

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



شانزدهمین کنفرانس فیزیک ذرات و میدان‌ها

تحلیل QCD تابع ساختار قطبیده با استفاده از چارچوب ترکیبی شبکه
عصبی - الگوریتم ژنتیک

الهام آسترکی

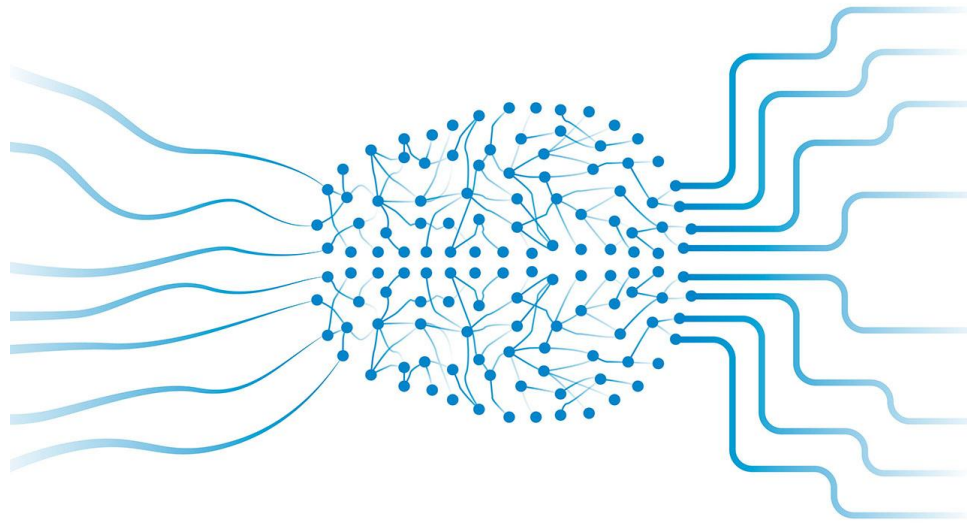
غلامرضا برون

بهمن ۱۴۰۴

مجله فیزیک

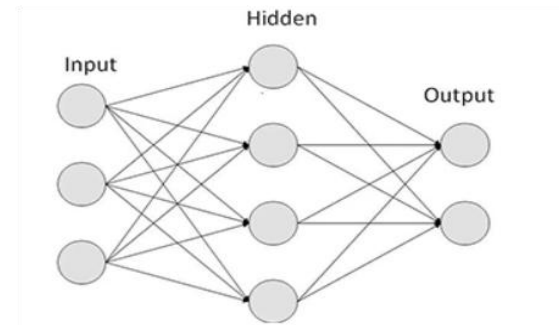
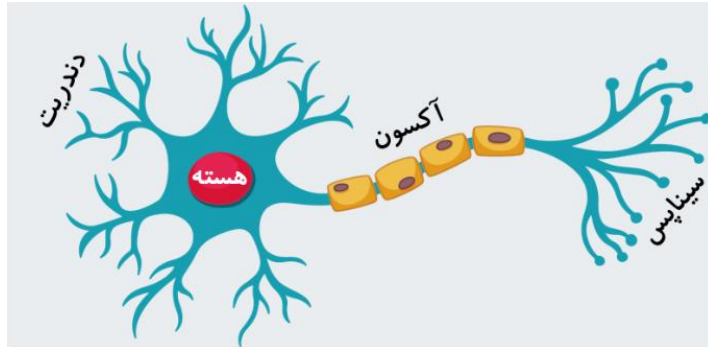
شبکه های عصبی

شبکه های عصبی، به دسته ای خاص از مدل های یادگیری ماشین اطلاق می شوند که برای انجام فعالیت های مختلفی طراحی و بهینه شده اند. یک شبکه عصبی، به مدلی گفته می شود که به هوش مصنوعی اجازه می دهد تا داده ها را با الهام از روش تفکر و پردازش ذهنی انسان، مورد بررسی قرار دهد.

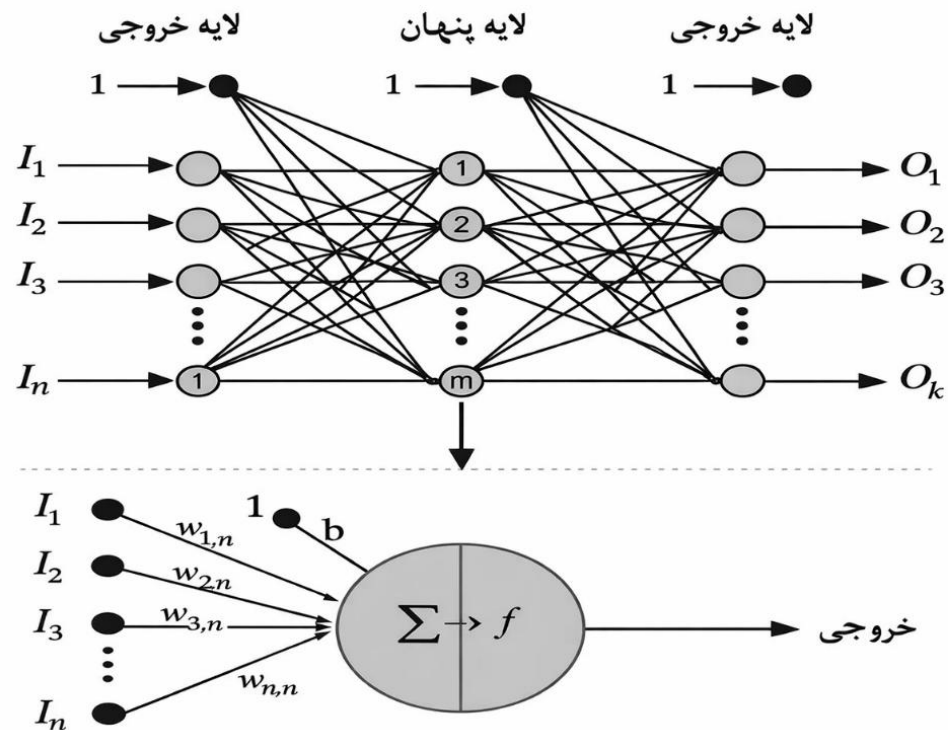


بررسی معماری پایه شبکه های عصبی

مغز انسان از ۸۶ میلیارد سلول عصبی با نام نورون تشکیل شده است. آنها با استفاده از آکسون به دیگر سلول ها متصل هستند. شبکه های عصبی هوش مصنوعی از چندین گره یا نود تشکیل شده اند. گره در شبکه عصبی برابر با نورون در مغز انسان است. گره ها با استفاده از ابزاری با نام رشته به یکدیگر متصل می شوند. همچون نورون های ذهنی که اطلاعات را دریافت کرده و در اختیار یکدیگر قرار می دهند، گره های قرار گرفته در شبکه های عصبی هوش مصنوعی هم اطلاعات را پس از پردازش در اختیار سایر نود ها قرار خواهند داد. یعنی این گره ها همواره در تعامل با یکدیگر بوده و عملیات های متنوعی را روی اطلاعات انجام می دهند.



