/442	0/408	0/004	0/415	0/401
500	56/804	0/415	0/002	0/419	0/411
600	67/681	0/415	0/004	0/418	0/408
700	78/316	0/417	0/002	0/419	0/414
800	88/710	0/418	0/001	0/419	0/416
1000	120/471	0/419	0/000	0/420	0/418
1200	142/471	0/420	0/000	0/420	0/419
1500	177/210	0/420	0/000	0/420	0/419

در روش تکامل تصادفی جوامع با توجه به ساختار الگوریتم، تعیین بهترین مقادیر نش در هر تکرار، امکان‌پذیر نبود و به ازای هر ۱۰۰ تکرار، مقادیر نش بهینه در دسترس بودند. بنابراین، مقادیر نش در تکرارهای مختلف، فقط برای برخی از اجراها تهیه شد که

در شکل ارائه شده است. با توجه شکل ۷، ملاحظه می‌شود، در چهار اجرای مختلف، رفتار الگوریتم در تعداد تکرارهای مختلف تقریباً شبیه هم بوده و در تعداد تکرار ۴۰۰ به بالا، نمودارهای چهار اجرا به هم‌گرایی کامل رسیده‌اند.



شکل ۷- رفتار الگوریتم در تعداد تکرارهای مختلف برای چهار اجرا، در روش تکامل تصادفی جوامع

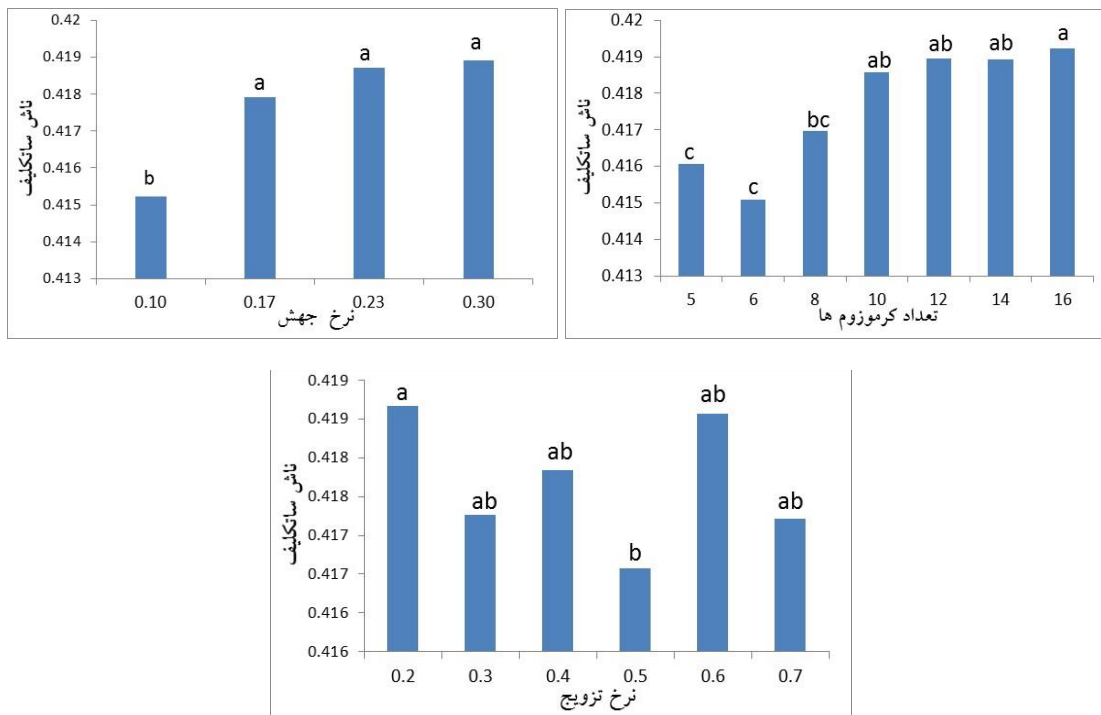
**الگوریتم ژنتیک:** سومین روش بهینه‌سازی استفاده شده در این پژوهش، الگوریتم ژنتیک بود. در جدول ۴، نتایج تجزیه واریانس با استفاده از آزمایش‌های فاکتوریل ارائه شده است. با توجه به این جدول، ملاحظه می‌شود، اثرات مربوط به عامل تعداد کروموزوم‌ها، نرخ جهش و اثرات متقابل تعداد کروموزوم و نرخ جهش، معنی‌دار شده است. به‌منظور انتخاب بهترین ترکیب مقادیر سه پارامتر فوق، مقایسه میانگین این پارامترها در نمودارهای شکل ۸ ارائه شده‌اند. با توجه به شکل ۸، ملاحظه می‌شود، با افزایش تعداد کروموزوم‌ها مقدار نش-ساتکلیف بیشتر شده است. بدترین و بهترین عملکرد، به ترتیب

