

Efficiency of gene expression programming in diameter-height modeling of Iranian oak (*Quercus brantii* Lindl.)

Peyman Amiri¹, Javad Soosani^{*2}, Hamed Naghavi³

1. Ph.D. Student of Forest Management, Faculty of Natural Resources, Lorestan University, Khorramabad, Iran.
E-mail: peyman.amiri67@gmail.com
2. Corresponding Author, Associate Prof., Dept. of Forestry, Faculty of Natural Resources, Lorestan University, Khorramabad, Iran.
E-mail: soosani.j@lu.ac.ir
3. Associate Prof., Dept. of Forestry, Faculty of Natural Resources, Lorestan University, Khorramabad, Iran.
E-mail: hm.naghavi@gmail.com

Article Info

Article type:

Full Length Research Paper

Article history:

Received: 11.21.2024

Revised: 02.07.2025

Accepted: 02.07.2025

Keywords:

Iranian oak,
Prediction,
Regression,
Statistics,
Validation

ABSTRACT

Background and Objectives: Measuring the height of all forest trees is a time-consuming and costly process. As a result, diameter-height models have been developed to estimate tree height more efficiently. This study aimed to evaluate the effectiveness of gene expression programming (GEP) in diameter-height modeling for Iranian oak species (*Quercus brantii* Lindl.) and compare its performance with the three best non-linear models identified in previous research conducted in the high forests of the Middle Zagros region.

Materials and Methods: A 5-ha stand with a high forest vegetation structure was selected in the SefidKoh protected area of Lorestan. This selection was made after extensive field surveys within the region's forests. Within this stand, the diameter at breast height (DBH) and total height of all Iranian oak trees with a $DBH \geq 12.5$ cm were fully measured, resulting in a dataset of 642 trees. The data were split, with 80% used for modeling and 20% for validation. A gene expression programming model with 3 genes and 100 chromosomes was implemented using GeneXproTools 5.0 software to explore the relationship between height (dependent variable) and diameter (independent variable). Additionally, Curve Expert Professional software was employed for non-linear modeling. Model performance was evaluated using the root mean square error (RMSE), mean absolute error (MAE), and coefficient of determination (R^2).

Result: The GEP model explained 87% of the variation in tree height, as indicated by an R^2 value of 0.87. The model achieved an RMSE of 1.3 and an MAE of 0.97. Validation results further demonstrated the model's predictive capability, with an R^2 of 0.82, RMSE of 1.40, and MAE of 1.06. The top three non-linear models (Gompertz, MMF, and Richards) also performed well, explaining approximately 86% of the variation in tree height based on their R^2 values.

Conclusion: The findings of this study indicate that the GEP model, based on its R^2 , RMSE, and MAE performance metrics, is effective in estimating the height of Iranian oak trees in the high forests of the Middle Zagros region. This model is particularly suitable for forest areas with similar structural and habitat conditions to the study site. For future research, it is

recommended to explore other algorithms, such as mixed-effects models, support vector machines (SVM), artificial neural networks, and random forests, for estimating the height of Iranian oak trees. Comparing these approaches with the results of this study could provide more comprehensive insights into the planning and sustainable management of these valuable forest resources.

Cite this article: Amiri, Peyman, Soosani, Javad, Naghavi, Hamed. 2025. Efficiency of gene expression programming in diameter-height modeling of Iranian oak (*Quercus brantii* Lindl.). *Journal of Wood and Forest Science and Technology*, 31 (4), 1-19.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/JWFST.2025.23011.2082

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

کارایی برنامه‌نویسی بیان ژن در مدل‌سازی قطر - ارتفاع بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.)

پیمان امیری^۱، جواد سوسنی^{۲*}، حامد نقوی^۳

۱. دانشجوی دکتری مدیریت جنگل، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران. رایانامه: peyman.amiri67@gmail.com

۲. نویسنده مسئول، دانشیار گروه جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران. رایانامه: soosani.j@lu.ac.ir

۳. دانشیار گروه جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران. رایانامه: hm.naghavi@gmail.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی - پژوهشی	سابقه و هدف: اندازه‌گیری ارتفاع تمام درختان جنگلی عملیاتی زمان‌بر و پرهزینه است، از این رو استفاده از مدل‌های قطر و ارتفاع برای برآورد ارتفاع درختان توسعه پیدا کرده است. این پژوهش با هدف تعیین کارایی برنامه‌نویسی بیان ژن در مدل‌سازی قطر - ارتفاع گونه بلوط ایرانی (<i>Quercus brantii</i> Lindl.) و مقایسه آن با سه مدل غیرخطی برتر حاصل پژوهش پیشین در جنگل‌های دانه‌زاد زاگرس میانی انجام شد.
تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۹/۰۱	
تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۱۱/۱۹	
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۱/۱۹	
واژه‌های کلیدی: آماربرداری، بلوط ایرانی، پیش‌بینی، رگرسیون، صحت‌سنجی	مواد و روش‌ها: به‌منظور انجام این پژوهش با انجام جنگل‌گردشی‌های متعدد و شناخت جنگل‌های منطقه، توده‌ای به مساحت تقریبی ۵ هکتار با ساختار رویشی دانه‌زاد، در منطقه حفاظت‌شده سفیدکوه لرستان انتخاب شد. در این توده مشخصه‌های قطر برابرسینه و ارتفاع کل تمامی درختان بلوط ایرانی که قطر برابرسینه آن‌ها بیش‌تر از ۱۲/۵ سانتی‌متر بود مورد آماربرداری صد در صد قرار گرفت. در مجموع تعداد ۶۴۲ اصله درخت اندازه‌گیری شد. در این پژوهش، ۸۰ درصد داده‌ها برای مدل‌سازی و ۲۰ درصد به‌منظور اعتبارسنجی استفاده شد. مدل بیان ژن با ۳ ژن و ۱۰۰ کروموزوم برای بررسی ارتباط بین ارتفاع به‌عنوان متغیر وابسته و قطر به‌عنوان متغیر مستقل توسط نرم‌افزار GeneXproTools.5.0 اجرا شد. برای مدل‌های غیرخطی نیز از نرم‌افزار Curve Expert Professional استفاده شد. به‌منظور ارزیابی عملکرد مدل نهایی از معیارهای ضریب تبیین (R^2)، مجذور میانگین مربعات خطا (RMSE) و میانگین قدرمطلق خطا (MAE) استفاده شد.
	یافته‌ها: مدل استخراج‌شده از GEP بر اساس مقدار R^2 ، ۸۷ درصد از ارتفاع درختان را توجیه کرد. نتایج حاصل از مدل‌سازی قطر - ارتفاع درختان نشان داد که مدل GEP به‌دست‌آمده دارای ضریب تبیین، مجذور میانگین مربعات خطا و میانگین قدرمطلق خطا به‌ترتیب ۰/۸۷، ۱/۳

و ۰/۹۷ می‌باشد. هم‌چنین نتایج حاصل از معیارهای استفاده‌شده به‌منظور اعتبارسنجی مدل به‌دست‌آمده نشان داد که مدل GEP با میزان ضریب تبیین، جذر میانگین مربعات خطا و میانگین قدرمطلق خطا به ترتیب ۰/۸۲، ۱/۴۰ و ۱/۰۶ توانست ارتفاع درختان را پیش‌بینی کند. سه مدل برتر غیرخطی (Richards و MMf، Gompertz) نیز بر اساس مقدار R^2 توانستند در حدود ۸۶ درصد از ارتفاع درختان را پیش‌بینی نمایند.

نتیجه‌گیری: در مجموع نتایج این پژوهش نشان داد که مدل استخراج‌شده از برنامه‌نویسی بیان ژن با توجه به معیارهای ارزیابی عملکرد R^2 ، RMSE و MAE از توانایی مناسبی برای برآورد ارتفاع درختان دانه‌زاد بلوط ایرانی در ناحیه رویشی زاگرس میانی برخوردار است؛ بنابراین این مدل می‌تواند در مناطق جنگلی ناحیه رویشی زاگرس میانی که دارای ساختار و شرایط رویشگاهی مشابهی با منطقه مورد بررسی هستند مورد استفاده قرار گیرد. هم‌چنین پیشنهاد می‌شود که پژوهش‌گران در پژوهش‌های آینده، سایر الگوریتم‌ها مانند مدل‌های اثرات آمیخته، ماشین بردار پشتیبان، شبکه عصب مصنوعی، رندوم فارست و غیره را در برآورد ارتفاع درختان بلوط ایرانی به‌کار گرفته و با نتایج این مطالعه مقایسه کنند تا بتوان از اطلاعات دقیق در برنامه‌ریزی و مدیریت پایدار این منابع جنگلی استفاده کرد.