ساختار شبکه های عصبی مصنوعی



انواع توابع محرک

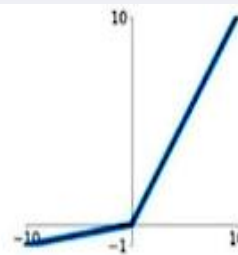
Sigmoid

$$\sigma(x) = \frac{1}{1+e^{-x}}$$



Leaky ReLU

$$\max(0.1x, x)$$



tanh

$$\tanh(x)$$



Maxout

$$\max(w_1^T x + b_1, w_2^T x + b_2)$$

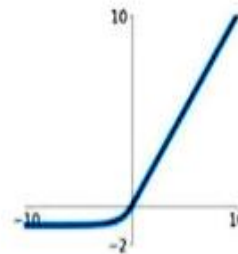
ReLU

$$\max(0, x)$$

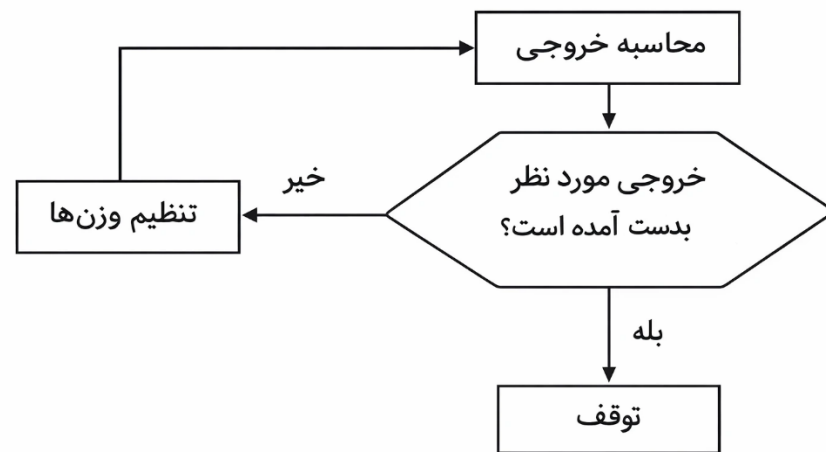
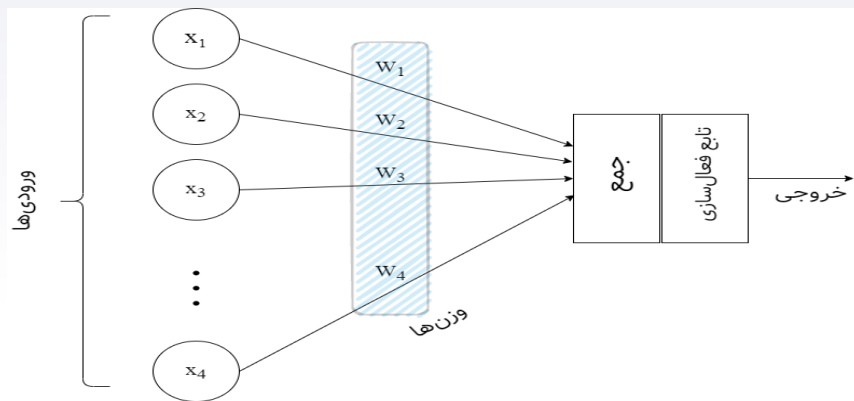


ELU

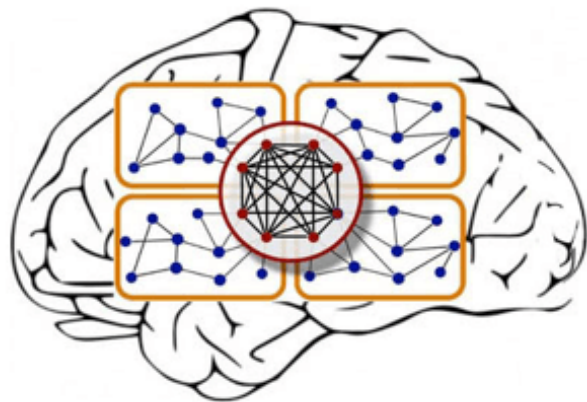
$$\begin{cases} x & x \geq 0 \\ \alpha(e^x - 1) & x < 0 \end{cases}$$



فرایند آموزش در شبکه عصبی مصنوعی



انواع شبکه‌های عصبی



❖ شبکه‌های عصبی کانولوشنال (Convolutional Neural Network)

❖ پرسپترون چندلایه (Multilayer Perceptron)

❖ شبکه‌ی عصبی پرسپترون (Perceptron)

❖ شبکه‌ی عصبی پیشخور (Feed Forward Neural Network)

❖ شبکه‌ی عصبی حافظه طولانی کوتاه مدت (LSTM – Long Short-Term Memory)

❖ شبکه‌ی عصبی بازگشتی (Recurrent Neural Network)

❖ شبکه‌های عصبی شعاعی پایه (Radial Basis Networks)

مراحل ساخت یک شبکه عصبی مصنوعی

برای ساخت یک مدل شبکه عصبی مصنوعی مراحل کلی زیر طی می شود :

مرحله اول: تعیین ساختار شبکه: منظور از تعیین ساختار یا معماری شبکه‌ی عصبی، تعیین نوع شبکه، تعیین بهینه‌ی تعداد لایه ها و گره‌های شبکه و تعیین توابع انتقالی و پایه به روش سعی و خطا برای دستیابی به یک جواب مناسب است.

مرحله دوم: آموزش شبکه: منظور از آموزش شبکه عصبی، اصلاح وزن‌های ارتباطی بین لایه ها و نیز وزن‌های بایاس شبکه برای نمونه های متعدد است. آموزش شبکه زمانی کامل می شود که خطای مدل یا اختلاف بین مقادیر خروجی شبکه و مقادیر هدف حداقل شود. برای رسیدن به این هدف، داده های آموزشی مربوط به الگوی مورد نظر چند بار به شبکه داده می شوند تا شبکه در هر بار با استفاده از آن‌ها وزن‌های خود را اصلاح کند. با تکرار زیاد این کار، وزن ها به گونه ای اصلاح می شوند که شبکه قادر است در برابر داده های ورودی غیر آموزشی، خروجی قابل قبول ارائه دهد.