مربوط به تعداد شش و ۱۶ کروموزوم است. این در حالی است که در پژوهشی، Zhang و همکاران (۲۰۰۹) مشاهده کردند، در تعداد اجراهای کم، الگوریتم در تعداد کروموزوم کمتر، عملکرد بهتری دارد. در تعداد کروموزوم‌های بیشتر از ۱۰، تفاوت بین نتایج تعداد کروموزوم‌های مختلف خیلی کم است. با توجه به شکل ۸، ملاحظه می‌شود، بیشترین مقدار نش-ساتکلیف برای نرخ تزویج، ۰/۲ و کمترین مقدار آن نیز برای نرخ تزویج، ۰/۵ به‌دست آمده است. در بین تمام مقادیر نرخ تزویج، فقط بین مقادیر نرخ تزویج ۰/۵ و ۰/۲ تفاوت معنی‌داری وجود دارد.

جدول ۴- تجزیه واریانس اثرات تعداد کروموزوم، نرخ تزویج و نرخ جهش در روش الگوریتم ژنتیک

متوسط مربعات	درجه آزادی	منبع تغییر
0/000194**	۶	تعداد کروموزوم
5/73E-05 <sup>ns</sup>	۵	نرخ تزویج
0/000367**	۳	نرخ جهش
2/56E-05 <sup>ns</sup>	۱۵	نرخ جهش*نرخ تزویج
2/41E-05 <sup>ns</sup>	۳۰	تعداد کروموزوم*نرخ تزویج
7/27E-05*	۱۸	تعداد کروموزوم*نرخ جهش
4/44E-05 <sup>ns</sup>	۹۰	تعداد کروموزوم*نرخ تزویج*نرخ جهش

\*\* معنی‌داری در سطح یک درصد، \* معنی‌داری در سطح پنج درصد و <sup>ns</sup> عدم معنی‌داری

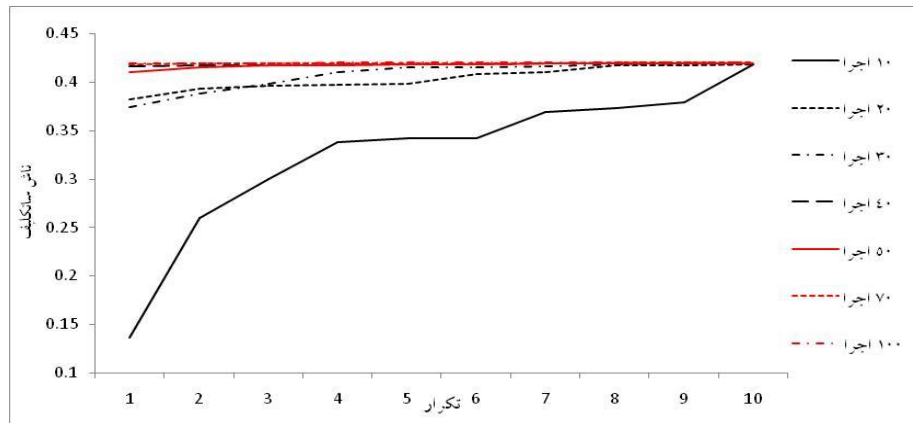


شکل ۸- میانگین مقادیر نش برای مقادیر مختلف تعداد کروموزوم‌ها، نرخ توزیع و نرخ جهش (حروف نامشابه در شکل نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار در سطح پنج درصد است)

است.

