Доказательство правильности программ /Пер. с англ. под ред. Д.Б. Подшивалова. – М.: Мир, 1982. – 168 с. 9. Хоор Ч. Э. Р. Непротиворечивые взаимодополняющие теории семантики языков программирования //Семантика языков программирования. Сборник статей. – М.: Мир, 1980. С. 196-221 10. Абрамов С. А. Элементы анализа программ. Частичные функции на множестве состояний. – М.: Наука. Гл. ред. физ.-мат. лит., 1986. – 128 с. 11. Донаху Дж. Взаимодополняющие определения семантики языка программирования //Семантика языков программирования. Сборник статей. – М.: Мир, 1980. С. 222-394 12. Элиенс А. Принципы объектно-ориентированной разработки программ. 2-е издание.: Пер. с англ. – М.: Издательский дом «Вильямс», 2002. – 496 с. 13. Калинин А. Г., Мацкевич И. В. Универсальные языки программирования. Семантический подход. – М.: Радио и связь, 1991. – 400 с. 14. Лавров С. С. Программирование. Математические основы, средства, теория. – СПб.: БХВ-Петербург, 2001. – 320 с. 15. Себеста Р. У. Основные концепции языков программирования. 5-е изд.: Пер. с англ. – М.: Издательский дом «Вильямс», 2001. – 672 с.

УДК 519.6

П. О. Кравець
Національний університет "Львівська політехніка",
кафедра інформаційних систем та мереж

ОПТИМІЗАЦІЯ ВИПАДКОВОГО ПОШУКУ ГЕНЕТИЧНИМ МЕТОДОМ З РОЗПАРАЛЕЛЮВАННЯМ

© Кравець П.О., 2002

It is solved a task of dynamic object search in conditions of uncertainty by application of a classical genetic method with a parallelizing. The dependence of an average amount of retrieval pitches on parameters of a genetic method is investigated.

Розв'язано задачу пошуку динамічного об'єкта в умовах невизначеності за допомогою класичного генетичного методу з розпаралелюванням. Досліджено залежність середньої кількості пошукових кроків від параметрів генетичного методу.

Вступ. Практичне застосування інтелектуальних систем ставить високі вимоги до ефективності методів прийняття рішень в умовах невизначеності. Оптимізація прийняття рішень в умовах невизначеності здійснюється за допомогою адаптивних методів, підкласом яких є еволюційні генетичні методи. Побудова генетичних методів базується на властивостях природного відбору (селекції) поточних рішень та застосування генетичних операторів схрещування і мутації. Природний відбір забезпечує закріплення кращих поточних рішень, схрещування яких з великою імовірністю призводить до їх подальшої

оптимізації. Загалом схрещування і мутація дають можливість дослідити на оптимальність нові області можливих рішень.

Генетичні методи (алгоритми) запропоновані у роботах Холланда [1] та Гольдберга [2]. Застосування генетичних методів полягає у розв'язуванні задач оптимізації [3], діагностики [4], моделювання процесів еволюції у живій природі, побудові систем штучного інтелекту та ін.

Ефективність роботи генетичних методів визначається кількістю кроків, необхідних для досягнення оптимального розв'язку. Зменшення кількості пошукових кроків може бути отримано за рахунок належного вибору параметрів генетичного методу та способу реалізації операторів схрещування, мутації і селекції поточних рішень. Розрізняють одноточкове, багатоточкове та шаблонне схрещування. Селекція поточних рішень може бути випадковою, детермінованою, комбінованою.

Підвищення ефективності генетичних методів можна забезпечити також у результаті декомпозиції популяції з глобальним критерієм оптимізації на окремі популяції з локальними критеріями. Така декомпозиція призведе до зменшення кількості пошукових кроків за рахунок розпаралелювання роботи спеціалізованих обчислювальних популяцій.

Дослідження ефективності роботи генетичних методів з розпаралелюванням виконаємо на прикладі розв`язування задачі пошуку динамічного об'єкта в умовах невизначеності.

