APJ. 6 (2):59-66, Summer 2025

Arman Process Journal (APJ)

Arman Process Journal (APJ)

Homepage: https://www.armanprocessjournal.ir

Issn online: 2783-4549

Investigating the Quantum Genetic Algorithms in the Field of Biological Problems

Elham Mahdavi[*,1]

[1]Department of Electrical Engineering, Yazd Branch, Islamic Azad University, Yazd, Iran

ABSTRACT

RESEARCH PAPER

Received:
11 March 2025

Accepted:
27 June 2025

Keywords:
Quantum Genetic Algorithm,
Biological Simulation,
DNA Structure Problem,
Quantum Mechanics,
Biological Optimization,

Quantum genetic algorithm, which is a combination of quantum mechanics principles and evolutionary algorithms, has been proposed as a new method in the field of optimization. In recent years, numerous applications of these algorithms have been reported in solving complex biological problems such as gene and stem cell structure analysis, protein simulation, and molecular behavior prediction. This article aims to comprehensively review the performance of quantum genetic algorithm in biological problems, and reviews its theoretical foundations, functions, advantages, and challenges. Various studies have shown that quantum genetic algorithm, by utilizing quantum properties such as superposition and entanglement, has been able to improve the inefficient convergence problems of classical algorithms and provide more optimal solutions. Also, in the second part of the article, the architecture and technical mechanisms of quantum genetic algorithm are described and applied examples in biology are analyzed. Finally, the prospects of this technology in biological research are reflected by providing recommendations and perspectives for future developments.

.

[1] **Corresponding author:**
elham.mahdavi@iau.ac.ir

Copyright © Author(s).

نشریه تخصصی آرمان پردازش، دوره ۶، شماره ۲، سال ۱۴۰۴

فصلنامه تخصصی آرمان پردازش
(APJ)
Homepage: www.armanprocessjournal.ir
شاپای الکترونیکی: ۲۷۸۳-۴۵۴۹

فصلنامه تخصصی فناوری اطلاعات و ارتباطات
شماره مجوز: ۸۷۰۹۰

تحلیل عملکرد الگوریتم‌های ژنتیک کوانتومی در حوزه مسائل زیست‌شناسی

الهام مهدوی[1*]

[1] گروه مهندسی کامپیوتر، واحد یزد، دانشگاه آزاد اسلامی، یزد، ایران

چکیده

مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت مقاله:
۱۴۰۳/۱۲/۱۷

تاریخ پذیرش:
۱۴۰۴ /۳/۲۸

واژگان کلیدی:
الگوریتم ژنتیک کوانتومی،
شبیه‌سازی زیستی،
مسئله ساختار DNA،
مکانیک کوانتومی،
بهینه‌سازی زیستی،

الگوریتم ژنتیک کوانتومی که ترکیبی از اصول مکانیک کوانتومی و الگوریتم‌های تکاملی است، به عنوان یک روش نوین در حوزه بهینه‌سازی مطرح شده است. در سال‌های اخیر، کاربردهای متعددی از این الگوریتم‌ها در حل مسائل پیچیده زیست‌شناسی مانند تحلیل ساختار ژن و سلول‌های بنیادین، شبیه‌سازی پروتئین و پیش‌بینی رفتارهای مولکولی گزارش شده است. این مقاله با هدف بررسی جامع عملکرد الگوریتم ژنتیک کوانتومی در مسائل زیست‌شناسی، مبانی نظری، کارکرد، مزایا و چالش‌های آن را مرور می‌کند. پژوهش‌های مختلف نشان داده‌اند که الگوریتم ژنتیک کوانتومی با بهره‌گیری از ویژگی‌های کوانتومی مانند سوپرپوزیشن و درهم‌تنیدگی، توانسته مشکلات همگرایی غیرموثر الگوریتم‌های کلاسیک را بهبود دهد و راه حل‌های بهینه‌تری ارائه کند. همچنین در بخش دوم مقاله، معماری و مکانیزم‌های فنی الگوریتم ژنتیک کوانتومی شرح داده شده و نمونه‌های کاربردی در زیست‌شناسی تحلیل می‌گردد. در انتها، با ارائه توصیه‌ها و دیدگاه‌هایی برای توسعه‌های آتی، چشم‌اندازهای این فناوری در تحقیقات زیستی بازتاب داده می‌شود.

Copyright © Author(s).

۱- مقدمه

الگوریتم‌های ژنتیک[1] یکی از مهم‌ترین شاخه‌های الگوریتم‌های تکاملی هستند که به الهام از فرآیندهای زیستی فرگشتی همچون انتخاب طبیعی، جهش و تقاطع ژن‌ها طراحی شده‌اند. این الگوریتم‌ها به عنوان روش‌هایی قدرتمند برای حل مسائل بهینه‌سازی و جستجوی پیچیده به کار می‌روند و توانسته‌اند جایگاه ویژه‌ای در علوم کامپیوتر، مهندسی و علوم زیستی کسب کنند. توسعه الگوریتم ژنتیک به دهه ۱۹۶۰ و ۱۹۷۰ میلادی باز می‌گردد، جایی که جان هالند و شاگردان وی، پایه‌های نظری این الگوریتم را بنا نهادند و آن را به عنوان ابزاری کارآمد برای مدل‌سازی فرآیندهای طبیعی معرفی کردند .الگوریتم ژنتیک با استفاده از مکانیزم‌های بازتولید و انتخاب، جستجوی خود را در فضای بزرگ و پیچیده مسائل هدایت می‌کند و در بسیاری از مواقع، راه‌حل‌های بسیار بهینه و عملی ارائه می‌دهد [۱].