در جدول ۵، برخی خصوصیات آماری مقادیر نش-ساتکلیف مربوط به بهترین اجراها ارائه شده است. با توجه به این جدول، ملاحظه می‌شود، تا تعداد ۴۰ اجرا، اختلاف بین کمینه و بیشینه مقادیر نش-ساتکلیف و همچنین، انحراف معیار اجراها زیاد است. از تعداد ۴۰ اجرا به بالا، تفاوت بین کمینه و بیشینه و همچنین، انحراف معیار اجراها کاهش پیدا کرده‌اند. در مقایسه با دو روش دیگر، ملاحظه می‌شود، در این الگوریتم، در تعداد اجرای کمتری به مقدار بهینه رسیده است. در پژوهشی، Zhang و همکاران (۲۰۰۹) نیز مشاهده کردند، الگوریتم ژنتیک در مقایسه با روش تکامل تصادفی جوامع در تعداد اجرای کمتری به هم‌گرایی رسیده است. از سوی دیگر، در مقایسه با دو روش دیگر، برای تعداد اجرای مشابه زمان اجرای این الگوریتم بیشتر بوده است.

با توجه به شکل ۸، ملاحظه می‌شود، با افزایش نرخ جهش مقادیر نش-ساتکلیف بیشتر شده است. بیشترین و کمترین مقادیر نش-ساتکلیف به ترتیب برای نرخ جهش‌های ۰/۳ و ۰/۱ به دست آمده است. فقط تفاوت مقادیر میانگین نش-ساتکلیف مربوطه نرخ جهش ۰/۱ با مقادیر میانگین نش-ساتکلیف سایر مقادیر نرخ جهش‌ها معنی‌دار است. با توجه به نتایج این قسمت و همچنین، سرعت اجرا برای بخش‌های بعدی، تعداد کروموزوم‌ها برابر با ۱۲، نرخ توزیع برابر با ۰/۲ و نرخ جهش برابر با ۰/۳ قرار داده شد. با توجه به سرعت اجرا، برای الگوریتم ژنتیک تعداد اجراها برابر با ۱۰، ۲۰، ۳۰، ۴۰، ۵۰، ۷۰ و ۱۰۰، مورد بررسی قرار گرفت. در شکل ۹، بهترین مقادیر نش-ساتکلیف مربوط به ۱۰ تکرار در هر اجرا ارائه شده است. با توجه به این شکل، ملاحظه می‌شود تا تعداد ۳۰ اجرا، اختلاف بین مقادیر نش-ساتکلیف زیاد است، از تعداد ۴۰ اجرا به بالا، این اختلاف کمتر شده



شکل ۹- مقادیر نش بدست آمده در اجراهای مختلف در ده تکرار الگوریتم ژنتیک

مدل تانک، هر دو الگوریتم خیلی سریع به جواب بهینه هم‌گرا شدند و جواب به دست آمده به وسیله روش الگوریتم ژنتیک از تغییرات کمتری برخوردار بود. به منظور بررسی رفتار الگوریتم در تعداد اجراهای مختلف، مقادیر نش-سائکلینگ در تعداد اجراهای مختلف در شکل ۱۰ ارائه شده‌اند. با توجه به این شکل، ملاحظه می‌شود تا تعداد ۴۰ اجرا، هم‌گرایی الگوریتم‌ها بسیار پایین می‌باشد، از تعداد بیش از ۴۰ اجرا، الگوریتم به هم‌گرایی رسیده است.