استناد: امیری، پیمان، سوسنی، جواد، نقوی، حامد (۱۴۰۳). کارایی برنامه‌نویسی بیان ژن در مدل‌سازی قطر - ارتفاع بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.). نشریه پژوهش‌های علوم و فناوری چوب و جنگل، ۳۱ (۴)، ۱۹-۱.

DOI: 10.22069/JWFST.2025.23011.2082



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

مقدمه

روابط مختلف در طبیعت و هم‌چنین برای توصیف و مطالعه تفاوت‌ها و اثرات بر توسعه اکوسیستم جنگل ضروری می‌باشند (۷). علاوه بر این، دقت چنین مدل‌هایی برای تهیه جداول حجم دقیق و برای توسعه مدل‌های پیش‌بینی رشد نیز بسیار مهم است (۸). به همین دلیل، مدیران جنگل باید از ارتباط بین قطر و ارتفاع درختان مطلع شوند تا بتوانند به‌طور دقیق ارتفاع درختان را با استفاده از قطر در ارتفاع سینه (DBH) تخمین بزنند. ارتفاع کل درخت یک عامل مهم در مدیریت جنگل است، زیرا برای تعیین بسیاری از شاخص‌های مهم مرتبط با جنگل مانند رویش حجم، زی‌توده بالایی زمین و ذخایر کربن مورد نیاز است (۹). درحالی‌که ارتفاع کل درخت را می‌توان مستقیماً با دستگاه‌های آنالوگ (Clinometer) یا لیزر اندازه‌گیری کرد، روش‌های مختلفی برای تخمین ارتفاع کل درخت وجود دارد که آن‌ها در سه دسته رایج قرار می‌گیرند: مدل‌های تجربی، فرآیندی و ترکیبی (۱۰). هم‌چنین روش‌های زیادی مانند انواع روش‌های رگرسیون خطی و غیرخطی، منطق فازی، شبکه‌های عصبی مصنوعی و غیره برای ارزیابی داده‌ها وجود دارد که به کمک آن‌ها می‌توان به ارتباط بین متغیرهای مستقل و متغیر وابسته دست یافت (۱۰). نکته دارای اهمیت در مورد مدل‌های قطر - ارتفاع این است که بین روشگاه‌ها و مناطق مختلف و حتی در یک روشگاه ثابت ولی در طی دوره‌های زمانی مختلف متفاوت هستند بنابراین لازم است که این مدل‌ها برای یک بررسی جدید به‌روز شوند (۱۱). در رابطه با مدل‌های قطر - ارتفاع درختان تاکنون بررسی‌های گسترده‌ای برای گونه‌های مختلف صورت گرفته است. در مطالعاتی که با استفاده از مدل‌های تجربی به پیش‌بینی ارتفاع درختان پرداخته‌اند، حمیدی و همکاران (۲۰۲۱)، رابطه بین قطر و ارتفاع گونه *Fagus orientalis* را در مازندران مورد بررسی قرار

برای انجام مدیریت پایدار و برنامه‌ریزی اصولی جنگل‌ها به اطلاعات کارآمد و باکیفیتی از وضعیت حال و آینده آن‌ها نیاز است. ناحیه رویشی زاگرس به‌عنوان پهناورترین عرصه جنگلی و دومین منبع سلولزی تجدیدپذیر کشور، در شرایط آب‌وهوایی خشک حاکم بر ایران، با وجود گونه‌های متنوع گیاهی و جانوری دارای اهمیت محیط زیستی زیادی است و توجه بیش‌تر پژوهش‌گران علوم زیستی را به خود معطوف ساخته است (۱، ۲) از آنجایی‌که این جنگل‌ها در تأمین آب، حفظ خاک و تعدیل آب‌وهوا نقش بسیار مهمی دارند (۳)، از این‌رو حفاظت و مدیریت پایدار بوم‌سازگان‌های جنگلی در این ناحیه رویشی به دغدغه اصلی پژوهش‌گران و مدیران تبدیل شده است (۴). در جنگل‌های زاگرس به‌طورکلی سه گونه عمده بلوط به نام‌های بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.)، دارمازو (*Q. infectoria Oliv*) و ویول (*Q. libani Oliv*) وجود دارد که گسترده‌ترین آن‌ها گونه بلوط ایرانی است. این‌گونه در همه ارتفاعات، شیب‌ها و جهت‌های جغرافیایی و حتی انواع خاک و اقلیم رشد و پراکنش دارد (۵) اما در اثر تخریب‌های بی‌رویه از فرم دانه‌زاد به فرم شاخه‌زاد تبدیل شده است و تنها در مناطق صعب‌العبور و عوارض طبیعی فرم دانه‌زاد آن باقی‌مانده است. با توجه به جایگاه ارزشمند گونه بلوط ایرانی در جنگل‌های زاگرس، اهمیت توسعه پژوهش‌های هرچه بیش‌تر در رابطه با این‌گونه امری ضروری است. به‌منظور هماهنگی با رویکردهای مدیریتی جدید برای اکوسیستم‌های جنگلی که می‌تواند مبتنی بر اهداف جنگل‌داری چندمنظوره باشد، مدیران برای ارزیابی رشد و تولید در مدیریت پایدار این منابع به روابط قطر - ارتفاع دقیق و جامع نیاز دارند (۶). مدل‌های قطر - ارتفاع درخت یکی از کاربردی‌ترین ابزارها در مدیریت جنگل هستند که برای درک بهتر

استفاده از شبکه عصب مصنوعی و مدل‌های تجربی پرداختند، نتایج پژوهش آن‌ها نشان داد که با توجه به شاخص‌های صحت‌سنجی به‌دست‌آمده مدل‌های شبکه عصب مصنوعی از دقت بالاتری در پیش‌بینی ارتفاع درختان در مقایسه با مدل‌های تجربی برخوردارند (۱۰). ارکانلی (۲۰۲۰)، در پژوهشی به بررسی کارایی شبکه عصب مصنوعی در پیش‌بینی روابط قطر - ارتفاع برای گونه *Pinus nigera* در توده‌های جنگلی خالص و همسال آناتولی ترکیه پرداخت، نتایج پژوهش وی نشان از کارایی مدل‌های شبکه عصب مصنوعی در پیش‌بینی ارتفاع این درختان بر مبنای قطر برابر سینه بود (۱۸). یکی از روش‌های جدیدی که تاکنون در زمینه برآورد متغیرهای کمی درختان مورد استفاده قرار نگرفته است روش برنامه‌ریزی بیان ژن است، روش برنامه‌ریزی بیان ژن شاخه‌ای از الگوریتم‌های تکاملی است که توانایی مدل‌سازی فرآیندهای غیرخطی و پویا را دارد (۱۹). مبنای این روش بر اساس نظریه تکامل داروین استوار است. مزیت برنامه‌ریزی بیان ژن نسبت به مدل‌های دیگر از جمله شبکه عصبی مصنوعی این است که در برنامه‌ریزی بیان ژن، ابتدا ساختار (متغیرهای ورودی، هدف و مجموع توابع) تعریف شده و سپس ساختار بهینه مدل و ضرایب طی فرآیند آموزش تعیین می‌شوند، در حالی که در شبکه‌های عصبی، ابتدا باید ساختار تعیین شده و ضرایب مدل طی فرآیند آموزش به دست می‌آیند (۲۰). با توجه به اهمیت مدل‌سازی متغیرهای زیستی درختان در توده‌های جنگلی، برای دستیابی به نتایج مطلوب، نیازمند روشی هستیم که با سازوکار ساده، دقت مناسبی را ارائه نماید. از آن‌جاکه قابلیت‌ها و انعطاف روش برنامه‌ریزی بیان ژن در مطالعات مختلفی مورد تأیید قرار گرفته است، هم‌چنین نظر به این‌که توده‌های معدودی از گونه بلوط ایرانی به فرم رویشی دانه‌زاد (تک‌پایه) باقی‌مانده است که