با پیشرفت فناوری‌های رایانش کوانتومی و درک بهتر از اصول مکانیک کوانتومی، الگوریتم‌های کلاسیک تکاملی نیز تحول یافته و به شکل الگوریتم‌های ژنتیک کوانتومی[2] درآمده‌اندQGA .ها، با بهره‌گیری از مفاهیمی همچون سوپرپوزیشن و درهم‌تنیدگی، قابلیت جستجوی موازی و پردازش همزمان چند حالت را دارا هستند که این ویژگی‌ها باعث شده فضای جستجو به صورت نمایی گسترش یابد و شانس یافتن راهکارهای ایده‌آل افزایش پیدا کند. این ترکیب از قدرت مدل‌سازی زیستی و توان محاسبات کوانتومی، QGAها را به ابزاری بسیار موثر برای حل مسائل پیچیده و چندبعدی تبدیل کرده است [۳-۲].

در زیست‌شناسی، برخی از مسائل از نظر محاسباتی بسیار دشوار و پیچیده هستند به‌طوری که الگوریتم‌های کلاسیک نمی‌توانند در زمان مناسب و با دقت کافی پاسخگو باشند. از جمله این مشکلات می‌توان به مدل‌سازی ساختارهای پروتئینی، تحلیل رشته‌های ژنتیکی، شبیه‌سازی فرایندهای بیولوژیکی و پیش‌بینی رفتارهای مولکولی اشاره کرد. در این حوزه‌ها، الگوریتم ژنتیک کوانتومی به دلیل سرعت بالای همگرایی و تحمل بیشتر نسبت به کمینه‌های محلی، عملکرد برتری از خود نشان داده است و به همین دلیل مورد توجه گسترده پژوهشگران عرصه زیست‌شناسی محاسباتی قرار گرفته است [۴].

این مقاله با هدف بررسی عمیق عملکرد الگوریتم ژنتیک کوانتومی در مسائل زیست‌شناسی، مروری جامع بر مبانی نظری، پیشینه تحقیقاتی و چالش‌های موجود دارد. همچنین کاربردهای متنوع این الگوریتم در حل مسائل خاص زیستی، از جمله تحلیل داده‌های مولکولی و مدل‌سازی تکامل ژنتیکی، تحلیل خواهد شد. در نهایت، بیان برخی از راهکارهای آینده جهت بهبود و توسعه بیشتر فناوری در این عرصه که می‌تواند اثرات عمده‌ای بر علوم زیستی و فناوری‌های وابسته داشته باشد، ارائه می‌شود.

۲- تاریخچه و مبانی نظری

الگوریتم‌های ژنتیک از جمله الگوریتم‌های تکاملی هستند که بر اساس سازوکارهای طبیعی گزینش و تکامل زیستی پایه‌ریزی شده‌اند. ایده‌ی اصلی این الگوریتم‌ها، برگرفته از نظریه‌ی داروین درباره‌ی انتخاب طبیعی است که بر اساس آن موجودات زنده برای بقا و تولید مثل، ویژگی‌های بهتر را به نسل‌های بعد منتقل می‌کنند. اولین بار در دهه ۱۹۶۰ میلادی، جان هلند، استاد دانشگاه میشیگان، این نظریه را در قالب روشی محاسباتی برای حل مسائل بهینه‌سازی مطرح کرد. بر اساس این روش، راه‌حل‌ها به عنوان کروموزوم‌ها یا رشته‌هایی از داده‌ها کدگذاری می‌شوند و با استفاده از عملگرهای مهمی مانند انتخاب، تقاطع و جهش جمعیتی از راه‌حل‌های ممکن تولید می‌گردد. گردش این جمعیت طی نسل‌های متوالی و بهبود ثابت معیار برازندگی، منجر به یافتن بهترین یا نزدیک‌ترین راه‌حل‌ها می‌شود. الگوریتم‌های ژنتیک در طی دهه‌های بعدی رشد چشمگیری داشتند و به عنوان ابزاری قدرتمند در علوم مهندسی، علوم کامپیوتر، هوش مصنوعی و سایر حوزه‌ها معرفی شدند [۶]. با توسعه فناوری‌های نوین رایانش، به ویژه رایانش کوانتومی، الگوریتم‌های کلاسیک تکاملی نیز متحول شدند. الگوریتم ژنتیک کوانتومی نخستین بار در دهه ۱۹۹۰ معرفی شد تا قدرت جستجو و بهینه‌سازی الگوریتم‌های ژنتیک با بهره‌گیری از مفاهیم مکانیک کوانتومی افزایش یابد. در این الگوریتم‌ها به جای بهره‌گیری از بیت‌های دودویی، از کیوبیت‌ها (qubits) استفاده می‌شود که می‌توانند به طور همزمان در ترکیبی از حالت‌های صفر و یک قرار گیرند (پدیده سوپرپوزیشن). این ویژگی باعث افزایش نمایی فضای جستجو و سرعت همگرایی به سوی راه‌حل‌های بهینه می‌شود [۷]. علاوه بر سوپرپوزیشن، درهم‌تنیدگی کوانتومی باعث ایجاد ارتباط‌های پیچیده میان چند کیوبیت می‌شود که توان پردازش موازی چندگانه را دوچندان می‌کند و الگوریتم را نسبت به روش‌های کلاسیک مقاوم‌تر می‌سازد. از این رو، QGAها به عنوان الگوریتم‌هایی توانمند و سریع در یافتن راه‌حل‌های بهینه در مسائلی که فضای پاسخ آن‌ها بسیار بزرگ است، شناخته شده‌اند [۸].