مرحله سوم: آزمون شبکه: پس از تکمیل فرآیند آموزش شبکه و تصحیح وزن‌های آن، شبکه با استفاده از یک دسته داده‌های با خروجی معلوم مورد ارزیابی قرار می گیرد. در صورتی که آزمون شبکه موفقیت آمیز باشد، می توان از آن در تعیین مقادیر نامعلوم استفاده نمود.

تابع هدف و معیار ارزیابی شبکه عصبی

به منظور ارزیابی کیفیت برازش شبکه عصبی مصنوعی، از میانگین مربعات خطا به عنوان تابع هدف استفاده شده است. این معیار، میزان انحراف خروجی تولید شده توسط شبکه عصبی از مقدار واقعی سیستم را اندازه گیری می کند و به صورت زیر تعریف می شود:

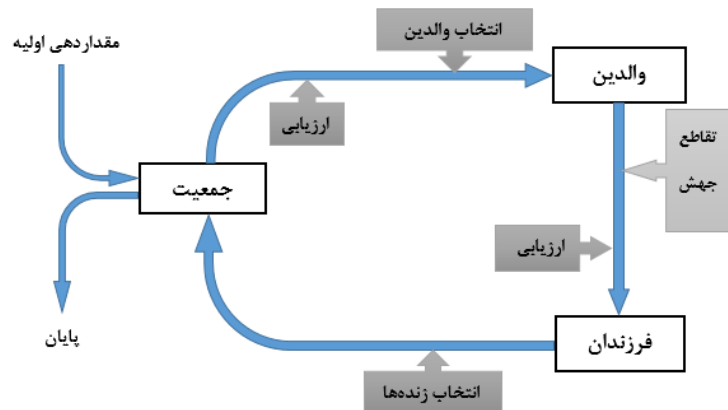
$$MSE = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y_i - \hat{y}_i)$$

ضریب تعیین: ضریب تعیین که با R^2 قدرت توضیح دهندگی مدل را نشان می دهد. ضریب تعیین نشان می دهد که چند درصد از تغییرات متغیر وابسته توسط متغیرهای مستقل توضیح داده می شود.

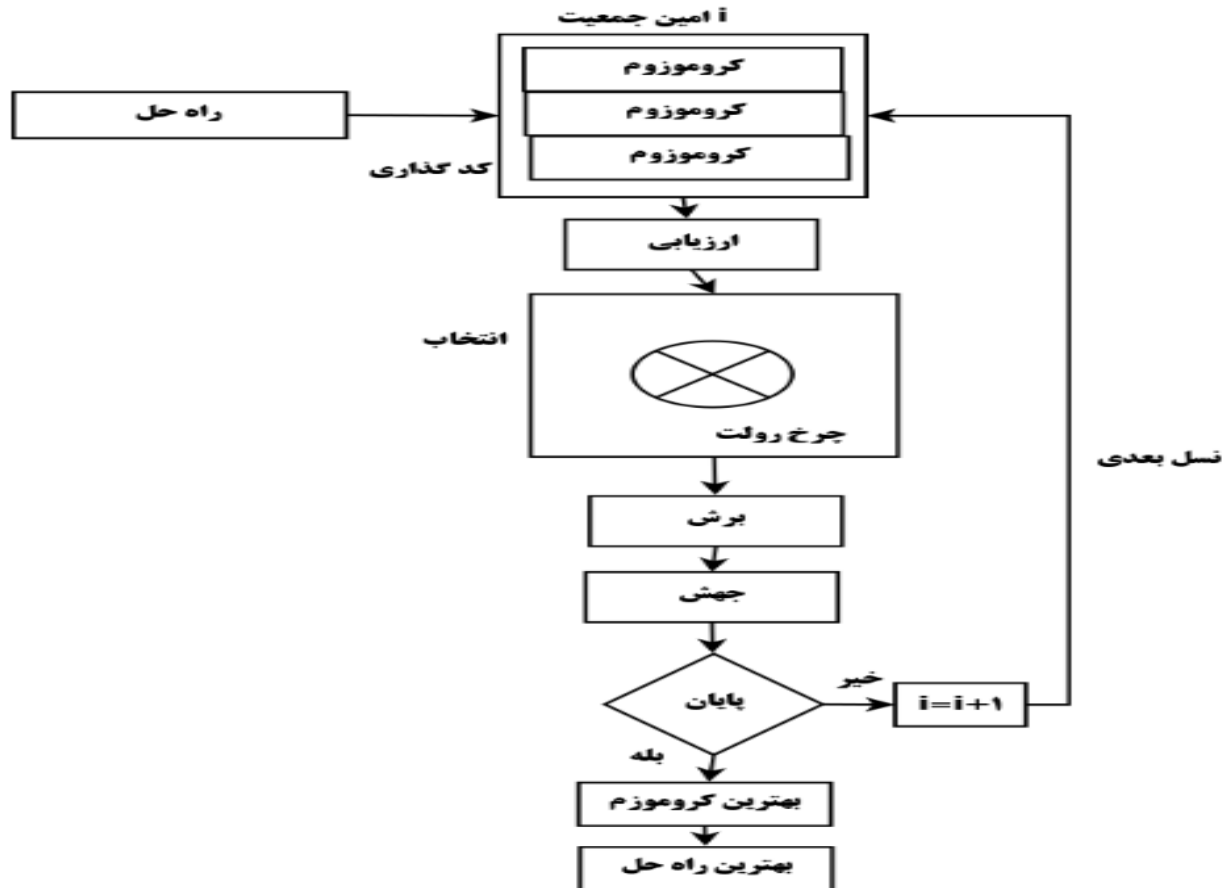
$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_{imeas} - y_{ipred})^2}{\sum_{i=1}^n (y_{imeas} - \bar{y})^2}$$

الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک که روش بهینه سازی الهام گرفته از طبیعت جاندار (موجودات زنده) است که می توان در طبقه بندی ها، از آن به عنوان یک روش عددی، جستجوی مستقیم و تصادفی یاد کرد. این الگوریتم، الگوریتمی مبتنی بر تکرار است و اصول اولیه آن همانطور که پیشتر اشاره شد از علم ژنتیک اقتباس گردیده است و با تقلید از تعدادی از فرآیندهای مشاهده شده در تکامل طبیعی اختراع شده است.