با مقایسه جدول‌های ۱، ۳ و ۵، ملاحظه می‌شود، در هر سه الگوریتم در تعداد اجراهای کم، نسبت تعداد اجراهای زیاد، تفاوت بین بهترین جواب‌های به دست آمده بیشتر است. Zhnag و همکاران (۲۰۰۹)، در مقایسه روش‌های تکامل تصادفی جوامع، الگوریتم ازدحام ذرات، الگوریتم ژنتیک، Artificial Immune Systems) AIS و DE (Differential Evaluation) مشابه این مسئله را مشاهده کردند. در پژوهشی، Borhani Darian و Farahmand (۲۰۱۱) در مقایسه الگوریتم ژنتیک و زنبور عسل در بهینه‌سازی پارامترهای

جدول ۵- برخی خصوصیات آماری اجراهای مختلف روش الگوریتم ژنتیک

تعداد اجراها	متوسط زمان اجرا (ثانیه)	میانگین	انحراف معیار	بیشینه	کمینه
10	33/636	0/326	0/080	0/418	0/136
20	70/989	0/404	0/012	0/418	0/382
30	107/960	0/408	0/016	0/420	0/374
40	140/129	0/418	0/001	0/420	0/416
50	190/266	0/417	0/003	0/419	0/410
70	318/732	0/419	0/000	0/420	0/419
100	417/785	0/420	0/000	0/420	0/419

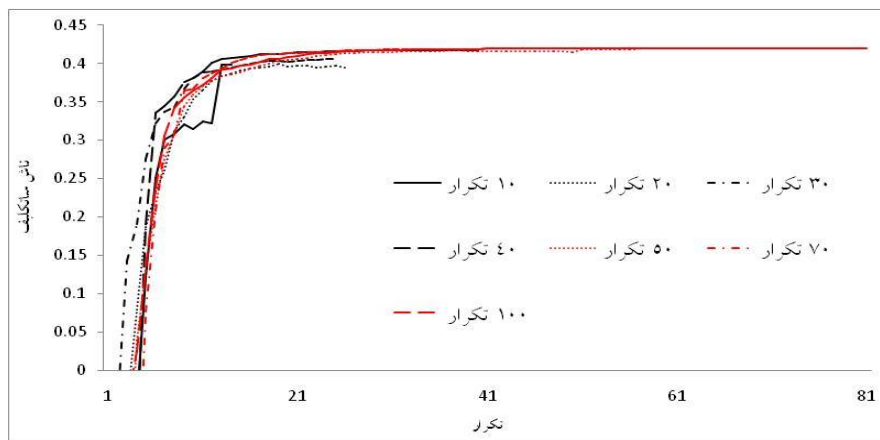
### نتیجه‌گیری

در طی چند دهه گذشته، مدل‌های هیدرولوژیکی زیادی برای مدل‌سازی فرایند هیدرولوژیکی حوضه توسعه پیدا کرده‌اند. مدل‌های هیدرولوژیکی با استفاده از مبانی فیزیکی که در قالب ساختار و پارامترهای آن‌ها گنجانده شده‌اند، فرایندهای هیدرولوژیکی حوضه را

شبیه‌سازی می‌کنند. به عبارتی، علاوه بر ساختار مدل‌ها، پارامترهای مدل نیز در کیفیت شبیه‌سازی مدل نیز نقش مستقیم دارند (Zhnag و همکاران، ۲۰۱۵). در مدل‌های هیدرولوژیکی برخی از پارامترها دارای مفهوم فیزیکی هستند و در عرصه قابل اندازه‌گیری هستند. با توجه به مشکلات و خطاهای اندازه‌گیری، این پارامترها