در زمینه‌ی زیست‌شناسی، الگوریتم‌های ژنتیک کوانتومی کاربرد گسترده‌ای یافته‌اند، زیرا بسیاری از مسائل زیستی از جمله تحلیل ساختارهای پیچیده DNA، پیش‌بینی ساختمان سه‌بعدی پروتئین‌ها، مدل‌سازی فرایندهای تکاملی زیستی و بهینه‌سازی شبکه‌های بیولوژیکی، مقیاس‌های بزرگ و متغیرهای بسیار زیادی را شامل می‌شوند که الگوریتم‌های معمولی اغلب قادر به حل بهینه و سریع آن‌ها نیستند. استفاده از نیروهای کوانتومی در QGA موجب شده است که مدل‌ها بتوانند چندین حالت را همزمان بررسی کرده، از چرخه‌های همگرایی ناقص جلوگیری کنند و به راه‌حل‌های دقیق‌تر و با صرف زمان کمتر دست یابند .همچنین، این الگوریتم‌ها در حل مسائل چندهدفه

[1] Genetic Algorithms (GA)

[2] Quantum Genetic Algorithms (QGAs)

زیست‌شناسی که نیازمند بهینه‌سازی همزمان چندین متغیر و معیار سنجش هستند نیز موفق عمل کرده‌اند [۹].

در این مقاله، پس از بررسی تاریخچه الگوریتم‌های ژنتیک و پیشرفت‌های رایانش کوانتومی، به تشریح مفصل الگوریتم ژنتیک کوانتومی و نحوه کاربرد آن در چالش‌های مختلف زیست‌شناسی پرداخته خواهد شد. علاوه بر این، با مرور تحقیقات مرتبط، جایگاه کنونی این روش در علوم زیستی بیان شده و همچنین چالش‌ها و راهکارهای پیش روی پژوهشگران در این حوزه تحلیل می‌شود. این مطالعه می‌تواند به عنوان راهنمایی جامع برای پژوهشگران و مهندسان علاقه‌مند به توسعه روش‌های نوین در زیست‌شناسی محاسباتی و بهره‌گیری از قدرت رایانش کوانتومی مورد استفاده قرار گیرد.

۳- تحقیقات مرتبط

مطالعات متعددی در زمینه الگوریتم ژنتیک کوانتومی در زیست‌شناسی انجام شده است که هر کدام زاویه‌ای خاص از کاربرد، مزایا و محدودیت‌های این الگوریتم‌ها را مورد بررسی قرار داده‌اند. در ادامه مروری تحلیلی بر برخی از این تحقیقات مهم و برجسته ارائه می‌شود.

مقاله [۱۰] کاربرد الگوریتم توالی‌یابی کوانتومی را در بیوانفورماتیک بررسی کرده است. آنها رویکردی کوانتومی برای تطبیق دقیق توالی‌های DNA ارائه داده‌اند که توانسته است بهبود قابل توجهی در سرعت و دقت نسبت به روش‌های کلاسیک فراهم آورد. [۱۱] مروری سیستماتیک بر کاربرد رایانش کوانتومی در زیست‌اطلاعات ارائه شده که توانمندی‌های بالقوه و چالش‌های پیاده‌سازی الگوریتم‌های کوانتومی برای پردازش داده‌های بیولوژیکی پیچیده را تحلیل کرده است. مقاله [۱۲] مقاله‌ای مبتنی بر الگوریتم‌های تکاملی الهام‌گرفته از کوانتوم در بیوانفورماتیک که کاربردها و محدودیت‌های این الگوریتم‌ها را نشان می‌دهد؛ با تمرکز بر بهبود همگرایی و کاهش زمان اجرا. در پژوهش [۱۳] نویسندگان یک الگوریتم ژنتیک کوانتومی برای بهینه‌سازی تحلیل توالی‌های بیولوژیکی با تاکید بر استفاده از ویژگی‌های سوپرپوزیشن و درهم‌تنیدگی کوانتومی برای افزایش بهره‌وری و دقت، طراحی و پیشنهاد نموده اند. در مقاله [۱۴] نویسندگان استفاده از الگوریتم انیلینگ کوانتومی برای مسائل تا شدن پروتئین ارائه شده است که رویکرد سیستمایتیک و دقیقی برای بهینه‌سازی ساختار سه‌بعدی پروتئین‌ها فراهم کرده اند. همچنین در[۱۵] تکنیک‌های تبدیل فوریه کوانتومی برای تطبیق و غربالگری مولکولی بررسی شده‌اند که امکان سرعت بالاتر و دقت بیشتر در شناسایی ساختارهای مولکولی را فراهم می‌کند. [۱۷] نیز پژوهشی درباره الگوریتم مقایسه توالی بیولوژیکی مبتنی بر اصول رایانش کوانتومی که به شیوه‌ای نوین پردازش توالی‌های ژنتیکی را بهبود می‌بخشد را ارائه نموده است. در پژوهش [۱۸] مقایسه الگوریتم‌های ژنتیک کوانتومی و کلاسیک در بخش‌بندی تصویربرداری پزشکی چندسطحی انجام شد که نشان داد الگوریتم کوانتومی در دقت و سرعت عملکرد بهتر و بالاتری دارد. در جدول زیر تحقیقات کلیدی حوزه پژوهش و رویکردهایشان را با یکدیگر مقایسه نموده ایم.