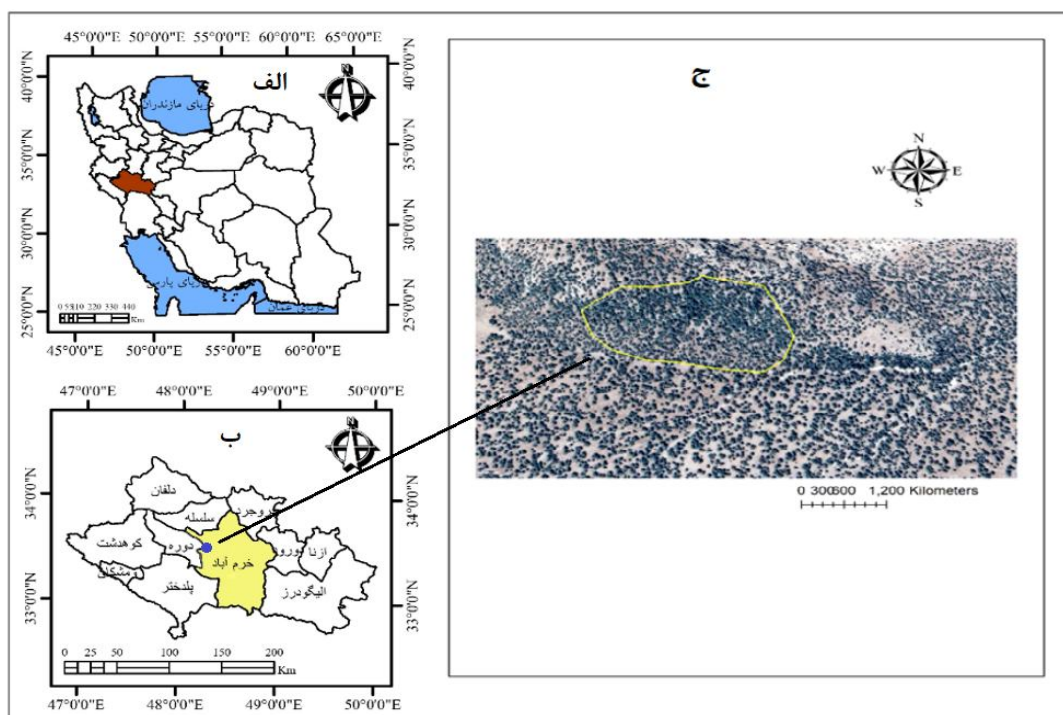
دادند و مدل‌های کورف، راتکوفسکی، نسلند و وایبول را مناسب‌تر تشخیص دادند (۱۲). احمدی و همکاران (۲۰۱۳)، در پژوهشی به بررسی مدل‌های غیرخطی قطر - ارتفاع برای گونه راش شرقی در جنگل‌های هیرکانی پرداختند، نتایج پژوهش آن‌ها نشان داد که مدل چمپن - ریچاردز دقت بالاتری در پیش‌بینی ارتفاع درختان دارد (۱۳). عالمی و همکاران (۲۰۲۱)، در بررسی به ارزیابی مدل‌های غیرخطی مختلف قطر - ارتفاع ممرز در توده‌های جنگلی ناهمسال شمال ایران پرداختند، نتایج حاصل از معیارهای ارزیابی عملکرد ضریب تبیین و نیز درصد مجذور میانگین مربعات خطا نشان داد که مدل‌های پیل رید، پرودان، لجستیک تعدیل‌شده، مرگان و سیگموئید از بالاترین دقت در برآورد ارتفاع درختان برخوردار هستند (۱۴). بولت و همکاران (۲۰۲۰)، در پژوهشی به بررسی مدل‌های قطر - ارتفاع برای گونه *Quercus frainetto* در ترکیه پرداختند، نتایج پژوهش آن‌ها نشان داد که مدل لجستیک نسبت به سایر مدل‌ها از دقت بالاتری برخوردار است (۱۵). وانگ و لام (۲۰۲۱)، مدل‌های قطر - ارتفاع را بر روی گونه‌های *Pistacia chinensis*، *Acacia confusa* و *Fraxinus griffithii* در تایوان مورد پژوهش قرار دادند، نتایج پژوهش آن‌ها نشان داد که مدل ویکوف مدل مناسب‌تری می‌باشد (۱۶). تبسوم و همکاران (۲۰۲۳)، در مطالعه‌ای به بررسی روابط قطر - ارتفاع درختان کاج هیمالیا (*Pinus rouxburghii*) در منطقه جامو کشور هندوستان پرداختند، نتایج این پژوهش نشان داد که مدل هوهانگ (MG) بهتر توانست ارتفاع درختان کاج هیمالیا را پیش‌بینی کند (۱۷). هم‌چنین در دیگر مطالعاتی که بر مبنای روش‌های فراکوشی صورت گرفته است، بیات و همکاران (۲۰۲۰)، در بررسی به برآورد ارتفاع درختان در جنگل‌های آمیخته و ناهمسال شمال ایران با

۶۰ کیلومتر است. متوسط بارندگی و دمای متوسط سالیانه ۶۰۰ میلی‌متر و ۱۱ درجه سانتی‌گراد، منطقه را دارای اقلیم مدیترانه‌ای معتدل نموده است. سفیدکوه به‌علت شرایط خاص توپوگرافی و وجود رودخانه‌های پر آبی مانند کریه و کشکان یکی از مهم‌ترین زیستگاه‌های جانوری در غرب کشور به‌حساب می‌آید به‌طوری‌که ۲۷۲ گونه گیاهی و ۱۳۸ گونه جانوری در آن شناسایی شده است. پوشش درختی غالب این منطقه مانند سایر مناطق زاگرس از بلوط تشکیل شده است اما به گیاهان و درختان دیگری مانند بنه، گیلانس وحشی، خینجوک، زالزالک، بادام کوهی، گون و غیره می‌توان در آن اشاره کرد (۲۱). شکل ۱ موقعیت منطقه مورد بررسی را نشان می‌دهد.

استخراج اطلاعات کمی و روابط آلومتریک در این توده‌ها دارای اهمیت می‌باشد، بنابراین این پژوهش با هدف تعیین کارایی GEP در برآورد ارتفاع درختان بلوط ایرانی و مقایسه آن با سه مدل غیرخطی برتر حاصل پژوهش سال ۱۴۰۳ بر روی داده‌های قطر - ارتفاع درختان همین ناحیه رویشی انجام شد.

مواد و روش‌ها

منطقه مورد بررسی: این پژوهش در منطقه حفاظت‌شده سفیدکوه لرستان که بین طول‌های جغرافیایی ۴۳° ۴۷' تا ۴۸° ۱۸' شرقی و عرض‌های جغرافیایی ۳۰° ۳۳' تا ۳۳° ۴۸' شمالی واقع شده است انجام شد. منطقه حفاظت‌شده سفیدکوه به وسعت ۶۹۵۰۰ هکتار بین دامنه ارتفاعی ۳۱۷۰-۱۰۸۰ متر از سطح دریا قرارگرفته است و طول تقریبی آن



شکل ۱- نقشه مکانی منطقه مورد مطالعه، الف (کشور)، ب (استان)، ج (نمای گوگل ارث توده مورد بررسی).

Figure 1. Location map of the study area, A (Country), B (Province), C (Google Earth view of the studied stand).

روش تحقیق: به منظور انجام این پژوهش با انجام جنگل‌گردشی‌های متعدد و شناخت جنگل‌های منطقه، توده‌ای به مساحت تقریبی ۵ هکتار که دارای ساختار رویشی دانه‌زاد بود انتخاب شد. در توده جنگلی انتخاب‌شده، مشخصه‌های قطر برابرسینه و ارتفاع کل تمامی درختان بلوط ایرانی که قطر برابرسینه آن‌ها بیش‌تر از ۱۲/۵ سانتی‌متر بود مورد آماربرداری صد در صد قرار گرفت. در مجموع قطر برابرسینه و ارتفاع کل تعداد ۶۴۲ اصله درخت بلوط ایرانی اندازه‌گیری شد. به منظور اندازه‌گیری قطر برابرسینه از خط‌کش دوبازو و برای اندازه‌گیری ارتفاع درختان از دستگاه ارتفاع‌یاب لیزری TruPulse 360 استفاده شد.

تحلیل‌های آماری: در پژوهش پیش‌رو تجزیه و تحلیل کمی داده‌های قطر و ارتفاع از طریق نرم‌افزار SPSS26 صورت گرفت، برای تشخیص داده‌های پرت از رسم نمودار جعبه‌ای و پراکنش باقی‌مانده‌ها در برابر مقادیر مشاهده‌شده استفاده شد. همچنین در این بررسی ۸۰ درصد داده‌ها در فرآیند آموزش و ۲۰ درصد نیز برای آزمون به‌کار رفتند.