Формулювання задачі. Розглянемо евклідовий простір $X \subset R^m$, $m \geq 1$, заданий у системі дискретних координат $X^i = \{x^i(j) \mid j = 1,2,...,N_i; x^i(j) < x^i(j+1))\}$ декартовим добутком станів $X = \bigotimes_{i=1}^{m} X^i$. Нехай у просторі X у моменти часу $n = 1,2,...$ здійснює випадкові переміщення об'єкт з координатами $y_n \in X$. Поточна відстань до об`єкта від деякої точки $x_n^s \in X$ визначається евклідовою нормою

$$\xi_n^s = \left\| x_n^s - y_n \right\|, \tag{1}$$

яка є випадковою величиною з апріорі невідомим розподілом.

Необхідно виконати пошук об'єкта y_n спрямуванням матеріальної точки x_n^s у точку з координатами y_n.

Пошук динамічного об'єкта будемо здійснювати за допомогою $k > 1$ керованих випадкових процесів $\{x_n^s\}$, $s = 1,2,...k$, породжених генетичним методом.

Керування випадковими процесами $\{x_n^s\}$ спрямоване на мінімізацію поточних відстаней (1) до шуканого об'єкта.

Ефективність керування визначається функціями середньої відстані між фронтами випадкових процесів x_n^s та y_n:

$$\Phi_n^s = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \xi_i^s . \tag{2}$$

Мета керування випадковими процесами $\{x_n^s\}$ полягає у мінімізації функцій середніх відстаней у часі:

$$\overline{\lim_{n \to \infty}} \Phi_n^s \to \min .$$

Генетичний метод розв'язування задачі. Генетичні методи будуються на основі моделювання еволюції природного відбору та застосування генетичних операторів. Для опису методів використовується термінологія, запозичена з генетики та математики. Класичний генетичний метод складається з таких етапів: імовірнісне формування батьківського пулу хромосом (найкращих розв'язків), схрещування та мутація хромосом, детермінований відбір хромосом для формування нових наближень до оптимуму.

Для застосування генетичного методу виконаємо такі підготовчі дії. Поточні координати часових фронтів кожного процесу визначимо у вигляді векторів:

$$x_n^s = (x_n^{s1}, x_n^{s2}, \ldots, x_n^{sm}),$$

де $x_n^{si} = x^i$, $i = 1,2,\ldots,m$. Елементи x_n^{si} кожного вектора x_n^s запишемо у двійковому коді

$$x^i = (a_{L_i-1}^i, a_{L_i-2}^i, a_1^i, a_0^i). \qquad (3)$$

Елементи $a_j^i \in \{0,1\}$ називаються генами. Кількість генів, необхідних для кодування i-ї координати визначається з умови:

$$L_i = \min\left(J \middle| x(N_i) \le \sum_{j=0}^{J} w_j \right),$$

де $w_j > 0$ – вага j-го розряду.

Сукупність $L = \sum_{i=1}^{m} L_i$ генів, що є двійковим записом координати x_n^s, називається хромосомою s-го процесу. Поведінка випадкових процесів $\{x_n^s\}$ керується взаємним перетворенням популяції із k хромосом (s=1,2,…,k).

Багатовимірність пошукового простору робить можливим розпаралелювання генетичного методу, яке полягає у виділенні окремих незалежних популяцій хромосом по кожному координатному напрямку. Будемо вважати, що вектор x_n^s не є цілісною хромосомою, а складається з m окремих хромосом x_n^{si} ($i = 1,2,\ldots,m$), кожна з яких містить L_i генів. Тоді множина $\{x_n^{si}\}$, s=1,2,...,k при фіксованому 'i' утворює поточну популяцію із k хромосом, які визначають зміщення випадкових процесів по i-му координатному напрямку. У результаті кількість популяцій хромосом дорівнює m, а загальна кількість хромосом зростає від k до $K = m * k$ при збереженні їх сумарної довжини. При розпаралелюванні хід випадкових процесів $\{x_n^s\}$ керується окремим незалежним перетворенням кожної із m популяцій хромосом.

Спочатку, на першому етапі, здійснюється ініціалізація генетичного методу. Для цього задається чисельність популяцій (однакова по усіх координатних напрямках) та формується випадкова двійкова структура хромосом.

Після визначення популяцій на першому етапі генетичного методу обчислюються значення фенотипу кожної хромосоми та функції фітнесу.