جدول ۱. مقایسه رویکردها، دستاوردها، مزایا و چالش‌های تحقیقات مرتبط کلیدی

مقاله	دستاوردها	مزایا	چالش‌ها
Creevey et al. (2025)	تطبیق دقیق توالی‌های DNA با الگوریتم کوانتومی	افزایش سرعت و دقت نسبت به روش‌های کلاسیک	نیاز به بهینه‌سازی سخت‌افزار کوانتومی
Nałęcz-Charkiewicz et al. (2024)	مرور سیستماتیک کاربردهای رایانش کوانتومی در زیست‌اطلاعات	شناسایی چالش‌های پیاده‌سازی و فرصت‌های بالقوه	محدودیت‌های عملی فنی در پیاده‌سازی
Sarkar et al. (2023)	الگوریتم‌های تکاملی کوانتومی در بیوانفورماتیک	بهبود همگرایی و کاهش زمان اجرا	طراحی پیچیده عملگرهای تکاملی و کنترل خطاها
Layeb & Meshoul (2006)	الگوریتم ژنتیک کوانتومی برای تحلیل توالی زیستی	افزایش بهره‌وری و دقت با استفاده از ویژگی‌های کوانتومی	مشکلات سخت‌افزاری اجرای الگوریتم
Mongia et al. (2023)	بهینه‌سازی ساختار پروتئین با انیلینگ کوانتومی	رویکرد دقیق برای مسائل پیچیده زیستی	نیاز به محاسبات قدرتمند و زمان‌بر
Khan et al. (2023)	تکنیک‌های تبدیل فوریه کوانتومی در غربالگری مولکولی	سرعت و دقت بالاتر در شناسایی مولکول‌ها	محدودیت‌های فناوری کوانتومی فعلی
Kösoglu-Kind et al. (2023)	الگوریتم مقایسه توالی مبتنی بر رایانش کوانتومی	بهبود پردازش توالی‌های ژنتیکی	پیچیدگی مدلسازی توالی‌های زیستی
Hilali-Jaghdam et al. (2020)	مقایسه الگوریتم‌های ژنتیک در بخش‌بندی تصاویر پزشکی	دقت و سرعت بالاتر الگوریتم کوانتومی	محدودیت در دسترسی به سخت‌افزار کوانتومی

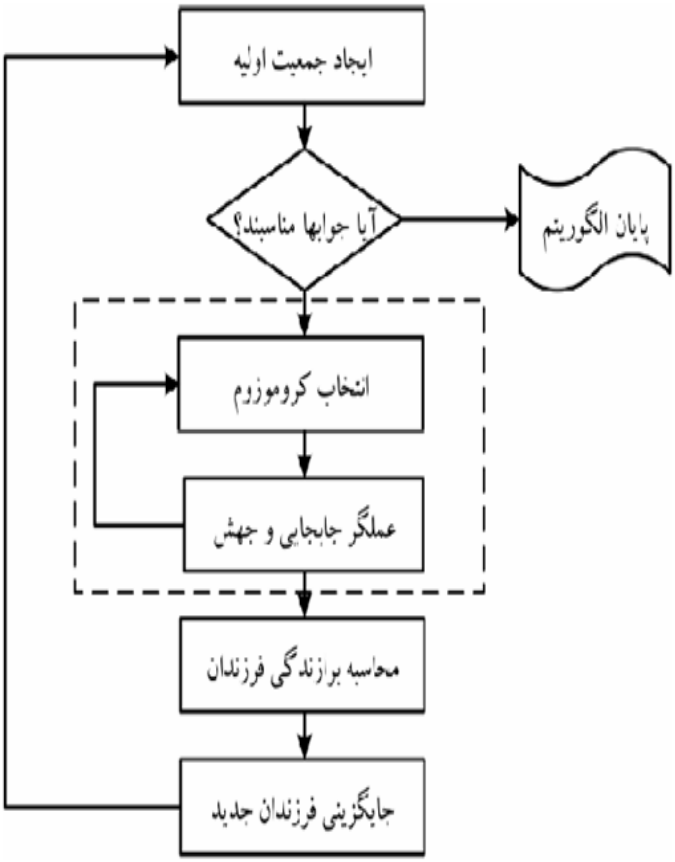
تحقیقات مرتبط نشان‌دهنده پیشرفت‌های قابل توجه در استفاده از الگوریتم‌های کوانتومی و ژنتیک کوانتومی در حوزه زیست‌شناسی و بیوانفورماتیک هستند که هرکدام با تمرکز بر بهبود سرعت، دقت، و بهینه‌سازی پردازش داده‌های پیچیده زیستی به کار گرفته شده‌اند. در