برنامه‌ریزی بیان ژن: در طول سالیان گذشته نرم‌افزارهای محاسباتی فنی مانند شبکه‌های عصبی مصنوعی (ANN)، ماشین بردار پشتیبان (SVM)، برنامه‌ریزی ژنتیکی (GP) و غیره با موفقیت در مهندسی جنگل استفاده شده است. برنامه‌ریزی بیان ژن یکی از شاخه‌های الگوریتم‌های تکاملی و توسعه‌یافته الگوریتم ژنتیک و برنامه‌ریزی ژنتیک به‌شمار می‌رود که توسط فریرا ابداع شد. GEP یک سیستم با ساختار کد شده است که همانند الگوریتم

ژنتیک، دارای کروموزوم‌های خطی با طول ثابت بوده و همانند برنامه‌ریزی ژنتیک، دارای ساختار درختی با اندازه و شکل‌های متفاوت است که در GEP، این ساختارهای درختی تحت عنوان بیان درختی (ET) شناخته می‌شوند. الگوریتم GEP به‌عنوان یکی از روش‌های قدرتمند برای مدل‌سازی‌های غیرخطی و پیچیده به‌شمار می‌رود. فریرا محدودیت‌های موجود در الگوریتم ژنتیک و برنامه‌ریزی ژنتیک از جمله مشکل‌های مربوط به اعمال عملگرهای ژنتیکی بر روی ساختارهای درختی، گسترش و پیچیدگی بیش‌ازحد کدها و ایجاد ساختارهای غیرموجه را برطرف کرد و الگوریتم کامل‌تری تحت عنوان برنامه‌ریزی بیان ژن ارائه داد (۲۲). در GEP، ژنوم یا کروموزوم شامل یک رشته خطی کد شده با طول ثابت است که می‌تواند ترکیبی از یک یا چند ژن باشد. برخلاف طول ثابت آنها، بیان درختی کروموزوم‌ها در GEP دارای اندازه و شکل‌های مختلفی است. در GEP، کروموزوم تحت زبان کاروا بیان می‌شود (زبان کاروا توسط فریرا به‌منظور خواندن و بیان کردن برنامه کد شده داخل کروموزوم‌ها ابداع شد) (۱۹). در الگوریتم GEP، ژن‌ها از دو جز سر و دنباله تشکیل شده‌اند. بخش سر می‌تواند متشکل از توابع و ترمینال‌ها باشد؛ درحالی‌که دنباله فقط می‌تواند شامل ترمینال‌ها باشد. برای هر مسئله، اندازه طول سر (h) پارامتری است که توسط طراح GEP تعیین می‌شود، درحالی‌که طول دنباله (T) تابعی از h و حداکثر تعداد آرگومان (n_{max}) توابع است که از معادله زیر محاسبه می‌شود.

$$T = h \cdot (n_{max} - 1) + 1$$

تشکیل یک زیر درخت می‌شود و زیر درخت‌ها در تعامل باهم تشکیل یک ET بزرگ‌تر و پیچیده‌تر را می‌دهند برای تشکیل ساختار پیچیده، زیر درخت‌ها توسط تابعی تحت عنوان تابع اتصال به یکدیگر پیوند

کروموزوم‌ها در GEP، اغلب ترکیبی از چند ژن هستند. برای هر مسئله، تعداد ژن‌ها همانند طول سر، به‌صورت مقایسه‌ای و در طی یک فرآیند آزمون و خطا به‌دست می‌آید. کدهای مربوط به هر ژن منجر به

همواره همان مقادیر استفاده شده در اکثر مطالعات است (۱۹). مرحله پنجم شامل تابع اتصال ژن‌ها می‌باشد که در این مسأله از تابع جمع استفاده شده است و مرحله ششم یا آخر شامل انتخاب اپراتورهای ژنتیکی است. پارامترهای بهینه GEP مورد استفاده در هر اجرا در جدول ۱ آورده شده است. در این پژوهش نرم‌افزار GeneXproTools.5.0 جهت اجرای الگوریتم بیان ژن استفاده شد.

مدل‌های غیرخطی: برای بررسی دقیق‌تر کارایی مدل GEP، از سه مدل غیرخطی برتر حاصل پژوهش پیشین بر روی داده‌های قطر - ارتفاع درختان در منطقه مورد مطالعه استفاده شد (۲۳). به‌منظور برازش داده‌ها و برآورد پارامترهای هر یک از مدل‌های غیرخطی منتخب از نرم‌افزار Curve Expert Professional، استفاده شد (Hyams, 2010). نام و نوع معادله این سه مدل منتخب در جدول ۲ آورده شده است.

اعتبارسنجی و صحت‌سنجی مدل: در پژوهش پیش‌رو برای صحت‌سنجی مدل به‌دست‌آمده، مجذور میانگین مربعات خطا (RMSE)، میانگین قدرمطلق خطا (MAE) و نیز ضریب تبیین (R^2) به‌عنوان شاخص‌های اعتبارسنجی محاسبه شد (رابطه‌های ۲ تا ۴).

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}^i)^2}{n}} \quad (2)$$

$$MAE = 1/n \sum |y_i - \hat{y}^i| \quad (3)$$

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}^i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2} \quad (4)$$

کارایی بالاتری برخوردار خواهد بود، هم‌چنین مقدار R^2 بین صفر تا یک است که هرچه به یک نزدیک‌تر باشد برازش مدل بهتر است (۲۴).

می‌خورند. توابع اتصال مختلفی برای این منظور تعریف شده است که از جمله مهم‌ترین آنها می‌توان به توابع جمع، تفریق، ضرب و تقسیم اشاره کرد. علاوه‌بر این توابع، می‌توان توابعی دیگر را معرفی کرد. فریرا دو تابع اتصال ضرب و جمع را برای مسائل مختلف پیشنهاد داده است.

روند الگوریتم بیان ژن: الگوریتم GEP با انتخاب تابع تناسب، مجموع توابع مورد استفاده، پارامترهای کنترلی، مجموعه متغیرهای ورودی و خروجی، تابع اتصال و اپراتورهای ژنتیکی شروع می‌شود. روش کار برای پیش‌بینی ارتفاع درختان در مدل GEP به این صورت می‌باشد: مرحله اول معرفی متغیرهای ورودی و خروجی است که در این مطالعه قطر در ارتفاع برابر سینه درختان به‌عنوان متغیر ورودی و ارتفاع کل درختان به‌عنوان متغیر خروجی در نظر گرفته شده است. مرحله دوم تنظیم توابع مورد استفاده است که برای این مسأله توابع ریاضی مورد استفاده در جدول ۱ آورده شده است. مرحله سوم انتخاب تابع تناسب است که در این مسأله از دو تابع مجذور میانگین مربعات خطا (RMSE) و میانگین قدرمطلق خطا (MAE) استفاده شد. مرحله چهارم انتخاب اپراتورهای کنترلی می‌باشد. طول سر کروموزوم برابر با هشت و تعداد ژن برابر با سه انتخاب شد که

در این رابطه‌ها، n تعداد نمونه‌ها، y_i مقدار مشاهده‌شده، \hat{y}^i مقدار پیش‌بینی‌شده و \bar{y} میانگین مشاهده شده است. در این رابطه‌ها هرچقدر میزان RMSE و MAE به عدد یک نزدیک‌تر باشد مدل از

جدول ۱- پارامترهای استفاده شده در GEP.

Table 1. Parameters used in GEP.

مقدار Amount	پارامتر Parameter
8	اندازه سر Head size
100	تعداد کروموزوم‌ها Number of chromosomes
3	تعداد ژن‌ها در هر کروموزوم The number of genes per chromosome
0.05	نرخ جهش Mutation rate
0.05	نرخ وارون سازی Inversion rate
0.3	بازترکیب تک نقطه‌ای One-point recombination
0.3	بازترکیب دو نقطه‌ای Two-point recombination
0.2	ترکیب ژن Gene recombination
0.1	نرخ ترانپورت درجه متوالی IS Transportation rate
0.1	نرخ ترانپورت ریشه درجه متوالی RIS Transportation rate
0.1	نرخ ترانپورت ژن Gen Transportation rate
+	تابع پیوند Link function
Not (1-x) Inv ,EXP / ,* , - , +	مجموع توابع Sum of functions
2000	تعداد جمعیت یا نسل Number of Generation

جدول ۲- مدل‌های غیرخطی مورد استفاده.

Table 2. Non-linear models used.

شماره N0	مدل Model	معادله Equation
1	Gompertz	$y = ae^{-e^{b-cx}}$
2	MMF	$y = \frac{ab + cx^d}{b + x^d}$
3	Richards	$y = \frac{a}{(1 + e^{b-cx})^{1/d}}$

نتایج

بر اساس بررسی آماره‌های توصیفی درختان دانه‌زاد بلوط ایرانی میانگین، کمینه و بیشینه قطر برابر سینه به ترتیب ۴/۴، ۵/۱۲ و ۱۵۰ سانتی‌متر و ارتفاع به ترتیب ۳/۶، ۱/۲ و ۱۷ متر بود. بررسی آماره‌های توصیفی قطر برابر سینه و ارتفاع درختان نشان داد که

دامنه تغییرات این مشخصه‌ها زیاد بود که این امر نشان‌دهنده کل دامنه مشخصه‌های کمی ساختار توده جنگلی مورد پژوهش است. همچنین این نتایج نشان داد که بین آماره‌های توصیفی کل داده‌ها و داده‌های آموزش و آزمون تفاوت زیادی وجود نداشت (جدول ۳).