Фенотип є значенням хромосоми, яке обчислюється на основі її генної структури (3):

$$x_n^{si} = \sum_{j=0}^{L_i-1} a_j^i w_j, \; i = 1,2,\ldots,m.$$

Функція фітнесу інакше називається функцією відповідності або функцією мети. Вона визначає поточну ефективність ходу еволюції. Для сформульованої задачі, враховуючи розпаралелювання методу, функція фітнесу є поточною відстанню між фронтами випадкових процесів x_n^s та y_n по i-му координатному напрямку:

$$\xi_n^{si} = | x_n^{si} - y_n^i | .$$

На другому етапі генетичного методу відбувається випадкове формування m батьківських пулів хромосом. Розмір П кожного пулу визначається імовірністю схрещування p_c:

$\Pi = kp_c$.

Відбір хромосом в i-й батьківський пул здійснюється з імовірностями

$$p_n^{si} = \sum_{j \neq s}^{k} (\xi_n^{ji} + c) \Bigg/ \left((k-1) \sum_{j=1}^{k} (\xi_n^{ji} + c) \right), \; s = 1,2,...,k,$$

де $c = const$, $c > 0$. Чим менше значення функції фітнесу (для задачі пошуку мінімуму), тим більша імовірність включення відповідної хромосоми у батьківський пул. В результаті відбору одна хромосома може потрапити у батьківський пул декілька разів.

Порядкові номери хромосом $x_n^{\pi i}$, відібраних у i-й батьківський пул, визначаються так:

$$\pi = \left(j \middle| \min_j \sum_{i=1}^{j} p_n^{si} \geq \omega, j = 1,2,...,k \right),$$

де $\omega \in [0,1)$ – рівномірно розподілене випадкове число, $\pi = 1,2,...,\Pi$.

На третьому етапі хромосоми об'єднуються у випадкові пари у межах одного пулу для схрещування. Нехай x_n^{gi} та x_n^{hi} $(g,h \leq k,\ g \neq h)$ – дві хромосоми i-ї популяції, що мають вигляд:

$$x_n^{gi} = (a_{L_i-1}^{gi}, a_{L_i-2}^{gi}, ..., a_{l_i+1}^{gi}, a_{l_i}^{gi}, a_{l_i-1}^{gi}, ..., a_1^{gi}, a_0^{gi}),$$
$$x_n^{hi} = (a_{L_i-1}^{hi}, a_{L_i-2}^{hi}, ..., a_{l_i+1}^{hi}, a_{l_i}^{hi}, a_{l_i-1}^{hi}, ..., a_1^{hi}, a_0^{hi}).$$

Місце схрещування визначається як ціле рівномірно розподілене випадкове число l_i з діапазона $[0, L_i - 1]$. Після обміну хромосоми матимуть вигляд:

$$x_n^{gi} = (a_{L_i-1}^{gi}, a_{L_i-2}^{gi}, ..., a_{l_i+1}^{gi}, a_{l_i}^{hi}, a_{l_i-1}^{hi}, ..., a_1^{hi}, a_0^{hi}),$$
$$x_n^{hi} = (a_{L_i-1}^{hi}, a_{L_i-2}^{hi}, ..., a_{l_i+1}^{hi}, a_{l_i}^{gi}, a_{l_i-1}^{gi}, ..., a_1^{gi}, a_0^{gi}).$$

Номери g, h та місце l_i схрещування хромосом можуть бути різними по кожному координатному напрямку. У результаті схрещування цілісні координати точки x_n^s будуть сформовані із частин ланцюжків генів усіх інших точок $j = 1,2,...,k$, $j \neq s$. Фактично цей спосіб реалізує специфічне багатоточкове схрещування різних пар хромосом.

На четвертому етапі здійснюється мутація генів хромосом з імовірністю p_m. Мутація полягає у зміні двійкового значення гена на протилежне.

П'ятий етап полягає у злитті модифікованого операціями схрещування та мутації i-го батьківського пулу $\{x_n^{\pi i}\}$ з i-ю поточною популяцією хромосом $\{x_n^{si}\}$ з наступною детермінованою селекцією найкращих хромосом. Для цього після злиття відбувається

сортування хромосом по зростанню значення функції фітнесу. Перші k хромосом (для задачі на мінімум) утворюють нову i-ту популяцію хромосом $\{x_{n+1}^{si}\}$, $s = 1,2,...,k$, $i = 1,2,...m$.