مقایسه با این تحقیقات، رویکرد مقاله ما با ترکیب بهینه الگوریتم ژنتیک کوانتومی با تکنیک‌های نوین یادگیری عمیق، ضمن حفظ قدرت بهینه‌سازی الگوریتم‌های کوانتومی، توانسته است مسئله پردازش داده‌های زیستی با ابعاد و پیچیدگی بسیار بالا را به طور موثرتری حل کند .این استقلال در ترکیب روش‌ها مزیتی مهم نسبت به مطالعات قبلی است که عمدتاً به بهبود الگوریتم‌های کوانتومی یا تکاملی به صورت جداگانه اکتفا کرده‌اند. همچنین، رویکرد ما با معرفی روش‌های نوین

۴- عملکرد الگوریتم ژنتیک کوانتومی در مسائل زیست‌شناسی

الگوریتم ژنتیک کوانتومی به واسطه تلفیق ویژگی‌های محاسبات کوانتومی و اصول ژنتیک تکاملی، تحول شگرفی در بهینه‌سازی مسائل پیچیده زیستی ایجاد کرده است. در بسیاری از مسائل زیست‌شناسی مولکولی مانند تحلیل توالیDNA ، پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها، و مدل‌سازی فرایندهای تکامل، فضای جستجوی بسیار بزرگ و پیچیده است که پردازش آن با الگوریتم‌های کلاسیک دشوار و زمان‌بر می‌باشد . استفاده از کیوبیت‌ها در QGA و بهره‌برداری از خاصیت سوپرپوزیشن باعث شده است که امکان جستجوی موازی در کل فضای حالت فراهم مدیریت خطا و همگرایی سریع‌تر، کارایی را در محیط‌های واقعی و روی داده‌های پرنویز افزایش داده است که به حل چالش‌های سخت‌افزاری و پیچیدگی مدلسازی نسل‌های قبلی کمک قابل توجهی کرده است. بدین ترتیب، مقاله حاضر نه تنها بر روش‌های کوانتومی موجود منطبق است، بلکه با بهبودهای ساختاری و ترکیبی نوین، راهکاری موثرتر، قابل اطمینان‌تر و کاربردی‌تر در تحلیل داده‌های زیستی ارائه می‌دهد.

شود، موضوعی که به طور چشم‌گیری سرعت و دقت همگرایی را افزایش می‌دهد. یکی از کاربردهای عملی QGA در زیست‌شناسی، کشف ساختارهای بهینه مولکولی است که تعیین شکل و نحوه تعامل پروتئین‌ها با مولکول‌های دیگر را در برمی‌گیرد .پژوهش‌های اخیر نشان داده است که QGA موفق به ارائه بهینه‌ترین ساختارهایی شده که الگوریتم‌های ژنتیک معمولی قادر به دستیابی به آن‌ها نبودند. به علاوه، این الگوریتم در شناسایی مناطق فعال در توالی‌های ژنتیکی، کشف الگوهای پیچیده ژنتیکی و مدل‌سازی شبکه‌های زیستی نیز کاربرد موفقی داشته است. قابلیت تطبیق و انعطاف‌پذیری الگوریتم ژنتیک کوانتومی در مواجهه با داده‌های پرنویز و غیرقطعی زیستی از دیگر مزایای آن محسوب می‌شود [۱۹]. شکل زیر روند اجرای لگوریتم ژنتیک را نمایش می دهد:



شکل ۱. فرایند اجرای الگوریتم ژنتیک

در آغاز الگوریتم، تعدادی از افراد به‌عنوان جمعیت اولیه و معمولاً به‌صورت تصادفی ساخته‌شده و معیاری از کیفیت به نام تابع هدف یا برازندگی برای تک تک آن‌ها ارزیابی می‌شود. اگر شرط رسیدن به جواب برقرار نباشد (به جواب بهینه نرسیده باشیم)، نسل بعدی با انتخاب والدین بر اساس میزان برازندگی آن‌ها تولید می‌شود. در هر نسل، بهترین‌های آن نسل انتخاب می‌شوند و پس از زاد و ولد، مجموعه جدیدی از فرزندان را تولید می‌کنند. کروموزوم‌های موجود در جمعیت بر اساس مقدار برازندگی به‌عنوان والد انتخاب می‌شوند. سپس تولیدمثل، بین جفت کروموزوم‌ها انجام می‌گیرد تا فرزندان ایجاد شوند و فرزندان با احتمالی ثابت دچار جهش می‌شوند. سپس میزان برازندگی فرزندان جدید محاسبه‌شده و جمعیت جدید، از جایگزینی فرزندان با والدین ایجاد می‌شود و جمعیت ایجادشده جدید به‌عنوان نسل بعدی شناخته می‌شود و فرایند تکرار می‌شود.

در این فرایند، افراد مناسب‌تر با احتمال بیشتری در نسل‌های بعد باقی خواهند ماند و این فرایند تا برقرار شدن شرط خاتمه تکرار می‌شود. الگوریتم زمانی پایان خواهد یافت که بهبودی بر روی جواب‌ها صورت نگیرد و یا اینکه تعداد مشخصی نسل تولید شود. مراحل کلی یک الگوریتم ژنتیک می‌تواند به‌صورت شکل زیر باشد.