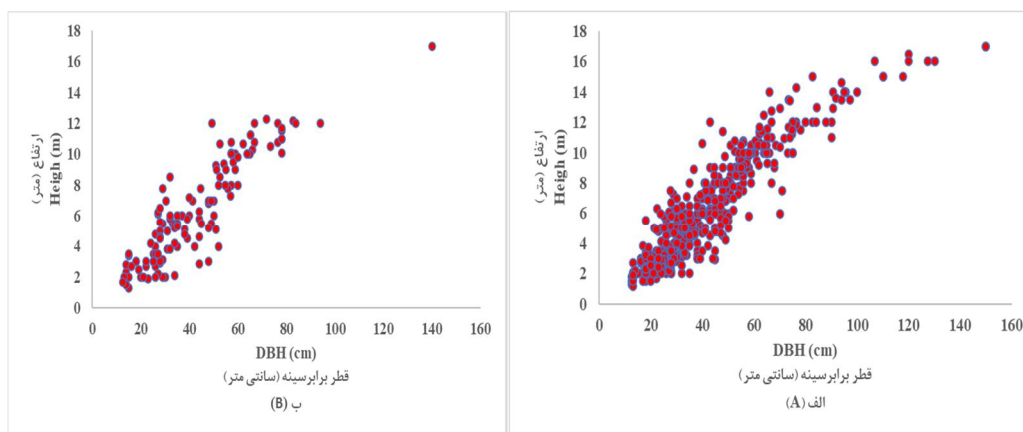
جدول ۳- آماره‌های توصیفی مشخصه‌های قطر برابر سینه و ارتفاع درختان.

Table 3. Descriptive statistics of characteristics of DBH and height of trees.

ارتفاع (متر) Height (m)			قطر برابر سینه (سانتی‌متر) DBH (cm)			آماره‌های توصیفی Descriptive statistics
ارزیابی Evaluation	مدل Model	کل Total	ارزیابی Evaluation	مدل Model	کل Total	
6.41	6.28	6.3	43.16	42.26	42.44	میانگین Average
1.3	1.2	1.2	12.5	12.5	12.5	کمینه Minimum
17	17	17	140	150	150	بیشینه Maximum
5.8	5.7	5.8	39	38	38	میانه Median
10.98	12.07	11.84	427	468.98	460	واریانس Variance
3.31	3.47	3.44	20.66	21.65	21.45	انحراف معیار Standard deviation
129	513	642	129	513	642	تعداد درخت Trees number

را می‌توان در شکل‌های ۲- الف و ۲- ب مشاهده کرد.

ابر نقاط ارتفاع درختان دانه‌زاد بلوط ایرانی در برابر قطر برابر سینه را برای داده‌های آموزش و آزمون



شکل ۲- ابر نقاط ارتفاع درختان در برابر قطر برابر سینه برای داده‌های آموزش (الف) و آزمون (ب).
Figure 2. Hyperpoints of tree height against DBH for training data (A) and test (B).

ژن حاصله را نشان می‌دهد. در این رابطه‌ها d_0 پارامتر مربوط به قطر برابر سینه درختان و c ضرایب ثابت مربوط به مدل هستند.

مدل **GEP**: مدل به‌دست‌آمده برای برآورد ارتفاع درختان دارای یک کروموزوم ۳ ژنه به‌اندازه سر ۸ است، رابطه‌های ۵ تا ۷ رابطه ریاضی **GEP** برای سه

$$SUB-ET1 = (d_0 * \left(\frac{1}{((\exp G1C9 * (d_0 + d_0)) - G1C0)} \right)) \quad (5)$$

$$SUB - ET2 = (d_0 * \left(\frac{1}{((\exp G2C2 * (d_0 + d_0)) - G2C6)} \right)) \quad (6)$$

$$SUB - ET3 = \left(\frac{d_0}{(1 - G3C9) - \exp\left(\left(\frac{d_0 - G3C0}{G3C0}\right)\right)} \right) \quad (7)$$

رابطه‌های ۵ تا ۷، فرمول نهایی به‌صورت رابطه ۸ محاسبه شد. هم‌چنین مقادیر مربوط به ضرایب ثابت مدل در جدول ۴ آورده شده است.

از آنجایی که تابع پیوند جمع است، برای به دست آوردن فرمول نهایی جهت برآورد ارتفاع درختان باید ژن‌ها با یکدیگر جمع شوند، بنابراین با توجه به

$$H = SUB-ET1 + SUB-ET2 + SUB-ET3 \quad (8)$$

$$H = \left\{ (d_0 * \left(\frac{1}{((\exp G1C9 * (d_0 + d_0)) - G1C0)} \right)) \right\} + \left\{ (d_0 * \left(\frac{1}{((\exp G2C2 * (d_0 + d_0)) - G2C6)} \right)) \right\} + \left\{ \left(\frac{d_0}{(1 - G3C9) - \exp\left(\left(\frac{d_0 - G3C0}{G3C0}\right)\right)} \right) \right\}$$

جدول ۴- مقادیر مربوط به ضرایب ثابت در روش برنامه‌نویسی بیان ژن.

Table 4. Values related to constant coefficients in gene expression programming method.

G3C0	G3C9	G2C2	G2C6	G1C9	G1C0	ضرایب ثابت Constant coefficients
11.9	8.6	-4.3	-7.1	-2.2	-4.3	مقدار Amount

مربوطه می‌باشد (جدول ۵). هم‌چنین نتایج حاصل از معیارهای استفاده شده به‌منظور اعتبارسنجی مدل به‌دست‌آمده نشان داد که مدل استخراج‌شده با میزان ضریب تبیین (R^2)، مجذور میانگین مربعات خطا (RMSE) و میانگین قدرمطلق خطا (MAE) به‌ترتیب ۰/۸۲، ۱/۴۰ و ۱/۰۶ توانست ارتفاع درختان را پیش‌بینی کند (جدول ۵).

مدل استخراج‌شده از **GEP** بر اساس مقدار R^2 ، ۸۷ درصد از ارتفاع درختان را توجیه کرد (جدول ۵). نتایج حاصل از مدل‌سازی قطر - ارتفاع درختان نشان داد که مدل نهایی به‌دست‌آمده دارای ضریب تبیین (R^2)، مجذور میانگین مربعات خطا (RMSE) و میانگین قدرمطلق خطا (MAE) به ترتیب ۱/۳، ۰/۸۷ و ۰/۹۷ می‌باشد که نشان‌دهنده دقت قابل‌قبول مدل

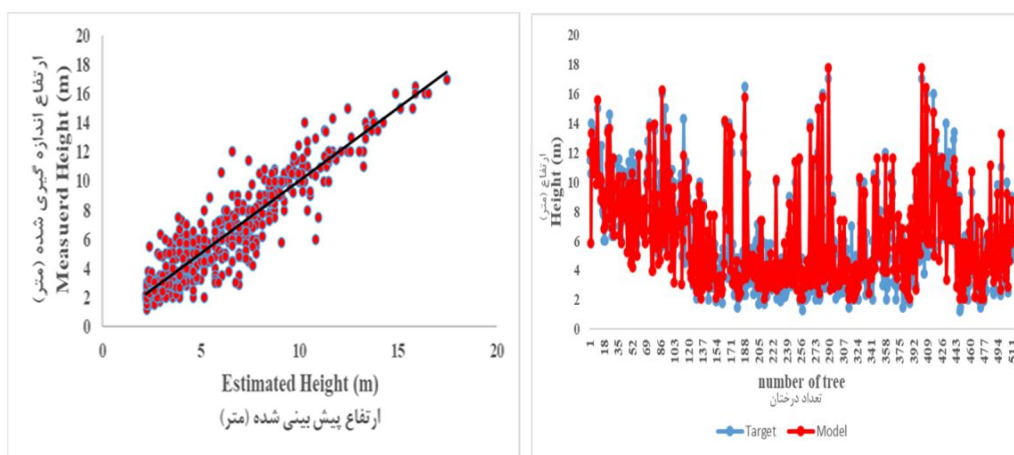
جدول ۵- نتایج اجرای مدل برنامه‌ریزی بیان ژن.

Table 5. The results of the implementation of the gene expression programming model.

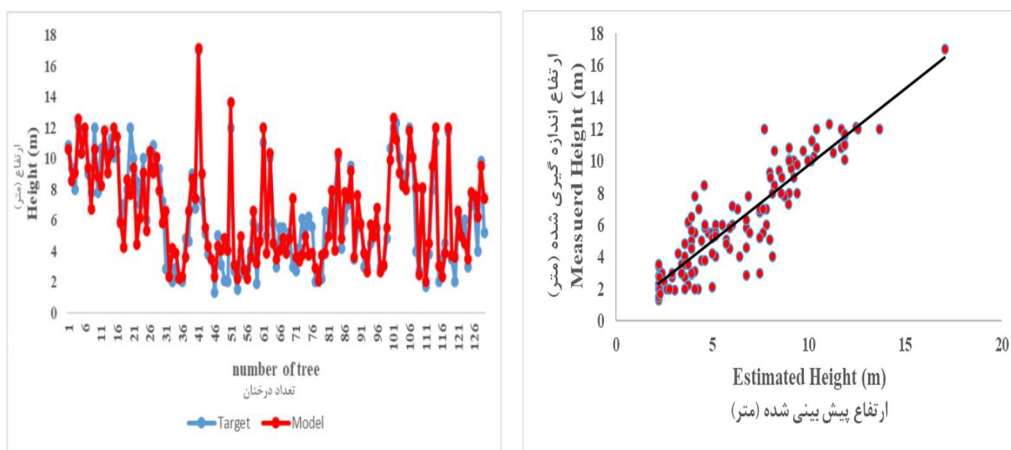
MAE	RMSE	R ²	مرحله برازش Fitting stage
0.97	1.3	0.87	مدل‌سازی Modeling
1.06	1.40	0.82	صحت‌سنجی Validation

نشان می‌دهد. از مشاهده این تصاویر می‌توان دریافت که مدل به‌دست‌آمده از دقت قابل‌قبولی در پیش‌بینی ارتفاع درختان برخوردار است.