Етапи 1 – 5 генетичного методу виконуються ітеративно до виконання однієї з умов:

1) абсолютне відхилення усіх процесів x_n^{si}, $s = 1,2,...,k$ від значень координат y_n^i по кожному $i = 1,2,...m$ не перевищує величини $r \geq 0$, тобто $\xi_n^{si} \leq r$; 2) для кожного $i = 1,2,...m$ абсолютне відхилення хоча б одного із процесів x_n^{si}, $s = 1,2,...,k$ від значення y_n^i задовольняє умову: $\xi_n^{si} \leq r$; 3) середня у часі відстань від усіх процесів x_n^{si}, $s = 1,2,...,k$, $i = 1,2,...m$ до точок y_n^i не перевищує заданої: $\Phi_n^{si} \leq r$. Значення Φ_n^{si} обчислюється згідно з (2), де $\xi_t^s = \xi_t^{si}$; 4) для кожного $i = 1,2,...m$ хоча б для одного процесу x_n^{si}, $s = 1,2,...,k$ середня у часі відстань до точок y_n^i не перевищує заданого значення: $\Phi_n^{si} \leq r$; 5) кількість кроків генетичного методу перевищила задану: $n > n_{max}$.

Перевірку виконання умови закінчення роботи генетичного методу доцільно виконувати після етапу 1.

Результати комп'ютерного моделювання. Побудуємо програмну модель пошуку об'єкта y_n генетичним методом з розпаралелюванням за допомогою випадкових процесів $\{x_n^{si}\}$, $s = 1,2,...,k$, $i = 1,2,...m$. Нехай координати об'єкта y_n є випадковим процесом з нормальним розподілом $y_n \sim N(m_y, d_y)$, де $m_y \in X$ ($m_y = const$) – математичне сподівання, $d_y \in R_+^m$ – дисперсія. Вид та параметри розподілу випадкового процесу y_n апріорі не відомі для системи керування процесами $\{x_n^{si}\}$. Для усіх експериментів значення елементів математичного сподівання дорівнює $m_y = (7,1,3,1,7)$ для 5-вимірного пошукового простору. При зменшенні кількості вимірів береться $m < 5$ перших елементів вектора m_y.

Дослідження генетичного методу виконаємо при зміні його параметрів (m, N, k, p_m, p_c, d_y), де m – кількість вимірів пошукового простору, N – ширина пошукового простору, k – кількість хромосом в i-й популяції ($i = 1,2,...,m$), p_m – імовірність мутації генів, p_c – імовірність схрещування хромосом, d_y – дисперсія процесу y_n.

Прийнято, що ширина пошукового простору є однаковою по усіх вимірах $N_i = N, i = 1,2,...,m$. Двійкове кодування координат процесів $\{x_n^{si}\}$ виконано із вагами розрядів $w_j = 2^j$ ($j = 0,1,2,...,L_i - 1$). Початкові наближення $\{x_0^{si}\}$ керованих процесів задаються випадково у межах пошукового простору X.

Ефективність генетичного методу визначається кількістю кроків, необхідних для розв'язування пошукової задачі. Достовірність результатів моделювання забезпечується усереднення кількості кроків по h=100 реалізаціях випадкового процесу:

$$\bar{n} = h^{-1} \sum_{j=1}^{h} n_{out}(j),$$

де $n_{out}(j)$ – кількість кроків j-го експерименту на момент зупинки роботи методу, яка визначається з виконання умови

$$\forall i = 1,2,...,m \ \exists s = 1,2,...,k : \xi_n^{si} = 0 .$$

Аналіз ефективності генетичного методу з розпаралелюванням здійснюється порівнянно з генетичним методом з одноточковим схрещуванням та методом рівноімовірного вибору варіантів.