مراحل الگوریتم ژنتیک



نقاط قوت شبکه عصبی ترکیب با الگوریتم‌های ژنتیک

- ❖ شبکه‌های عصبی مصنوعی ابزارهای قدرتمند برای تقریب توابع غیرخطی و فاقد فرم تحلیلی هستند، اما فرآیند آموزش آن‌ها به شدت به روش بهینه‌سازی وابسته است.
- ❖ روش‌های متداول گرادیان محور با محدودیت‌هایی نظیر حساسیت به مقادیر اولیه، همگرایی به کمینه‌های محلی و نیاز به مشتق‌پذیری تابع هدف مواجه‌اند، به‌ویژه در مسائل معکوس و بدوضعیت.
- ❖ الگوریتم ژنتیک به‌عنوان یک روش بهینه‌سازی مستقل از گرادیان، امکان جستجوی سراسری و پایدار در فضای پارامترها را فراهم می‌کند.
- ❖ این رویکرد با کاهش بایاس پارامتری و افزایش پایداری، برای مسائل فیزیکی پیچیده مانند استخراج توابع توزیع پارتونی بسیار مناسب است.

پراکندگی ناکشسان ژرف و توابع توزیع پارتونی

در پراکندگی ناکشسان ژرف و برخوردهای سخت پروتون-پروتون (و پروتون-پادپروتون)، فرآیند پراکندگی توسط ساختار پارتونی هادرون‌ها کنترل می‌شود. توابع توزیع پارتونی، توزیع کسر تکانه حمل‌شده توسط کوارک‌ها و گلوئون‌ها درون نوکلئون را توصیف می‌کنند و ورودی اساسی محاسبات QCD هستند. این توابع از برازش دقیق داده‌های آزمایشگاهی شتابدهنده‌هایی نظیر SLAC و HERA به دست آمده و برای پیش‌بینی دقیق سطح مقطع در LHC به کار می‌روند. توابع ساختار $F(x)$ و توابع ساختار قطبیده $g(x)$ اطلاعاتی درباره توزیع تکانه و اسپین پارتون‌ها فراهم می‌کنند. وابستگی مقیاسی Q^2 توابع ساختار و PDFs در چارچوب QCD با معادلات تحول DGLAP توصیف می‌شود. تحلیل و برازش کلی داده‌های DIS نقش کلیدی در تعیین PDFs قطبیده و غیرقطبیده و فهم دینامیک برهم‌کنش‌های قوی دارد.

ویژگی های توابع توزیع پارتون

❖ استفاده از گستره وسیعی از داده‌های تجربی

❖ فرم عمومی و کامل تابع توزیع اولیه

❖ تعیین عدم قطعیت

❖ دقت در تعیین تابع توزیع گلوئون

❖ محاسبه دقیق ثابت جفت‌شدگی قوی

❖ آنالیز در بالاترین مرتبه اختلالی

گروه‌های پدیده‌شناسی توابع توزیع پارتونی

ویژگی شاخص	داده‌های اصلی	رهیافت طعم سنگین	مقیاس اولیه	سال / نسخه شاخص	گروه PDF
چارچوب مرجع استاندارد، پارامتری‌سازی با چندجمله‌ای چیشف	HERA، SLAC، داده‌های هدف ثابت	GM-VFNS	1.0	تکامل یافته (MSHT20، MSTW08، MMHT14)	MSHT20
دقت بالا در برخوردهای سخت، داده‌های ترکیب شده	Tevatron، ZEUS/H1	GM-VFNS	1.69	CT18	CT18
شبکه عصبی + الگوریتم ژنتیک، ۲۵۹ پارامتر آزاد	Tevatron، داده‌های DIS	ZM-VFNS	1.0	NNPDF2.1	NNPDF2.0 / 2.1
یادگیری غیرخطی، محاسبه دقیق عدم قطعیت‌ها	HERA، LHC، Tevatron	GM-VFNS	متغیر	NNPDF4.1	NNPDF4.1
مدل پدیده‌شناسی ساده، ۲۰ پارامتر آزاد	داده‌های DIS منتخب	FFNS	2.0	JR09 (GJR08/GRV)	JR09
پارامتری‌سازی دقیق، تمرکز بر (α_s)	DIS، داده‌های هدف ثابت	FFNS	9.0	ABKM	ABKM
آنالیز کاملاً تجربی، قیود جمعی دقیق	ZEUS + H1 (HERA)	GM-VFNS	5.0	HERAPDF	HERAPDF
کنترل رفتار (X) کوچک و بزرگ	HERA، داده‌های انرژی پایین	—	2.0	KKT/KKTc	KKT / KKTc

آشنایی با برنامه ی MINUIT

MINUIT یکی از برنامه‌های پیشگام در بهینه‌سازی پارامترهاست که توسط فرد جیمز در سال ۱۹۷۰ در مرکز تحقیقاتی CERN طراحی و پیاده‌سازی شد. هدف اصلی این برنامه، کمینه‌سازی تفاضل بین داده‌های تجربی و پیش‌بینی‌های مدل‌های تئوری است. این برنامه به ویژه در علوم تجربی و محاسباتی محبوبیت دارد و در بسیاری از حوزه‌های علمی به کار گرفته شده است.

MINUIT به کاربر اجازه می‌دهد که یک تابع تئوری چندپارامتری را تعریف کند. این تابع نماینده مدلی است که کاربر قصد دارد داده‌های تجربی را به آن برازش دهد. سپس MINUIT از روش‌های عددی پیشرفته برای کمینه‌سازی اختلاف بین خروجی مدل و داده‌های واقعی استفاده می‌کند. برای این کار، این برنامه یک مقدار تفاضل مربعات خطا را که بین داده‌ها و مدل تئوری محاسبه شده است، کمینه می‌کند.