شکل ۳ مقایسه مقادیر ارتفاع شبیه‌سازی‌شده با ارتفاع اندازه‌گیری‌شده و نمودارهای پراکندگی برای مدل استخراج‌شده در دو حالت آموزش و آزمون را



(الف) (A)



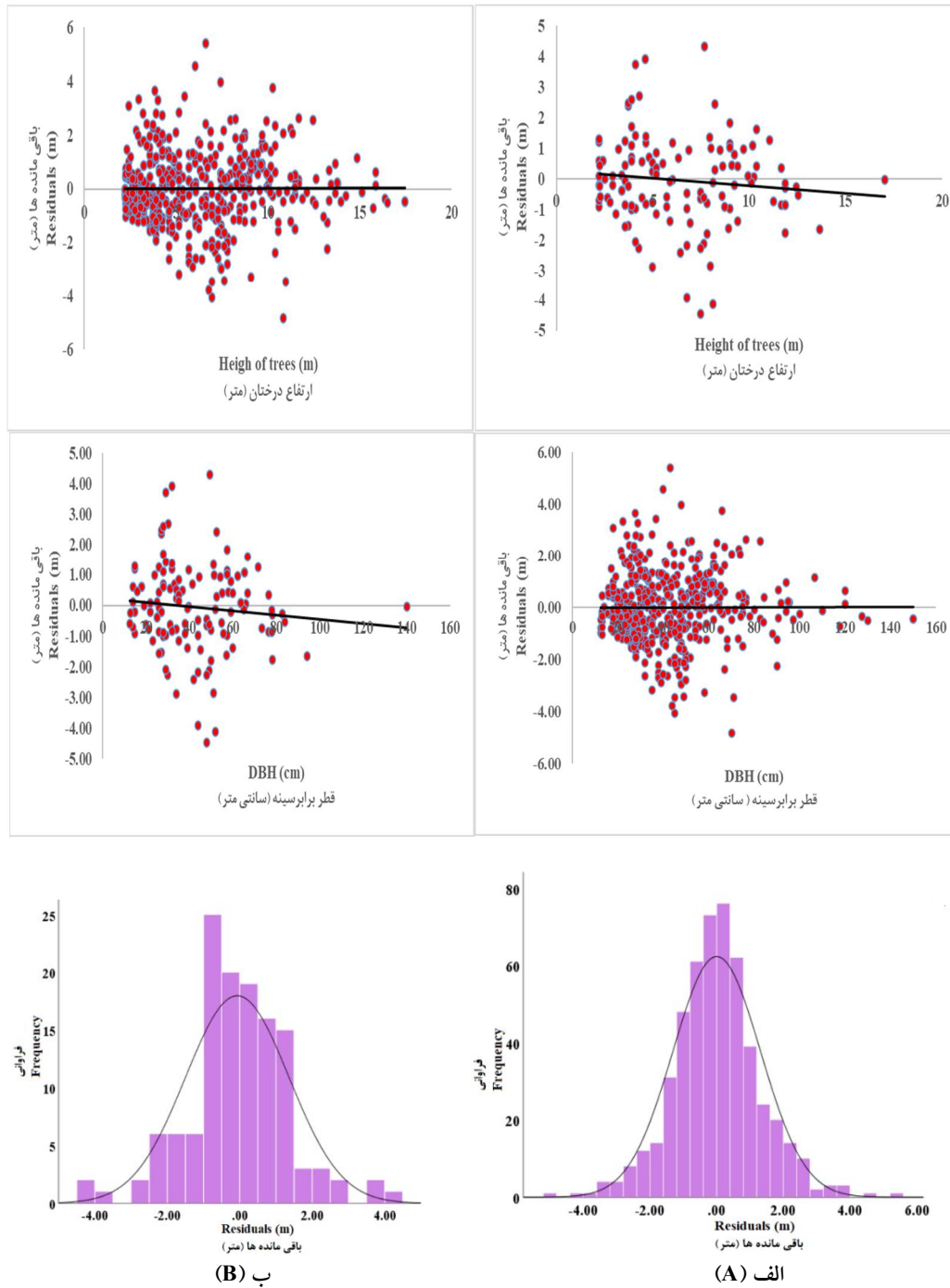
(ب) (B)

شکل ۳- نمودار ارتفاع‌های شبیه‌سازی‌شده و اندازه‌گیری‌شده به همراه نمودار پراکندگی برای مدل استخراج‌شده در دو حالت آموزش (الف) و آزمون (ب).

Figure 3. The diagram of simulated and measured heights along with the scatter diagram for the extracted model in two modes of training (a) and test (b).

صفر، یکنواخت و دارای ثبات واریانس و هیستوگرام باقی‌مانده‌ها نیز تقریباً فاقد چولگی است که نشان از تناسب مدل به‌دست‌آمده دارد (شکل ۴).

تحلیل باقی‌مانده‌های مدل GEP در دو حالت آموزش (شکل ۴، الف) و آزمون (شکل ۴، ب) نشان داد که میانگین باقی‌مانده‌ها به‌طور تقریبی صفر است. همچنین پراکنش باقی‌مانده‌ها در دو طرف محور



شکل ۴- منحنی و هیستوگرام باقی‌مانده مدل استخراج‌شده در دو حالت آموزش (الف) و آزمون (ب).

Figure 4. The residual curve and histogram of the model extracted in two modes of training (a) and test (b).

مدل‌های غیرخطی: تعداد ضرایب ثابت رگرسیونی سه مدل غیرخطی منتخب بین ۳ تا ۴ عدد است. در جدول ۶ ارقام ضرایب مربوط به هر مدل، نشان داده شده است.

جدول ۶- ضرایب ثابت رگرسیونی مدل‌های غیرخطی.

Table 6. Regression constant coefficients of nonlinear models.

ضرایب Gompertz				مدل Model
d	c	b	a	
-	0.03	1.16	17.96	Gompertz
2.28	19.34	14164.86	1.74	MMF
0.31	0.03	0.37	17.09	Richards

نمودارهای مربوط به سه مدل غیرخطی (منحنی قطر - ارتفاع، نمودار پراکندگی و تحلیل باقی‌مانده‌ها) در پژوهش امیری و همکاران (۱۴۰۳) قابل مشاهده می‌باشد (۲۳).

نتایج شاخص‌های اعتبارسنجی سه مدل غیرخطی برای داده‌های آموزش و آزمون (جدول ۷) نشان می‌دهد که هر سه مدل دارای دقت خوبی بوده و نتایج کاملاً یکسانی دارند و از توانایی مناسبی در برآورد مشخصه ارتفاع درختان بلوط برخوردار هستند.

جدول ۷- نتایج حاصل از اجرای مدل‌های غیرخطی.

Table 7. The results of the implementation of non-linear models.