تصادفی عملکرد بهتری نسبت به دو روش دیگر دارد و این روش قادر بوده مقدار دقیق بهینه را پیدا کند، در حالی که الگوریتم ژنتیک توانسته نقاطی نزدیک به نقطه بهینه را پیدا کند. آن‌ها موفقیت روش تکامل تصادفی جوامع را به اشتراک‌گذاری دوره‌ای سراسری اطلاعات به‌دست آمده از جستجوی سیمپلکس محلی دانستند. در پژوهش Zhang و همکاران (۲۰۰۹)، الگوریتم ژنتیک عملکرد بهتری نسبت به روش تکامل تصادفی جوامع داشته است. در پژوهش‌های دیگر، Daniell و Ndiritu (۲۰۰۱) و Sadeghi Tabas و همکاران (۲۰۱۴) مشاهده کردند، تکامل تصادفی جوامع عملکرد بهتری نسبت به الگوریتم ژنتیک دارد. در پژوهش Arsenault و همکاران (۲۰۱۳) در مقایسه ۱۰ روش بهینه‌سازی، مشاهده شد که در مسائل با ابعاد پایین الگوریتم DDS عملکرد بهتری نسبت به روش تکامل تصادفی جوامع دارد و در مسائل با ابعاد بالا، روش تکامل تصادفی جوامع عملکرد بهتری نسبت به DDS داشته است. هر دو روش، عملکرد بهتری نسبت به الگوریتم ژنتیک داشته‌اند.

نیز بهینه‌سازی می‌شوند. در این پژوهش، اقدام به بررسی کارایی سه روش تکامل تصادفی جوامع، الگوریتم DDS و الگوریتم ژنتیک در بهینه‌سازی پارامترهای مدل HyMod در حوضه فورچای رامیان شد. بدین منظور، برای واسنجی و اعتبارسنجی، سه سال داده در نظر گرفته شد. در مقایسه دو روش الگوریتم ژنتیک و تکامل تصادفی جوامع، مشاهده شد، جواب بهینه پیدا شده در هر دو روش از تغییرات کمتری نسبت به الگوریتم DDS برخوردار هستند. در مقایسه با روش تکامل تصادفی جوامع، روش الگوریتم ژنتیک در تعداد اجرای کمتری به هم‌گرایی رسیده است. اما از نظر زمان اجرا، الگوریتم ژنتیک نیاز به زمان اجرای بیشتری دارد. Jeon و همکاران (۲۰۱۴)، مشاهده کردند که در مقایسه با روش تکامل تصادفی جوامع، الگوریتم ژنتیک در مدت زمان کوتاه‌تری توانسته مقادیر پارامترهای بهینه را پیدا کند. در پژوهشی دیگر، Cooper و همکاران (۱۹۹۷) در مقایسه سه روش الگوریتم ژنتیک، تکامل تصادفی جوامع و الگوریتم تبرید به این نتیجه رسیدند که روش تکامل



شکل ۱۰- رفتار الگوریتم در تعداد تکرارهای مختلف روش الگوریتم ژنتیک

با توجه به نتایج به‌دست آمده، چنانچه مدل مورد بررسی، دارای تعداد پارامترهای کم باشد، الگوریتم DDS با توجه به سادگی اجرا و عدم نیاز به تعیین پارامترهای آن، بهتر است و چنانچه تعداد پارامترهای مدل زیاد باشد، روش تکامل تصادفی جوامع با توجه به ثبات آن و ارائه جواب قابل قبول برای تعداد اجرای پایین، پیشنهاد

نتایج نشان داد، حتی در حالتی که الگوریتم‌ها برای مدت زمان طولانی بهینه شود، الگوریتم‌ها به مقادیر پارامترهای یکسانی دست پیدا نمی‌کنند و تفاوت‌هایی هر چند جزئی در بین آن‌ها وجود دارد، مسئله‌ای که در پژوهش Zhang و همکاران (۲۰۰۹) در مقایسه پنج الگوریتم بهینه‌سازی مشاهده کردند.



پیدا کنند. به نوعی، می توان به عنوان یک پیشنهاد، تعداد جوامع را دو برابر تعداد پارامترها در نظر گرفت و برای الگوریتم ژنتیک نیز با توجه به نتایج این پژوهش، تعداد کروموزمها را بین دو تا سه برابر تعداد پارامترهای مدل در نظر گرفت.