روش کمترین مربعات و تابع توزیع مربع کای

روش کمترین مربعات یکی از پرکاربردترین تکنیک‌ها در حل مسائل کمینه سازی است و به طور گسترده در فیزیک و علوم مرتبط استفاده می‌شود. این روش برای برازش مدل‌های تئوری به داده‌های تجربی طراحی شده و هدف اصلی آن یافتن بهترین مقادیر برای پارامترهای مجهول مدل است.

$$\phi^2 = \sum_{i=1}^N \frac{(y_i - \lambda(x; \theta))^2}{\sigma_i^2}$$

تابع توزیع مربع کای (χ^2) یک توزیع احتمالاتی مهم در آمار است که اغلب در تحلیل داده‌ها، برازش مدل‌ها و آزمون فرضیات استفاده می‌شود. این توزیع از مجموع مربعات متغیرهای تصادفی مستقل با توزیع نرمال استاندارد به دست می‌آید. رابطه‌ای که قرار است جهت یافتن پارامترهای مجهول کمینه شود از این قرار است:

$$\chi^2 = \sum_i \left(\frac{N_n A_{1,i}^{exp} - A_{1,i}^{theor}}{N_n \Delta A_{1,i}^{data}} \right)^2$$

محدودیت‌های روش کمترین مربعات و MINUIT

- ❖ حساسیت به مقداردهی اولیه پارامترها
- ❖ وجود کمینه‌های محلی در مسائل غیرخطی
- ❖ محدودیت در برخورد با ناحیه‌های نامنظم فضای پارامتری
- ❖ فرضیات آماری نهفته در تابع χ^2
- ❖ افزایش پیچیدگی با افزایش تعداد پارامترها
- ❖ هزینه‌ی محاسباتی در مسائل بزرگ مقیاس

روش‌های متداول استخراج PDF ها عموماً بر پایه‌ی انتخاب فرم‌های پارامتری محدود در یک مقیاس اولیه و به کارگیری الگوریتم‌های کمینه‌سازی کلاسیک نظیر روش کمترین مربعات و برنامه‌ی MINUIT استوار هستند. اگرچه این روش‌ها در بسیاری از تحلیل‌ها موفق عمل کرده‌اند، اما با چالش‌هایی نظیر وابستگی به انتخاب فرم پارامتری اولیه، پیچیدگی فضای پارامترها و احتمال گیر افتادن در کمینه‌های محلی مواجه‌اند.

با پیشرفت چشمگیر روش‌های محاسباتی و هوش مصنوعی در سال‌های اخیر، بهره‌گیری از ابزارهای نوین یادگیری ماشینی به عنوان یک جایگزین یا مکمل برای روش‌های کلاسیک برازش مورد توجه قرار گرفته است. در این راستا، شبکه‌های عصبی مصنوعی به دلیل توانایی بالا در تقریب توابع غیرخطی پیچیده و الگوریتم‌های ژنتیک به عنوان روش‌های بهینه‌سازی سراسری قدرتمند، بستر مناسبی برای مدل‌سازی و استخراج توابع توزیع پارتونی فراهم می‌آورند.

پراکندگی ناکشسان ژرف قطبیده

پراکندگی ناکشسان ژرف یکی از ابزارهای بنیادی برای بررسی ساختار درونی هادرون‌ها و آزمون کرومودینامیک کوانتومی به شمار می‌رود. در این فرایند، یک لپتون پراثرژی با یک هادرون هدف برهم‌کنش می‌کند و با انتقال تکانه بزرگ، اجزای ساختاری آن یعنی کوارک‌ها و گلئون‌ها را مورد کاوش قرار می‌دهد. هنگامی که اسپین لپتون، هدف، یا هر دو قطبیده باشند، این فرایند تحت عنوان پراکندگی ناکشسان ژرف قطبیده (PDIS) شناخته می‌شود.

معادلات تحول DGLAP

تحول توابع توزیع پارتونی نسبت به مقیاس Q^2 توسط معادلات تحول DGLAP توصیف می شود :

$$\frac{dq_i(x, Q^2)}{d\ln Q^2} = \frac{\alpha_s(Q^2)}{2\pi} \int_x^1 \frac{dz}{z} \left[\sum_j q_j(z, Q^2) P_{ij} \left(\frac{x}{z} \right) + g(z, Q^2) P_{jg} \left(\frac{x}{z} \right) \right]$$

$$\frac{dg(x, Q^2)}{d\ln Q^2} = \frac{\alpha_s(Q^2)}{2\pi} \int_x^1 \frac{dz}{z} \left[\sum_j q_j(z, Q^2) P_{gj} \left(\frac{x}{z} \right) + g(z, Q^2) P_{gg} \left(\frac{x}{z} \right) \right]$$

معادلات تحول برحسب توزیع گلوئون و کوارک های غیریکتا و یکتا بیان می شود. توزیع کوارک های یکتا، جمع توزیع های همه طعم هاست.

$$q_S(x, Q^2) = \sum_{i=1}^{n_f} (q_i(x, Q^2) + \bar{q}_i(x, Q^2))$$

توزیع کوارک غیر یکتا برابر است با:

$$q_{NS} = q_i - \bar{q}_i$$

تابع ساختار قطبیده را می توان به دو بخش یکتا (Singlet) و غیریکتا (Non-Singlet) تجزیه کرد:

$$g_1(x, Q^2) = g_{1,NS}(x, Q^2) + g_{1,S}(x, Q^2)$$

معادلات تکامل Q^2 برای ترکیب غیریکتا در تقریب LO به شکل زیر نوشته می شوند:

$$\frac{d}{dt} \Delta q_{NS}(x, Q^2) = \frac{\alpha_s(Q^2)}{2\pi} \Delta P_{NS}^{(\cdot)} \otimes \Delta q_{NS}(x, Q^2)$$

معادلات DGLAP برای تحول توزیع کوارک های یکتا و گلوئون در عبارتند از:

$$\frac{\partial}{\partial t} \begin{pmatrix} \Delta \Sigma(x, Q^2) \\ \Delta g(x, Q^2) \end{pmatrix} = \frac{\alpha_s(t)}{2\pi} \begin{pmatrix} \Delta P_{qq} \left(\frac{x}{\xi} \right) & 2f \Delta P_{qg} \left(\frac{x}{\xi} \right) \\ \Delta P_{gq} \left(\frac{x}{\xi} \right) & \Delta P_{gg} \left(\frac{x}{\xi} \right) \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} \Delta \Sigma \\ \Delta g \end{pmatrix}$$



$$\int_0^1 dx x^{n-1} f \otimes g = \int_0^1 dx x^{n-1} \int_x^1 \frac{dy}{y} f(y) g\left(\frac{x}{y}\right) = \int_0^1 dx x^{n-1} \int_0^1 dy dz \delta(x - zy) f(y) g(z) = f^n g^n$$