Генетичний метод з одноточковим схрещуванням не реалізує розпаралелювання. Кількість хромосом у популяції дорівнює $k \geq 2$. Кожна хромосома складається з L=k*m генів. У батьківський пул відбирається $\Pi = kp_c$ хромосом. Місце схрещування пар хромосом є випадковим рівномірно розподіленим числом, яке набуває значення з інтервалу [0, L-1]. Мутація генів схрещених хромосом здійснюється з імовірністю p_m. Після схрещування та мутації відбувається злиття хромосом батьківського пулу та поточної популяції в один масив, з якого здійснюється детермінована селекція k хромосом нової популяції з найкращими значеннями функції фітнесу.

Метод рівноімовірного пошуку здійснює вибір кожної із точок дискретного простору X з однаковою імовірністю $p^j = 1/V;\ V = \prod_{i=1}^{m} N_i;\ j = 1,2,...,V$. Метод зупиняє роботу при перетині траєкторій процесів x_n та y_n.

Стовпчикова діаграма, зображена на рис. 1, показує залежність середньої кількості кроків генетичних методів $\bar{n}$ від кількості вимірів пошукового простору m та дисперсії d_y. Для усіх варіантів експерименту ширина пошукового простору $N = 10$, чисельність популяції хромосом k=8, імовірність мутації $p_m = 0.01$, імовірність схрещування $p_c = 0.9$. Зображення діаграм згруповані для однакових значень дисперсій, причому лівий ряд відповідає генетичному методу з розпаралелюванням, а правий – методу з одноточковим схрещуванням. З рис. 1 видно, що метод з розпаралелюванням є ефективнішим від методу з одноточковим схрещуванням. Зростання кількості вимірів та дисперсії призводить до зростання середньої кількості пошукових кроків обох генетичних методів.

Рис. 1. *Діаграма середньої кількості кроків генетичних методів при* $p_m = 0.01$

У табл. 1 наведено числові дані, що відповідають рис. 1. Поряд з результатами роботи генетичного методу з розпаралелюванням наведено результати роботи генетичного методу з одноточковим схрещуванням, а у табл. 2 - методу рівноімовірного вибору станів.

Таблиця 1

Середня кількість кроків розв'язування пошукової задачі генетичними методами при $p_m = 0.01$

Кількість вимірів, m	**Генетичний метод з розпаралелюванням**		**Генетичний метод з одноточковим схрещуванням**	
	$d_y = 1$	$d_y = 10$	$d_y = 1$	$d_y = 10$
1	2	2	2	2
2	3	12	10	23
3	19	79	33	162
4	23	277	89	495
5	91	1764	266	3609

Таблиця 2

Середня кількість кроків розв'язування пошукової задачі методом рівноімовірного вибору станів

Кількість вимірів, m	**Метод рівноімовірного вибору станів**		
	$d_y = 0$	$d_y = 1$	$d_y = 10$
1	9	10	12
2	104	98	90
3	961	854	996
4	10095	10909	10943
5	102478	105911	93440

Сірим фоном відмічено варіанти генетичного методу з розпаралелюванням, які забезпечують розв'язування пошукової задачі за середню кількість кроків, меншу, ніж метод рівноімовірного вибору станів.

Жирними рамками виділено варіанти генетичного методу з розпаралелюванням, кращі від варіантів генетичного методу з одноточковим схрещуванням, отриманих при тих же значеннях параметрів.

Як видно із табл. 1 та 2, для заданих параметрів генетичний метод з розпаралелюванням по усіх варіантах переважає метод рівноімовірного вибору станів та генетичний метод з одноточковим схрещуванням. Для одновимірного простору результати роботи обох генетичних методів співпадають.

Для заданих значень параметрів розглянуті генетичні методи не забезпечують розв'язування задачі пошуку детермінованого об'єкта (при значенні дисперсії переміщення $d_y = 0$). Результати моделювання показують, що в цьому випадку генетичні методи формують вироджені популяції хромосом з однаковою генною структурою, які є стійкими до незначної мутації генів. Для забезпечення працездатності генетичного методу з розпаралелюванням при $d_y = 0$ необхідно дещо збільшити імовірність мутації.

На рис. 2 зображено залежність середньої кількості кроків генетичного методу з розпаралелюванням від кількості вимірів пошукового простору m та дисперсії d_y при значенні імовірності мутації $p_m = 0.1$. Зростання імовірності мутації до значення 0.1 призвело до покращення роботи генетичного методу. Так, цей метод забезпечує розв'язування пошукової задачі і при нульовій дисперсії. З рис. 2 видно, що мінімальна кількість кроків генетичного методу забезпечується при незначній дисперсії $d_y = 1$.