می شود. برای روش تکامل تصادفی جوامع لزوما انتخاب تعداد زیادی جمعیت منجر به نتایج بهتر نمی شود. در این حالت، چنانچه مدل دارای تعداد پارامتر محدود است، بهتر است، تعداد جوامع کوچک انتخاب شده و با افزایش تعداد پارامترهای مدل، تعداد جوامع نیز افزایش

#### منابع مورد استفاده

1. Arsenault, R., A. Poulin, P. Côté and F. Brissette. 2013. A comparison of stochastic optimization algorithms in hydrological model calibration. *Journal of Hydrologic Engineering*, 19(7): 1374-1384.
2. Bourhani Daryan, A. and Z. Frahanfar. 2011. Calibration of rainfall-runoff models using MBO algorithm. *Irrigation and Water Engineering*, 1(4): 60-71 (in Persian).
3. Boyle, D., H. Gupta and S. Sorooshian. 2000. Toward improved calibration of hydrologic models, combining the strength of manual and automatic methods. *Water Resources Research*, 36: 3663-3674.
4. Cooper, V.A., V.T.V. Nguyen and J.A. Nicell. 1997. Evaluation of global optimization methods for conceptual rainfall-runoff model calibration. *Water Science and Technology*, 1997(36): 53-60.
5. Duan, Q.Y., S. Sorooshian and V. Gupta. 1994. Optimal use of the SCE-UA global optimization method for calibrating watershed models. *Journal of Hydrology*, 158: 265-284.
6. Duan, Q.Y., S. Sorooshian and V. Gupta. 1992. Effective and efficient global optimization for conceptual rainfall-runoff models. *Water Resources Research*, 28(4): 1015-1031.
7. Franchini, M., G. Galeati and S. Berra. 1998. Global optimization techniques for the calibration of conceptual rainfall-runoff models. *Hydrological Sciences Journal*, 43: 443-458.
8. Jeon, J., C.G. Park and B.A. Engel. 2014. Comparison of performance between Genetic algorithm and SCE-UA for calibration of SCS-CN surface runoff simulation. *Water*, 6: 3433-3456.
9. Madsen, H. 2003. Parameter estimation in distributed hydrological catchment modelling using automatic calibration with multiple objectives. *Advances in Water Resources*, 26(2): 205-216.
10. Ndiritu, J.G. and T.M. Daniell. 2001. An improved genetic algorithm for rainfall-runoff model calibration and function optimization. *Mathematical and Computer Modelling*, 33: 695-706.
11. Sadeghitabas, S., M. Pourrezabilondi and H. Khozayemehzhad. 2015. Evaluation of Different global optimization methods for calibration of a daily hydrological model. *Irrigation Sciences and Engineering*, 38(3): 129-142 (in Persian).
12. Qi, W., C. Zhang, G. Fu and H. Zhou. 2016. Quantifying dynamic sensitivity of optimization algorithm parameters to improve hydrological model calibration. *Journal of Hydrology*, 533: 213-223.
13. Tolson, B.A. and C.A. Shoemaker. 2007. Dynamically dimensioned search algorithm for computationally efficient watershed model calibration. *Water Resources Research*, 43(1): W01413, doi: 10.1029/2005WR004723.
14. Westerberg, I.K., J.I. Guerrero, P.M. Younger, K.J. Beven, J. Seibert, S. Halldin, J.E. Freer and C. Xu. 2011. Calibration of hydrological models using flow-duration curves. *Hydrology and Earth System Sciences*, 15: 2205-2227.
15. Zhang, X., R. Srinivasan, K. Zhao and M.V. Liew. 2009. Evaluation of global optimization algorithms for parameter calibration of a computationally intensive hydrologic model. *Hydrological Processes*, 23: 436-441.
16. Zhang, Ch., R. Wang and Q.X. Mend. 2015. Calibration of conceptual rainfall-runoff models using global optimization. *Advances in Meteorology*, 2015(8): 1-12.