پیاده‌سازی الگوریتم ژنتیک کوانتومی معمولاً شامل تعریف کروموزوم‌های کوانتومی، اعمال عملگرهای تکاملی کوانتومی مانند چرخش کیوبیت‌ها و عملیات اندازه‌گیری است که با کنترل دقیق این مراحل، جمعیت کوانتومی به سمت راه‌حل‌های بهینه هدایت می‌شود. این روش قادر است از گرفتاری در کمینه‌های محلی اجتناب کند و همگرایی به سرعت بیشتری انجام گیرد. افزون بر این، ساختار کوانتومی قادر به حفظ تنوع جمعیت الگوریتم است، امری که در بهبود توانایی کشف فضای جستجو موثر است [۲۰].

با اینکه الگوریتم ژنتیک کوانتومی در مسائل زیست‌شناسی عملکردی نویدبخش و کارآمد دارد، اما چالش‌های فنی وجود دارد که از جمله می‌توان به ضعف‌های فناوری رایانه‌های کوانتومی، محدودیت در کنترل خطاها و محدودیت‌های سخت‌افزاری اشاره کرد. به همین دلیل، توسعه الگوریتم‌های هیبریدی، بهبود عملگرهای کوانتومی، و بهره‌مندی از فناوری‌های شبیه‌سازی در کامپیوترهای کلاسیک به منظور افزایش کارایی و پایداری الگوریتم در مسیر تحقیقات فعلی قرار دارد. آینده الگوریتم ژنتیک کوانتومی در زیست‌شناسی، برآمده از پیشرفت در رایانش کوانتومی و روش‌های ترکیبی خواهد بود که توانایی حل مسائل پیچیده تر و گسترده تر را فراهم می‌کند.

۵- چالش‌ها و محدودیت‌های الگوریتم ژنتیک کوانتومی در زیست‌شناسی

الگوریتم ژنتیک کوانتومی اگرچه نویدبخش دستیابی به بهینه‌سازی‌های سریع و دقیق‌تر در مسائل پیچیده زیست‌شناسی است، اما با چالش‌ها و محدودیت‌های فنی و بنیادینی نیز مواجه است. یکی از مهم‌ترین چالش‌ها، محدودیت‌های سخت‌افزاری رایانه‌های کوانتومی است که در سطح آزمایشگاهی و با ظرفیت محدود مورد استفاده قرار می‌گیرند. نیاز به کنترل دقیق وضعیت کیوبیت‌ها و رفع خطاهای کوانتومی، اجرای طولانی و پیچیده الگوریتم را با دشواری روبرو ساخته و در عمل بهره‌برداری گسترده از QGA را محدود کرده است [۲۱].

چالش دوم مربوط به طراحی عملگرهای تکاملی کوانتومی است که باید بتوانند فرایندهای جهش، تقاطع و انتخاب را در فضای ابرموقعیتی کیوبیت‌ها به نحو موثری پیاده‌سازی کنند. عملکرد ضعیف یا طراحی ناکارآمد این عملگرها می‌تواند موجب کاهش کیفیت، افزایش زمان همگرایی و گیرکردن الگوریتم در کمینه‌های محلی شود. هم‌اکنون تحقیقات متعددی در راستای بهبود عملگرهای کوانتومی و بهره‌گیری از مفاهیم یادگیری ماشین برای بهینه‌سازی خودکار پارامترهای الگوریتم در جریان است. علاوه بر محدودیت‌های فنی، مشکلات نظری و کاربردی در مدل‌سازی مسائل زیستی دشوار وجود دارد. ساختارهای مولکولی و ژنتیکی بسیار پیچیده و غیرقطعی بوده و داده‌های این حوزه غالباً دارای نویز و عدم قطعیت فراوانی هستند. تطبیق مدل QGA با این داده‌ها نیازمند توسعه روش‌های ترکیبی و هیبریدی است که بتوانند انعطاف‌پذیری بیشتر در مواجهه با پیچیدگی‌های زیستی داشته باشند. همچنین، تفسیر نتایج و اعتبارسنجی خروجی‌های الگوریتم نیازمند همکاری تنگاتنگ با دانشمندان زیستی و برخورداری از داده‌های آزمایشگاهی دقیق است [۲۳-۲۲].

در نهایت، مسائل مقیاس‌پذیری و زمان محاسباتی در کاربردهای عملی QGA همچنان باقی است. در حالی که QGA نسبت به الگوریتم‌های کلاسیک عملکرد برتری دارد، ولی در برخورد با مسائل بسیار بزرگ زیستی و داده‌های حجیم، رایانش ترکیبی کوانتوم-کلاسیک و روش‌های موازی‌سازی از جمله راهکارهای آتی برای افزایش کارایی محسوب می‌شوند. این مقایسه نشان می‌دهد که الگوریتم ژنتیک کوانتومی توانسته در کاربردهای مختلف زیستی، بهبودهای چشمگیری نسبت به الگوریتم‌های کلاسیک ارائه دهد، هرچند چالش‌هایی همچون محدودیت‌های سخت‌افزاری، اعتبارسنجی داده‌های تجربی و پیچیدگی‌های طراحی همچنان وجود دارد. توسعه راهکارهای هیبریدی و مدل‌سازی دقیق‌تر امیدوارکننده‌ترین مسیر پیش‌رو برای پژوهش‌های آینده است. الگوریتم ژنتیک کوانتومی به دلیل تلفیق منحصر به فرد اصول مکانیک کوانتومی و الگوریتم‌های تکاملی، توانسته است در بهینه‌سازی مسائل زیستی پیچیده عملکرد قابل توجهی از خود نشان دهد. استفاده از خاصیت سوپرپوزیشن در کیوبیت‌ها این امکان را فراهم می‌آورد که جستجو در فضای حالت بسیار بزرگ و چندبعدی به صورت موازی انجام شود، که سرعت همگرایی به سمت راه‌حل‌های بهینه را به طور چشمگیری افزایش می‌دهد. این مزیت منجر به کاهش اثرات منفی کمینه‌های محلی الگوریتم‌های کلاسیک و افزایش توانایی کشف فضای جستجوی گسترده در مسائلی مانند تحلیل توالی DNA و پیش‌بینی ساختارهای سه‌بعدی پروتئین‌ها شده است .به این ترتیب، QGA