Рис. 2. *Діаграма середньої кількості кроків генетичних методів при* $p_m = 0.1$

У табл. 3 наведено результати пошуку об'єкта y_n за допомогою генетичного методу з розпаралелюванням для значень параметрів, що відповідають рис. 2.

Таблиця 3

Середня кількість кроків розв'язування пошукової задачі генетичними методами при $p_m = 0.1$

Кількість вимірів, m	**Генетичний метод з розпаралелюванням**			**Генетичний метод з одноточковим схрещуванням**		
	$d_y = 0$	$d_y = 1$	$d_y = 10$	$d_y = 0$	$d_y = 1$	$d_y = 10$
1	46	2	2	46	2	2
2	56	2	3	123	6	8
3	48	4	6	158	16	65
4	59	5	14	238	35	258
5	80	7	53	755	111	2187

Порівнюючи табл. 1 та 3, знаходимо, що зростання імовірності мутації з 0.01 до 0.1 призвело до зменшення кількості пошукових кроків. Причиною цього є те, що при зростанні імовірності мутації генів відбувається внесення у роботу генетичних методів додаткової випадкової складової. Зменшення кількості пошукових кроків забезпечується за рахунок можливостей випадкового пошуку.

Результатом зростання дисперсії d_y від 0 до 1 є зменшення кількості пошукових кроків генетичних методів (табл. 3). Це пояснюється внесенням у генетичні методи малоамплітудної випадкової складової, що призводить до зростання імовірності локалізації розв'язків пошукової задачі. При подальшому зростанні дисперсії, наприклад до значення $d_y = 10$, та при зростанні розмірності пошукового простору спостерігається погіршення ефективності генетичних методів. Локалізація високоамплітудного випадкового процесу вимагає більшої кількості пошукових кроків, особливо, у просторі з великою кількістю станів.

Детальніша залежність генетичних методів від дисперсії процесу y_n при m=2, N=10, k=8, $p_m = 0.1$, $p_c = 0.9$ зображена на рис. 3, а відповідні числові значення середньої кількості кроків подані у табл. 4.

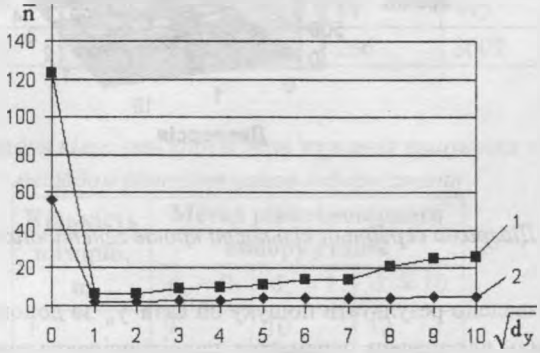

Рис. 3. Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від дисперсії: 1 – з одноточковим схрещуванням; 2 – з розпаралелюванням

Таблиця 4

Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від дисперсії

$\sqrt{d_y}$	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
$ГМ_m$	**56**	**2**	**2**	**3**	**3**	**4**	**4**	**4**	**4**	**5**	**5**
$ГМ_1$	123	6	6	9	10	11	14	14	21	25	26

Примітки: $ГМ_m$ – генетичний метод з розпаралелюванням; $ГМ_1$ – генетичний метод з одноточковим схрещуванням

Залежність середньої кількості кроків генетичного методу з розпаралелюванням від імовірності мутації зображено у логарифмічному масштабі на рис. 4, а відповідні числові дані наведено у табл. 5. Результати отримано для таких значень параметрів методу: m=2, N=10, k=8, $p_c = 0.9$, $d_y \in \{0,1,10\}$.