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} \Delta \Sigma_N(Q^2) \\ \Delta g_N(Q^2) \end{pmatrix} = \frac{\alpha_s(t)}{2\pi} \begin{pmatrix} \Delta P_{qq,N} & 2f\Delta P_{qg,N} \\ \Delta P_{gq,N} & \Delta P_{gg,N} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \Delta \Sigma_N(Q^2) \\ \Delta g_N(Q^2) \end{pmatrix}$$

$$F_N(Q^2) = U_N^0(Q^2, Q_0^2) [I + a_s(Q^2) R_N^1] [I + a_s(Q^2) R_N^1]^{-1} F_N(Q_0^2) \quad NLO$$

$$R_N^{(1)} = \frac{1}{\beta_0} \left(\gamma_N^{(1)} - \frac{\beta_1}{\beta_0} \gamma_N^{(0)} \right)$$

معادلات یکتا DGLAP با استفاده از تبدیل ملین حل شده‌اند که با تبدیل کانولوشن‌ها به ضرب، ساختار معادلات تکامل را ساده می‌کند. پس از به دست آوردن تابع ساختار در فضای ملین، لازم است تابع ساختار به فضای x بازگردانده شود. در این روش، تابع مورد نظر در فضای x از طریق یک انتگرال تعریف می‌شود که در آن قسمت موهومی یک عبارت نمایی شامل توان منفی x و تابع متناظر در فضای ملین ظاهر می‌شود. مسیر انتگرال‌گیری به گونه‌ای انتخاب می‌شود که تمامی تکینگی‌های تابع در فضای ملین در یک سمت مشخص از مسیر قرار گیرند تا همگرایی و درستی محاسبه تضمین شود.

$$xg_1(x, Q^2) = \frac{e^{-\frac{x}{1-x}}}{(1-x)^2} L_n\left(\frac{x}{1-x}\right) \sum_{j=0}^n C_n(j, Q^2)$$

$$C_n(j, Q^2) = \sum_{k=0}^{\infty} B_n^k c_l M(j = k + 1 + 2Q^2)$$

$$B_n^k = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{(-1)^k n!}{(k!)^2 (n-k)!}$$

نتایج برازش توابع توزیع برای تابع ساختار قطبیده

ما در این آنالیز از فرم پارامتری شده در مقیاس اولیه $Q_0^2 = 4\text{GeV}^2$ برای توابع توزیع پارتون پلاریزه در فضای X استفاده نمودیم.

$$x\delta u_v = N_{u_v}\eta_{u_v}x^{a_{u_v}}(1-x)^{b_{u_v}}(1+c_{u_v})$$

$$x\delta d_v = N_{d_v}\eta_{d_v}x^{a_{d_v}}(1-x)^{b_{d_v}}(1+c_{d_v})$$

$$x\delta \bar{q} = N_s\eta_s x^{a_s}(1-x)^{b_s}(1+c_s)$$

$$x\delta g = N_g\eta_g x^{a_g}(1-x)^{b_g}(1+c_g)$$

Target	آزمایش	محدوده x	Q^2 (GeV ²)	تعداد	N_i
	E143(p)	۰.۰۳۱-۰.۷۴۹	۱.۲۷-۹.۵۲	۲۸	۰.۹۹۹۸
	HERMES(p)	۰.۰۲۸-۰.۶۶	۱.۰۱-۷.۳۶	۳۹	۱.۰۰۰۶
	SMC(p)	۰.۰۰۵-۰.۴۸۰	۱.۳۰-۵۸.۰	۱۲	۰.۹۹۹۹
	EMC(p)	۰.۰۱۵-۰.۴۶۶	۳.۵۰-۲۹.۵	۱۰	۱.۰۰۹۴
	E1۰۰(p)	۰.۰۱۵-۰.۷۵۰	۱.۲۲- ۳۴.۷۲	۲۴	۱.۰۲۲۶
	COMPASS ۱۰	۰.۰۰۵-۰.۵۶۸	۱.۱۰- ۶۲.۱۰	۱۵	۰.۹۹۲۰
پروتون	—	—	—	۱۲۸	—
	E143(d)	۰.۰۳۱-۰.۷۴۹	۱.۲۷-۹.۵۲	۲۸	۰.۹۹۹۰
	E1۰۰(d)	۰.۰۱۵-۰.۷۵۰	۱.۲۲- ۳۴.۷۹	۲۴	۰.۹۹۹۶
	SMC(d)	۰.۰۰۵-۰.۴۷۹	۱.۳۰- ۵۴.۸۰	۱۲	۰.۹۹۹۹
دوترون	—	—	—	۶۴	—
	E143(n)	۰.۰۳۵-۰.۴۶۶	۱.۱۰-۵.۵۰	۸	۰.۹۹۹۱
	HERMES	۰.۰۳۳-۰.۴۶۴	۱.۲۲-۵.۲۵	۹	۰.۹۹۹۹
	E1۰۴(n)	۰.۰۱۷-۰.۵۶۴	۱.۶۰- ۴۱.۰۰	۱۷	۰.۹۹۹۶
	HERMES ۶	۰.۰۲۶-۰.۷۳۱	۱.۱۲- ۱۴.۲۹	۵۱	۱.۰۰۰۰
نوترون	—	—	—	۸۵	—
جمع	—	—	—	۳۷۷	—

داده های تجربی از گروه های مختلف

استخراج PDFs قطبیده با چارچوب ANN-GA

برای استخراج توابع توزیع پارتونی قطبیده در مقیاس اولیه $Q_0^2 = 4\text{GeV}^2$ ، از چارچوب ترکیبی شبکه عصبی مصنوعی و الگوریتم ژنتیک استفاده شده است. هدف اصلی این رویکرد، حذف بایاس پارامتری و بازسازی انعطاف‌پذیر توابع توزیع بدون فرض فرم تحلیلی محدود‌کننده است. توزیع‌های قطبیده در مقیاس اولیه با یک شبکه عصبی پیش‌خور چندلایه مدل‌سازی شده‌اند.