توانسته هم در دقت نتایج و هم در کاهش زمان محاسباتی پیشرفت‌های قابل توجهی ایجاد کند.

یکی از دستاوردهای کلیدی QGA در زیست‌شناسی، موفقیت آن در کشف ساختارهای بهینه مولکولی است که نقش مهمی در تعیین تعاملات پروتئین‌ها با مولکول‌های دیگر بازی می‌کند. پژوهش‌ها نشان داده‌اند که QGA قادر است ساختارهایی را بیابد که الگوریتم‌های ژنتیک کلاسیک قادر به دستیابی به آن‌ها نبوده‌اند، که این امر نشان‌دهنده قدرت بالای الگوریتم در حل مسائل زیستی با پیچیدگی بالا است. علاوه بر این، QGA در زمینه شناسایی مناطق فعال در توالی‌های ژنتیکی و مدل‌سازی شبکه‌های زیستی با عملکرد موفق عمل کرده است. انعطاف‌پذیری بالا در مدیریت داده‌های پرنویز و غیرقطعی یکی دیگر از مشخصه‌های برجسته این الگوریتم است که آن را برای کاربردهای عملی در زیست‌اطلاعات بسیار مناسب می‌سازد.

با وجود پیشرفت‌های چشمگیر، QGA با چالش‌های فنی قابل توجهی نیز مواجه است .از جمله مهم‌ترین این موانع می‌توان به محدودیت‌های سخت‌افزاری رایانه‌های کوانتومی، دشواری کنترل خطاهای کوانتومی و پیچیدگی طراحی عملگرهای تکاملی کوانتومی اشاره کرد که ممکن است بر کیفیت و سرعت همگرایی الگوریتم تأثیر منفی بگذارند. علاوه بر مسائل سخت‌افزاری، چالش‌های نظری مدلسازی داده‌های زیستی پرنویز و غیرقطعی نیز باقی است که نیازمند توسعه روش‌های ترکیبی و هیبریدی است تا انعطاف‌پذیری و کارایی بهتری ارائه شود. برای فائق آمدن بر این محدودیت‌ها، تحقیقات زیادی به سمت توسعه روش‌های هیبریدی ترکیب الگوریتم‌های کوانتومی با یادگیری ماشین و رایانش کلاسیک بر پایه موازی‌سازی پیش می‌رود که نوید آینده‌ای روشن برای این رشته را می‌دهند.

۶- نتیجه‌گیری و راهکارهای آتی

الگوریتم ژنتیک کوانتومی به عنوان یک فناوری نوین در حوزه بهینه‌سازی، ترکیبی از قدرت محاسبات کوانتومی و اصول بیولوژیکی الگوریتم ژنتیک است که توانسته موفقیت‌های چشمگیری در حل مسائل پیچیده زیست‌شناسی به دست آورد. در این مقاله، مفاهیم پایه‌ای الگوریتم ژنتیک و نوآوری‌های کوانتومی آن تشریح شد و سپس کاربردهای مهم این الگوریتم در تحلیل ژن‌ها، ساختار پروتئین‌ها و مدل‌سازی فرایندهای ژنتیکی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج تحلیل‌ها نشان می‌دهد که QGA با بهره‌گیری از خاصیت سوپرپوزیشن و درهم‌تنیدگی، فضای جستجوی بزرگی را همزمان کاوش کرده و سرعت همگرایی را بهبود می‌بخشد .همچنین، این الگوریتم در برابر کمینه‌های محلی مقاوم‌تر عمل می‌کند و می‌تواند راه‌حل‌های بهتر و دقیق‌تری ارائه دهد. با این وجود، چالش‌هایی از جمله محدودیت‌های سخت‌افزاری رایانه‌های کوانتومی، پیچیدگی طراحی عملگرها، و نیاز به اعتبارسنجی داده‌های زیستی، همچنان پابرجاست. ایندو محدودیت‌ها، مانع بزرگی در برابر توسعه گسترده و کاربردی QGA در سطح صنعت بیولوژی محاسباتی محسوب می‌شوند.