Рис. 4. *Вплив імовірності мутації генів на ефективність роботи генетичного методу з розпаралелюванням*

Таблиця 5

Залежність середньої кількості кроків генетичного методу з розпаралелюванням від імовірності мутації

p_m	0.001	0.01	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	0.99	0.999
$d_y = 0$	–	–	**56**	**4**	**2**	**2**	**2**	**2**	**3**	**4**	**11**	929	–
$d_y = 1$	**7**	**3**	**2**	**2**	**2**	**2**	**2**	**2**	**2**	**2**	**2**	**3**	**10**
$d_y = 10$	**20**	**12**	**3**	**3**	**2**	**2**	**2**	**2**	**2**	**2**	**3**	**4**	**4**

Метод забезпечує розв'язування пошукової задачі за мінімальну кількість кроків при значеннях імовірності мутації $p_m \in [0.3; 0.6]$. При наближенні імовірності мутації до 0 та до 1 спостерігається різке зростання середньої кількості пошукових кроків, особливо при $d_y = 0$.

Графіки залежності середньої кількості кроків генетичного методу з розпаралелюванням від імовірності схрещування зображені на рис. 5 для значень параметрів m=2, N=10, k=8, $p_m = 0.1$, $d_y \in \{0,1,10\}$. Відповідні числові дані подані у табл. 6. Генетичний метод не працює при нульовій імовірності схрещування хромосом, оскільки при цьому не формується батьківський пул і не відбувається мутація генів. Зростання імовірності схрещування призводить до сходинкового зменшення середньої кількості пошукових кроків. При нульовій дисперсії залежність має ділянку мінімуму, звідки для заданих значень параметрів можна визначити оптимальний розмір батьківського пулу. При k=8 у батьківський пул відбирається 4 – 6 хромосом.

Рис. 5. *Вплив імовірності схрещування хромосом на ефективність роботи генетичного методу з розпаралелюванням*

Таблиця 6

Залежність середньої кількості кроків генетичного методу з розпаралелюванням від імовірності схрещування

p_c	0	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1
$d_y = 0$	–	169	169	112	112	112	39	39	56	56	56
$d_y = 1$	–	4	4	3	3	3	3	3	2	2	2
$d_y = 10$	–	5	5	5	5	5	3	3	3	3	3

Вплив ширини пошукового простору на роботу генетичного методу з розпаралелюванням для значень параметрів m=2, k=8, $p_m = 0.1$, $p_c = 0.9$, $d_y \in \{0,1,10\}$ показано у вигляді графіків на рис. 6, а відповідні числові дані наведені у табл. 7. Розширення пошукового простору при фіксованій кількості вимірів призводить до зростання середньої кількості кроків.

Рис. 6. *Вплив ширини пошукового простору на ефективність генетичного методу з розпаралелюванням*

Таблиця 7

Залежність середньої кількості кроків генетичного методу з розпаралелюванням від ширини пошукового простору

N	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
$d_y = 0$	56	61	80	117	122	178	169	107	183	128
$d_y = 1$	2	4	5	5	8	6	7	8	8	9
$d_y = 10$	3	5	5	8	7	7	9	8	8	9

Основне покращання ефективності генетичних методів досягається за рахунок зростання чисельності популяції хромосом, що показано на рис. 7 та у табл. 8 для таких значень параметрів генетичного методу з розпаралелюванням: m=2, N=10, $p_c = 0.9$, $p_m = 0.1$, $d_y \in \{0,1,10\}$.

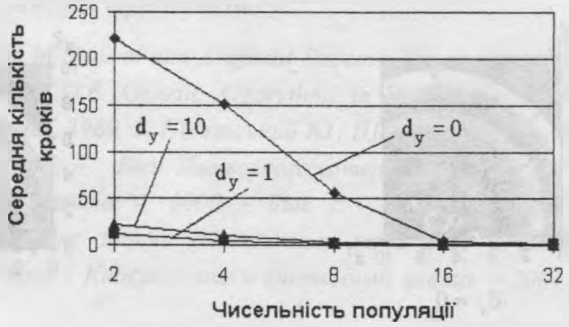

Рис. 7. *Вплив чисельності популяції хромосом на ефективність генетичного методу з розпаралелюванням*

Таблиця 8

Залежність середньої кількості кроків генетичного методу з розпаралелюванням від чисельності популяції хромосом

Чисельність популяції хромосом, k	Генетичний метод з розпаралелюванням			Генетичний метод з одноточковим схрещуванням		
	$d_y = 0$	$d_y = 1$	$d_y = 10$	$d_y = 0$	$d_y = 1$	$d_y = 10$
2	221	12	21	274	16	29
4	151	5	10	352	10	16
8	56	2	3	123	6	8
16	5	1	1	29	3	5
32	1	1	1	3	2	3