ورودی‌های شبکه: x و Q^2 و g_1

خروجی شبکه: ۱۶ پارامتر مجهول تعیین‌کننده PDFs قطبیده

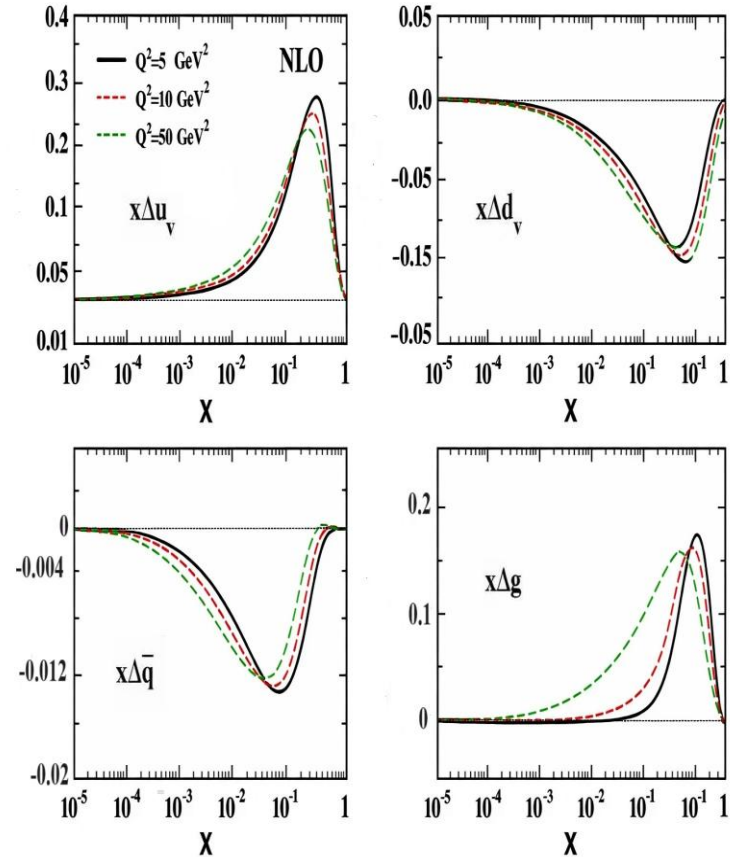
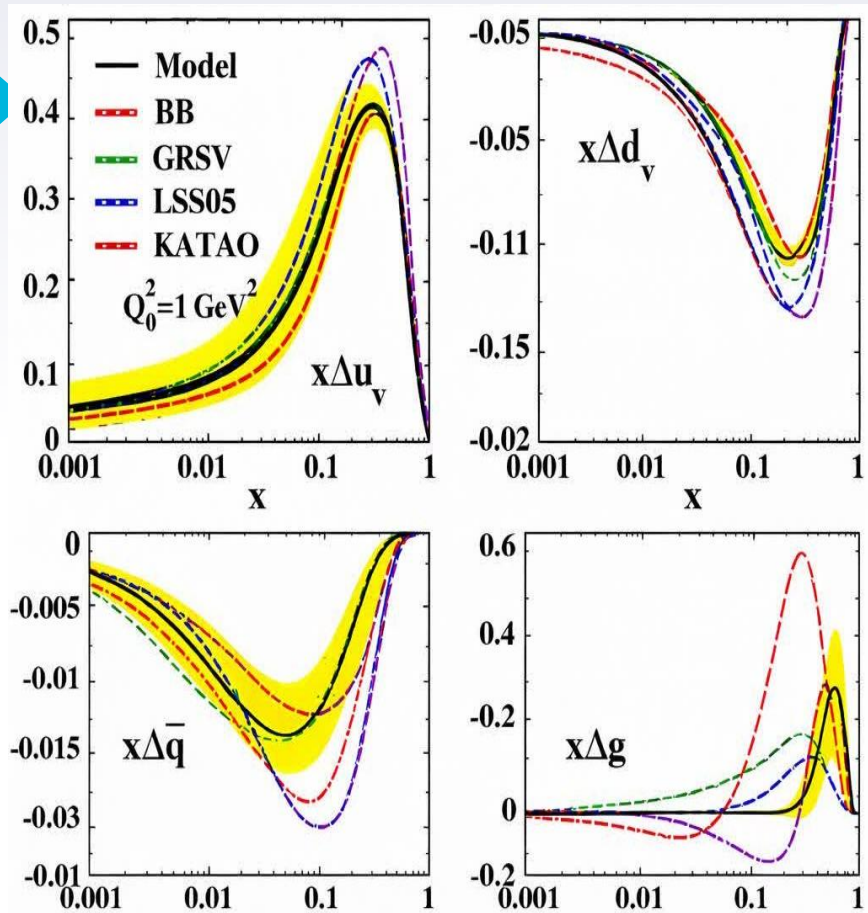
ساختار شبکه: دو لایه مخفی با ۱۵ و ۲۵ نورون و توابع فعال‌سازی $Tanh$ و $ReLU$

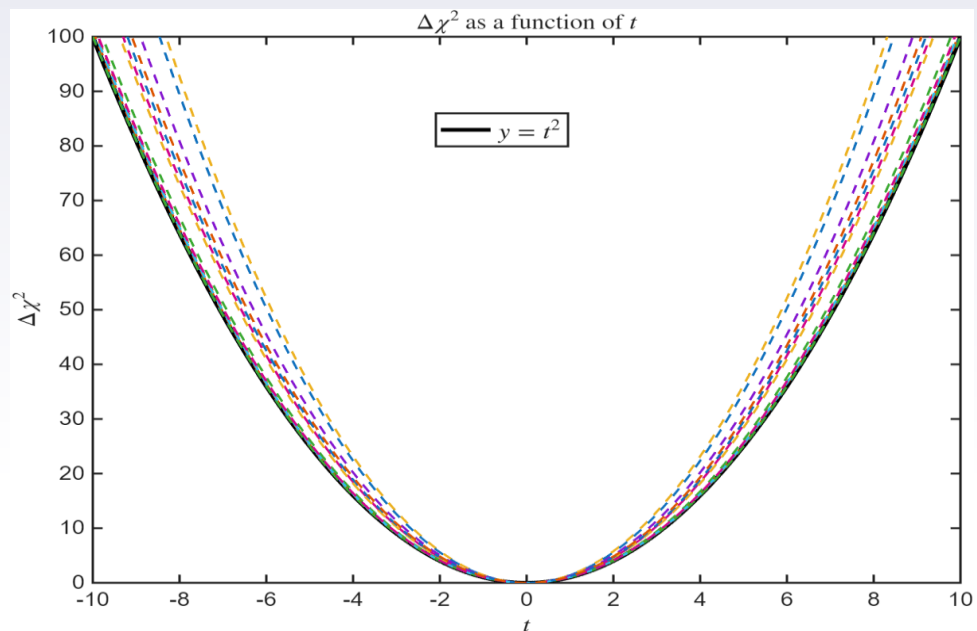
وزن‌ها و بایاس‌ها پارامترهای آزاد مدل بوده و توسط الگوریتم ژنتیک بهینه‌سازی می‌شوند. هر مجموعه وزن-بایاس به عنوان یک کروموزوم در نظر گرفته شده و جمعیت اولیه شامل ۲۷۷ فرد تصادفی است. معیار برازندگی، تابع هزینه مبتنی بر χ^2 است. با اعمال عملگرهای انتخاب، ترکیب و جهش، نسل‌های جدید تولید شده و فرآیند تا همگرایی تابع هزینه ادامه می‌یابد. بهترین فرد نهایی، متناظر با مجموعه بهینه پارامترهای شبکه عصبی انتخاب می‌شود.