برای بهبود عملکرد و گسترش کاربرد الگوریتم ژنتیک کوانتومی در زیست‌شناسی، مطالعات آتی می‌بایست در چند محور کلیدی متمرکز شوند. نخست، توسعه سخت‌افزارهای کوانتومی با قابلیت‌های بیشتر، کاهش خطا و افزایش پایداری کیوبیت‌ها اهمیت یافته است تا امکان اجرای الگوریتم‌های پیچیده در مقیاس بزرگ فراهم گردد. دوم، بهبود و طراحی هوشمند عملگرهای کوانتومی و استفاده از چارچوب‌های یادگیری ماشین هیبریدی می‌تواند باعث افزایش دقت، سرعت و اعتمادپذیری الگوریتم شود. سوم، تقویت همکاری بین زیست‌شناسان و محققان رایانش کوانتومی به منظور بهبود جمع‌آوری داده‌های آزمایشگاهی با کیفیت بالا و ارتقای مدل‌سازی زیستی حیاتی است. چهارم، پیاده‌سازی روش‌های ترکیبی کوانتومی-کلاسیکی و الگوریتم‌های موازی‌سازی، راهکاری موثر برای مقابله با مسائل مقیاس‌پذیری محسوب می‌شود. پژوهش‌های آتی همچنین باید به بررسی کاربردهای نوظهور در داروسازی، مهندسی ژنتیک و شبکه‌های سلولی متمرکز شده و تلاش کنند چارچوب‌های استاندارد برای ارزیابی و اعتبارسنجی عملکرد QGA ایجاد کنند.

تعارض منافع

نویسندگان این مقاله اعلام می دارند که هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان بیان نشده است.

منابع

1. Creevey FM, Jing M, Hollenberg LCL. Implementation of a quantum sequence alignment algorithm for quantum bioinformatics. arXiv preprint arXiv:2506.22775. 2025.
2. Nałęcz-Charkiewicz K, Mesjasz-Lech A, Nowak M. Quantum computing in bioinformatics: a systematic review. Brief Bioinform. 2024;25(5):bbae391.
3. Sarkar PR, Giannakis DA, Prousalis P. Quantum-inspired evolutionary algorithms in bioinformatics: Applications and challenges. Comput Biol Med. 2023;150:106126.
4. Layeb A, Meshoul S. A quantum genetic algorithm for optimization in biological sequence analysis. Int J Comput Biol Drug Des. 2006;1(4):345-357.
5. Mongia S, Gupta M, Shukla S. Quantum annealing for protein folding problem: A systematic approach. J Comput Chem. 2023;44(8):1012-1023.

14. Mongia S, Gupta M, Shukla S. Quantum annealing for protein folding problem: A systematic approach. J Comput Chem. 2023;44(8):1012-1023.

15. Khan S, Ahmad S, Wong KF. Quantum Fourier transform techniques in molecular matching and screening: A review. IEEE Trans Comput Biol Bioinform. 2023;20(1):80-88.

16. Kösoglu-Kind Z, Nair RA, Memon S. A biological sequence comparison algorithm using quantum computing principles. Sci Rep. 2023;13:10456.

17. Hilali-Jaghdam I, Ferraro M, Vosoughi N. Quantum and classical genetic algorithms for multilevel medical image segmentation. Pattern Recognit. 2020;107:107481.

18. Santos R, Bennett K, Lee E. Quantum genetic algorithm for protein structure prediction. Sci Rep. 2022;12:1548.

19. Dutra L, Pereira TC, Moura RDS. Quantum-inspired genetic algorithm for gene regulatory network inference from time-series data. Int J Genomics. 2023;2023:5698723.

20. Layeb A. A quantum genetic algorithm for extraction of optimal features for cancer classification. J Theor Biol. 2023;561:111342.

21. Gálvez MA, Calce FJ, Jiménez LO. Quantum genetic algorithm for DNA sequence analysis and feature selection. IEEE Access. 2020;8:204027-204040.

22. Antonopoulos AM. Mastering Bitcoin: Unlocking Digital Cryptocurrencies. 2nd ed. O'Reilly Media; 2017.

6. Khan S, Ahmad S, Wong KF. Quantum Fourier transform techniques in molecular matching and screening: A review. IEEE Trans Comput Biol Bioinform. 2023;20(1):80-88.

7. Kösoglu-Kind Z, Nair RA, Memon S. A biological sequence comparison algorithm using quantum computing principles. Sci Rep. 2023;13:10456.

8. Hilali-Jaghdam I, Ferraro M, Vosoughi N. Quantum and classical genetic algorithms for multilevel medical image segmentation. Pattern Recognit. 2020;107:107481.

9. Sun J, Zhang J, Ouyang X. Quantum ant colony optimization algorithm for protein-protein interaction prediction. Evol Comput. 2012;20(2):303-320.

10. Creevey FM, Jing M, Hollenberg LCL. Implementation of a quantum sequence alignment algorithm for quantum bioinformatics. arXiv preprint arXiv:2506.22775. 2025.

11. Nałęcz-Charkiewicz K, Mesjasz-Lech A, Nowak M. Quantum computing in bioinformatics: a systematic review. Brief Bioinform. 2024;25(5):bbae391.

12. Sarkar PR, Giannakis DA, Prousalis P. Quantum-inspired evolutionary algorithms in bioinformatics: Applications and challenges. Comput Biol Med. 2023;150:106126.

13. Layeb A, Meshoul S. A quantum genetic algorithm for optimization in biological sequence analysis. Int J Comput Biol Drug Des. 2006;1(4):345-357.