آزمون			آموزش			مدل‌های غیرخطی
MAE	RMSE	R ²	MAE	RMSE	R ²	
1.07	1.42	0.79	0.98	1.4	0.86	Gompertz
1.07	1.42	0.79	0.98	1.4	0.86	MMF
1.07	1.42	0.79	0.98	1.4	0.86	Richards

۱۲/۵ تا ۱۵۰ سانتی‌متر و ارتفاع ۱/۲ تا ۱۷ متر انتخاب شده‌اند که این مسأله بیانگر ناهمگن بودن توده جنگلی در منطقه مورد پژوهش است. هم‌چنین وجود درختان با قطر و ارتفاع پایین که می‌تواند تضمین‌کننده آینده و دوام جنگل باشند و نیز پایه‌های قطور و بلندی که می‌توانند نقش پایه‌های مادری را ایفا کنند، از نظر جنگل‌شناسی در جهت رسیدن جنگل به یک وضعیت ایده‌آل از اهمیت بالایی برخوردار است. الگوریتم GEP به‌عنوان یکی از روش‌های منعطف

بحث

مهم‌ترین هدف آماربرداری در جنگل، مهیاکردن اطلاعات دقیق و به‌هنگام جهت برنامه‌ریزی، مدیریت منابع جنگلی، توسعه سیاست‌ها و برنامه‌های حفاظتی می‌باشد که این تصمیم‌گیری‌ها به اطلاعات دقیق از کل منطقه نیاز دارد. بررسی نتایج حاصل از آماره‌های توصیفی قطر و ارتفاع درختان نشان داد که واریانس و دامنه تغییرات زیادی دارند که نشان‌دهنده این مطلب است که این داده‌ها از یک دامنه وسیع قطر برابر سینه

مشاهده می‌شود که این میزان از دقت مناسبی برخوردار است. مجذور میانگین مربعات خطای به‌دست‌آمده در پژوهش پیش‌رو (حدود ۱/۴ متر) با بررسی‌های گونزالز و همکاران (۲۰۰۷)، آدم و همکاران (۲۰۰۸)، شارما و همکاران (۲۰۱۶) و بولت و همکاران (۲۰۲۲) اختلاف چندانی نداشت (۳۰، ۲۹، ۲۵، ۱۳). در مورد تفاوت نتایج جذر میانگین مربعات خطا و ضریب تبیین حاصل از این پژوهش با برخی پژوهش‌ها می‌توان به عوامل مختلفی مثل نوع روش و الگوریتم استفاده شده، ناهمگن بودن منطقه از نظر پراکنش، نوع جنگل (سوزنی‌برگ، پهن‌برگ و مخلوط سوزنی‌برگ و پهن‌برگ)، زیاد بودن دامنه تغییر در مقدار ارتفاع و غیره اشاره کرد (۳۱). اکثر پژوهش‌هایی که در زمینه مدل‌سازی‌های قطر - ارتفاع درختان انجام گرفته است مربوط به درختانی هست که شکل و فرم استوانه‌مانند دارند و اصطلاحاً سیلندریک هستند مانند گونه‌های راش، ممرز، کاج و؛ که بین قطر و ارتفاع این درختان معمولاً تناسب خوبی وجود دارد که باعث می‌شود مدل‌ها اکثراً دارای دقت کافی باشند؛ اما در پژوهش حاضر گونه مورد بررسی گونه بلوط ایرانی است که این‌گونه معمولاً از فرم سیلندریک خارج شده و تنه درختان حالت انحنای (نلوئید ناقص) دارد و برآمدگی‌های گورچه‌مانند تا محل قطر برابر سینه نیز ادامه پیدا کرده است که همین امر باعث می‌شود از تناسب بین قطر و ارتفاع درختان کاسته شود؛ بنابراین انتظار می‌رود که ارتفاع درختان با دقت چندانی بالایی برآورد نشود، حال آن‌که با توجه به معیارهای ارزیابی، مدل GEP به‌دست‌آمده از دقت مناسب و قابل‌قبولی برخوردار بود که خود این امر نشان‌دهنده توان بالای برنامه‌نویسی بیان ژن در برآورد ارتفاع درختانی است که فرم تنه آن‌ها چندانی سیلندریک و استوانه‌مانند نیست. برنامه‌نویسی بیان ژن با وجود این‌که تاکنون در

برای مدل‌سازی‌های غیرخطی و پیچیده به شمار می‌رود که در این پژوهش برای پیش‌بینی ارتفاع درختان بلوط ایرانی، با سه مدل غیرخطی برتری که در نتیجه مطالعه قبلی که بر روی درختان همین ناحیه رویشی صورت گرفته بود، مقایسه شده است. این مقایسه به‌وسیله شاخص‌های اعتبارسنجی، مدل‌های ترسیمی و نوع خروجی انجام شد. نتایج حاصل از مدل‌سازی GEP نشان داد که مدل استخراج‌شده با توجه به معیارهای R^2 ، RMSE و MAE که برای مراحل آموزش و آزمون حاصل شد و مقایسه آن با سه مدل غیرخطی (Richard و MMF، Gompertz) برتر حاصل از پژوهش پیشین، از دقت و کارایی قابل‌قبولی برخوردار است. با این‌وجود اختلاف چشم‌گیری بین مدل GEP با مدل‌های MMF، Gompertz و Richard وجود ندارد. بر اساس ضریب تبیین مدل حاصل از GEP، این مدل توانست ۰/۸۷ درصد از تغییرات ارتفاع درختان را پیش‌بینی نماید. در مطالعات پیشین که به برآورد ارتفاع درختان جنگلی با استفاده از مدل‌های رگرسیونی غیرخطی پرداخته بودند، گونزالز و همکاران (۲۰۰۷)، احمدی و علوی (۲۰۱۶)، بیات و همکاران (۲۰۲۰)، دی و همکاران (۲۰۲۱) و بولت و همکاران (۲۰۲۲) میزان ضریب تبیین را به ترتیب ۰/۸۲، ۰/۷۸، ۰/۶۸، ۰/۶۲ و ۰/۸ به‌دست آوردند (۲۷، ۲۶، ۲۵، ۱۸، ۱۰). هم‌چنین در مطالعاتی که بر اساس شبکه عصب مصنوعی انجام گرفته بود، بیات و همکاران (۲۰۲۰) میزان ضریب تبیین را ۰/۷۸ و توآن و همکاران (۲۰۱۹)، ۰/۷۷ به‌دست آوردند (۲۸، ۱۰). از طرف دیگر ضریب تبیین سه مدل غیرخطی (Richard و MMF، Gompertz) برتر نیز در حدود ۰/۸۶ به دست آمد؛ بنابراین با توجه به ضریب تبیین به‌دست‌آمده از مدل GEP و مقایسه آن با مطالعات قبلی و مدل‌های غیرخطی برتر برای درختان بلوط ایرانی در همین منطقه مورد پژوهش،

کاربرد و نه‌چندان پیچیده بود، از توابع نسبتاً ساده استفاده شد و تابع اتصال نیز جمع در نظر گرفته شد. در نهایت مدل نهایی به‌دست‌آمده علی‌رغم این‌که پیچیدگی زیادی ندارد، درعین‌حال دقت قابل‌قبولی ارائه می‌کند. یکی دیگر از قابلیت‌های برنامه‌نویسی بیان ژن، امکان استفاده از متغیرهای مستقل متعدد است که منجر به افزایش درجه اطمینان مدل خواهد شد، بنابراین چنان‌چه پژوهش‌گران در علوم مربوط به جنگل بخواهند از تعداد بیش از یک متغیر مستقل برای پیش‌بینی ارتفاع درختان استفاده کنند، این الگوریتم دارای توانایی لازم در این زمینه نیز می‌باشد.

نتیجه‌گیری

در مجموع نتایج این پژوهش نشان داد که مدل استخراج‌شده از برنامه‌نویسی بیان ژن با توجه به معیارهای ارزیابی عملکرد R^2 ، RMSE و MAE از توانایی مناسبی برای برآورد ارتفاع درختان دانه‌زاد بلوط ایرانی در ناحیه رویشی زاگرس میانی برخوردار است؛ بنابراین این مدل می‌تواند در مناطق جنگلی ناحیه رویشی زاگرس میانی که دارای ساختار و شرایط رویشگاهی مشابهی با منطقه مورد بررسی هستند مورد استفاده قرار گیرد. همچنین پیشنهاد می‌شود که پژوهش‌گران در پژوهش‌های آینده، سایر الگوریتم‌ها مانند مدل‌های اثرات آمیخته، ماشین بردار پشتیبان، شبکه عصب مصنوعی، رندوم فارست و غیره را در برآورد ارتفاع درختان بلوط ایرانی به‌کار گرفته و با نتایج این مطالعه مقایسه کنند تا بتوان از اطلاعات دقیق در برنامه‌ریزی و مدیریت پایدار این منابع جنگلی استفاده کرد.