$$\chi^2 = \sum_i \frac{g_1^{exp}(x, Q_i^2) - g_1^{theory}(x, Q_i^2)}{\sigma_i^2} + \lambda R(\theta)$$

δu_v	$\eta_{u_v}(Model)$	0.918 ± 0.001	$\delta \bar{q}$	$\eta_s(Model)$	-0.0495 ± 0.018
	$\eta_{u_v}[\epsilon_2]$	0.928		$\eta_s[\epsilon_2]$	-0.0542 ± 0.029
	$a_{u_v}(Model)$	0.0515 ± 0.028		$a_s(Model)$	0.434 ± 0.158
	$a_{u_v}[\epsilon_2]$	0.535 ± 0.022		$a_s[\epsilon_2]$	0.474 ± 0.121
	$b_{u_v}(Model)$	3.118 ± 0.065		$b_s(Model)$	8.958 ± 0.002
	$b_{u_v}[\epsilon_2]$	3.222 ± 0.085		$b_s[\epsilon_2]$	9.310
	$c_{u_v}(Model)$	7.941 ± 0.001		$c_s(Model)$	0.0001
	$c_{u_v}[\epsilon_2]$	8.180		$c_s[\epsilon_2]$	0
δd_v	$\eta_{d_v}(Model)$	-0.328 ± 0.021	δg	$\eta_g(Model)$	0.228 ± 0.119
	$\eta_{d_v}[\epsilon_2]$	-0.342		$\eta_g[\epsilon_2]$	0.224 ± 0.118
	$a_{d_v}(Model)$	0.518 ± 0.040		$a_g(Model)$	2.745 ± 0.247
	$a_{d_v}[\epsilon_2]$	0.530 ± 0.067		$a_g[\epsilon_2]$	2.833 ± 0.528
	$b_{d_v}(Model)$	3.625 ± 0.258		$b_g(Model)$	5.258 ± 0.0012
	$b_{d_v}[\epsilon_2]$	3.878 ± 0.451		$b_g[\epsilon_2]$	5.747
	$c_{d_v}(Model)$	4.158 ± 0.001		$c_g(Model)$	0.001
	$c_{d_v}[\epsilon_2]$	4.789		$c_g[\epsilon_2]$	0
$\alpha_s(Q^2)(Model) = 0.398 \pm 0.211$			$\alpha_s(Q^2)[\epsilon_2] = 0.381 \pm 0.117$		
$\chi^2/ndf(Model) = \frac{241.5}{237} = 0.87$			$\chi^2/ndf[\epsilon_2] = \frac{232.6}{237} = 0.74$		

نتایج بدست آمده از برازش روی داده های تجربی
در مرتبه NLO مدل و مقایسه نتایج برازش





نمودار وابستگی χ^2 در امتداد راستاهای مختلف بردارهای ویژه برای مرتبه NLO در مقیاس

اولیه $Q_0^2 = 4 \text{ GeV}^2$ در حالت قطبیده

ضریب تعیین R^2 در مرتبه های NLO و NNLO

	NLO
$R^2 (Q^2_0 = ۴ \text{ GeV}^2)$	۰٫۹۳۴۷

نتیجه گیری

❖ در این پژوهش با ترکیب تبدیل ملین، بسط چند جمله‌ای های لاگر و تکامل NLO معادلات سینگلت DGLAP، بازسازی پایداری از توابع ساختار قطبیده در فضای x ارائه شد. استفاده از چندجمله‌ای های لاگر به ویژه در نواحی $x \rightarrow 0$ و $x \rightarrow 1$ مزیت مهمی دارد، زیرا رفتار تابع را بدون نوسان های عددی بازسازی می کند و از ناپایداری های تبدیل معکوس ملین جلوگیری می نماید. به جای روش های کلاسیک کمینه سازی مانند Minuit، از یک چارچوب داده محور مبتنی بر شبکه عصبی و الگوریتم ژنتیک استفاده شد که بدون فرض شکل پارامتری خاص، توانست ساختارهای غیر خطی PDF های قطبیده را با دقت و انعطاف پذیری بیشتری استخراج کند. نتایج حاصل، همراه با مقدار مناسب χ^2/ndf ، نشان می دهد که این روش نه تنها از ناپایداری های عددی تبدیل معکوس ملین جلوگیری می کند، بلکه عملکرد بهتری نسبت به رویکردهای پارامتریزه ی سنتی ارائه می دهد. این چارچوب می تواند جایگزینی قابل اتکا و دقیق برای Minuit در تحلیل های QCD باشد و مبنایی مناسب برای مطالعات قطبیده ی آینده، به ویژه در داده های دقیق تر و حوزه هایی مانند EIC، فراهم سازد.

- [1] S. A. Tehrani, F. Taghavi-Shahri, A. Mirjalili and M. M. Yazdanpanah, Phys. Rev. D 87, 114012 (2013).
- [2] I. Borsa, M. Stratmann, W. Vogelsang, D. de Florian and R. Sassot, Phys. Rev. Lett. 133, no.15, 151901 (2024).
- [3] M. Salimi-Amiri, A. Khorramian, H. Abdolmaleki and F. I. Olness, Phys. Rev. D 98, no.5, 056020 (2018).
- [4] B. W. Filippone and X. D. Ji, Adv. Nucl. Phys. 26, 1 (2001) .
- [5] G. V. Seeventer, Applying Field Theories: From Polarised Parton Distribution Functions to Neural Networks, Master's thesis, (2025).
- [6] J. Haug, O. Schüle and F. Wunder, JHEP 07, 001 (2024).
- [7] M. Hirai, S. Kumano, N. Saito and Asymmetry Analysis Collaboration, Phys. Rev. D 69, 054021 (2004).
- [8] A. N. Khorramian, S. Atashbar Tehrani, S. Taheri Monfared, F. Arbabifar and F. I. Olness, Phys. Rev. D 83, 054017 (2011).

از توجه شما متشکریم