زمینه برآورد متغیرهای کمی درختان در جنگل مورد استفاده قرار نگرفته است، ولی قابلیت و توان این برنامه در رشته‌ها و شاخه‌های علمی دیگر مانند هیدرولوژی، عمران، مکانیک و... به اثبات رسیده است. به‌عنوان مثال ابراهیمی و همکاران (۲۰۲۱)، در پژوهشی به برآورد ارتفاع سطح LNAPL در آبخوان‌های آلوده به نفت با استفاده از برنامه‌نویسی بیان ژن، سیستم استنتاج فازی (ANFIS) و روش رگرسیون چندمتغیره (MLR) پرداختند، نتایج مطالعه آن‌ها نشان داد که مدل بیان ژن در مقایسه با دو مدل دیگر از دقت و کارایی بالاتری برخوردار است (۳۲)، بنابراین با توجه به توان بالای این مدل، لزوم استفاده و به‌کارگیری این مدل در حوزه جنگل امری انکارناپذیر است چراکه در واقع برنامه بیان ژن دارای یک ماهیت کاملاً ریاضی بوده و از آنجایی‌که بحث برآورد متغیرهای کمی درختان نیز بیش‌تر جنبه ریاضیات دارد، بنابراین می‌توان از این مدل نیز در زمینه‌های مربوط به جنگل نیز بهره جست. نکته دارای اهمیتی که برنامه بیان ژن در مقایسه با سایر برنامه‌های فراکاوشی مانند شبکه عصب مصنوعی دارد، خروجی نهایی این برنامه است که برخلاف شبکه عصب مصنوعی، خروجی نهایی به‌صورت یک مدل ریاضی می‌باشد که می‌تواند جهت برآورد متغیرهای کمی وابسته به‌کار گرفته شود. جنبه کاربردی دیگر این برنامه نقش کاربر در استفاده از آن است، در واقع کاربر می‌تواند با توجه به ماهیت پژوهش و هدف خود، مقدار پیچیدگی یا سادگی مدل را بر اساس نوع توابع و تعداد ژن به‌کار رفته تعیین کند. در این پژوهش با توجه به این‌که هدف استخراج یک مدل

منابع

1. Najafifar, A., Sagheb-Talebi, K., & Saeb, K. (2012). The role of light intensity on survival of *Quercus branti* saplings in relation to slope aspect and distance from seed trees in Ilam province forests. *Journal of Forest and Wood Products*. 64 (4), 1-14.
2. Zeynali Yadegari, L., & Seyedi, N. (2019). Effect of altitude on seed germination and biomass of *Quercus brantii*. *Journal of Forest Research and Development*. 5 (3), 405-417.
3. Rahimi, GH., Mohammadi Samani, K., Shabaniyan, N., & Shfie Rahmani, M. (2020). Investigation of some chemical properties of soil in two glazed and less disturbed forest stands in North Zagros (Case study: forests of Baneh basin, Kurdistan province). *Environmental Science and Technology*. 22 (3), 68-55.
4. Salmani, A., Poursaeed, A. R., Bayramzadeh, V., & Eshraghi Samani, R. (2021). Explaining the criteria and indicators of sustainable management of forests in the Zagros basin from the point of view of forest specialists and experts. *Iranian Journal of Forest*. 13 (1), 43-58.
5. Fattahi, M. (1994). Investigation of Zagros oak forests and the most important factors of its destruction. Research Institute of Forests and Rangelands. Tehran press.
6. Bourque, C. P. A., Bayat, M., & Zhang, C. (2019). An assessment of height-diameter growth variation in an unmanaged *Fagus orientalis*-dominated forest. *European Journal of Forest Research*. 138, 607-621.
7. Sirkia, S., Heinonen, J., Miina, J., & Eerikäinen, K. (2015). Subject-specific prediction using a nonlinear mixed model: Consequences of different approaches. *Forest Science*. 61, 205-212.
8. Ozçelik, R., Diamantopoulou, M. J., Crecente-Campo, F., & Eler, U. (2013). Estimating crimean juniper tree height using nonlinear regression and artificial neural network models. *Forest Ecology and Management*. 306, 52-60.
9. Zhou, R., Wu, D., Fang, L., Xu, A., & Lou, X. (2018). A Levenberg–Marquardt backpropagation neural Network for predicting forest growing stock based on the least-squares equation fitting parameters. *Forests*. 9, 757.
10. Bayat, M., Hasani, M., & Heidari Masteali, S. (2020). Ten-year estimation of *Fagus orientalis* Lipsky increment using artificial neural networks model and multiple linear regression Ramsar Forests. *Journal of Forest Research and Development*. 6 (3), 381-394.
11. Golob, Ch., Ritter, T., Vosptnic, S., Wassermann, C., & Nuthtroft, A. (2018). A flexible height–diameter model for tree height imputation on forest inventory sample plots using repeated measures from the past. *Journal Forests*. 9 (368), 1-25.
12. Hamidi, S. K., Fallah, A., Bayat, M., & Hosseini Yekani, S. A. (2021). Investigating the diameter and height models of beech trees in uneven age forest of northern Iran (Case study: Farim Forest). *Ecology of Iranian Forests*, 9 (17), 30-40.
13. Ahmadi, K., Alavi, S. J., Kouchaksaraei, M. T., & Aertsen, W. (2013). Non-linear height-diameter models for oriental beech (*Fagus orientalis* Lipsky) in the Hyrcanian forests, Iran. *Biotechnology, Agronomy, Society, and Environment*. 17, 431-440.
14. Alemi, A., Oladi, J., Fallah, A., & Maghsodi, Y. (2021). Evaluating different height-diameter nonlinear models for hornbeams in uneven-aged stands (Case study: Golestan Rezaeian Forest). *Ecology of Iranian Forests*. 8 (16), 29-38.
15. Bolat, F., Urker, O., & Günlü, A. (2022). Nonlinear height-diameter models for Hungarian oak (*Quercus frainetto* Ten.) in Dumanlı Forest Planning Unit, Anakkale/Turkey. *Austrian Journal of Forest Science*. 139, 199-220.
16. Wang, T. Y., & Lam, T. Y. (2021). Modeling the height-diameter relationship

- of fifteen tree species planted on reclaimed agricultural lands with random species effects. *Tropical Forestry*. 1053, 1-5.
17. Tabassum, A., Jeelani, M. L., & Sharma, M. (2023). Predictive Modelling of height and diameter relationships of Himalayan chir Pine. *Agricultural Science Digest*. 43 (2), 170-175.
 18. Ercanli, I. (2020). Innovative deep learning artificial intelligence applications for predicting relationships between individual tree height and diameter at breast height. *Forest Ecosystems*. 7 (12), 2-18.
 19. Ferreira, C. (2001). Gene expression programming: a new adaptive algorithm for solving problems. *Complex Systems*. 13 (2), 87-129.
 20. Hoseinian, F. S., Faradonbeh, R. S., Abdolazadeh, A., Rezai, B., & Soltani-Mohammadi, S. (2017). Semi-autogenous mill power model development using gene expression programming. *Powder Technology*. 308, 61-69.
 21. Delpasand, S., Maleknia, R., & Kazemi, Y. (2017). Evaluating the impact of climatic factors on vegetation changes in the protected area of Sefid Koh Lorestan using the MODIS sensor. Conference: National Geomatics Conference. pp. 1-10.
 22. Zakaria, N. A., Azamathulla, H. M., Chang, C. K., & Ghani, A. A. (2010). Gene expression programming for total bed material load estimation-a case study. *Science of the Total Environment*. 408 (21), 5078-5085.
 23. Amiri, P., Soosani, J., & Naghavi, H. (2024). Investigating diameter-height models of Persian oak (*Quercus brantii* Lindl.) in height forests of Middle Zagros. *Forest Research and Development*. 10 (1), 19-38.
 24. Bihamta, M. R., & Zare Chahouki, M. R. (2008). Principles of statistics for the natural resource. University of Tehran Press. 322p.
 25. Gonzalez, M. S., Canellas, I., & Montero, G. (2007). Generalized height-diameter and crown diameter prediction models for cork oak forests in Spain. *Forest Systems*. 16 (1), 76-88.
 26. Ahmadi, K., & Alavi, S. J. (2016). Generalized height-diameter models for *Fagus orientalis* Lipsky in Kyrsonian forest, Iran. *Journal of Forest Science*. 62 (9), 413-421.
 27. Dey, T., Ahmed, Sh., & Islam, M. D. A. (2021). Relationships of tree height-diameter at breast height (DBH) and crown diameter-DBH of *Acacia auriculiformis* plantation. *Asian Journal of Forestry*. 5 (2), 71-75.
 28. Tuan, N. T., Dinh, T. T., & Long, Sh. H. (2019). Height-diameter relationship for *Pinus koraiensis* in Mengjiagang Forest Farm of Northeast China using nonlinear regressions and artificial neural network models. *Journal of Forest Science*. 65 (4), 134-143.
 29. Adame, P., Del Rio, M., & Canellas, I. (2008). A mixed nonlinear height-diameter model for Pyrenean oak (*Quercus pyrenaica* Willd.). *Forest Ecology and Management*. 256, 88-98.
 30. Sharma, R. P., Vacek, Z., & Vacek, S. (2016). Nonlinear mixed effect height-diameter model for mixed species forests in the central part of the Czech Republic. *Journal of Forest Science*. 62 (10), 470-484.
 31. Ghaderi, P., Mohammadi, J., Shataee, Sh., Rahmani, R., & Kariminejad, N. (2023). The efficiency of nonlinear mixed-effects model in determining height-diameter equations of velvet maple and ironwood trees. *Iranian Journal of Forest*. 14 (4), 473-485.
 32. Ebrahimi, F., Nakhai, M., Naseri, H. R., & Khodai, K. (2021). Estimation of LNAPL height in oil-contaminated aquifers using GEP, ANFIS, MLR. *Iranian Geology Quarterly*. 15 (57), 29-43.