Як видно з табл. 8, зростання популяції хромосом призводить до зменшення середньої кількості кроків, необхідних для розв'язування пошукової задачі. Генетичний метод з розпаралелюванням по усіх досліджених варіантах зберігає свої переваги над генетичним методом з одноточковим схрещуванням та за більшістю варіантів є кращим від методу рівноімовірного пошуку. У пошуковому просторі зі 100 станами популяція з k=32 хромосом при імовірності мутації $p_m = 0.1$ забезпечує локалізацію об'єкта y_n у середньому за 1 крок.

Графіки траєкторій випадкових процесів $\{x_n^s\}$, породжених генетичним методом з розпаралелюванням, показані на рис. 9. Вигляд функції фітнесу при значенні дисперсії $d_y = 0$ зображено лініями рівня. При дисперсії $d_y = 1$ функція фітнесу динамічно змінюється у моменти часу n=1,2,... . Кожна із траєкторій випадкових процесів $\{x_n^s\}$ складається з $n = 10^4$ кроків. Невелика кількість ліній, зображених на рис. 9 при $d_y = 0$, показує, що k=8 випадкових процесів $\{x_n^s\}$ не виходять з точки оптимального розв'язку. При збільшенні значення дисперсії траєкторії випадкових процесів $\{x_n^s\}$ групуються в області математичного сподівання координат шуканого об'єкта y_n.

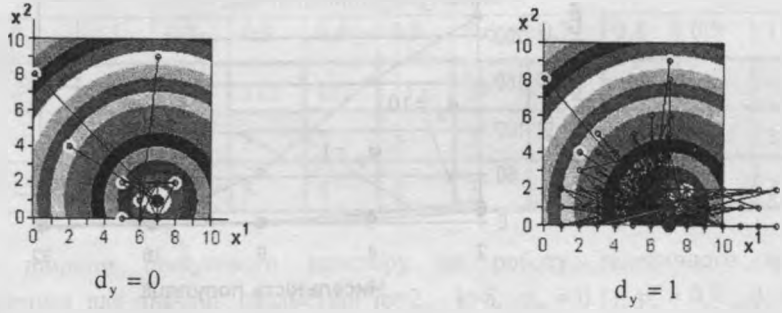

Рис. 9. *Траєкторії процесів* $\{x_n^s\}$, *породжені генетичним методом з розпаралелюванням (*$n = 10^4$ *кроків)*

Реалізації генетичного методу з розпаралелюванням є стійкою до мутації генів, що видно з рис. 8. Графіки усереднених у часі функцій виграшів (2) отримано для таких значень параметрів генетичного методу: m=2, N=10, k=8, $p_c = 0.9$, $p_m = \{0.1;\ 0.9\}$, $d_y \in \{0,1\}$.

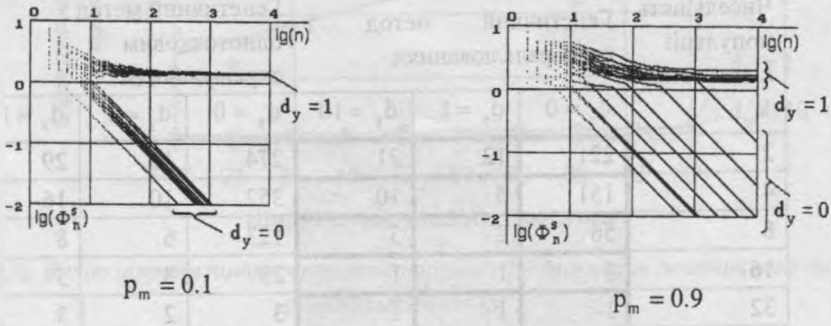

Рис. 8. *Поведінка усереднених у часі функцій фітнесу*

Результати моделювання показують, що для заданої функції фітнесу стійкість методу зберігається при зростанні імовірності мутації до значення $p_m = 0.9$. Випадкові процеси $\{x_n^s\}$ збігаються до точки оптимального розв'язку і мутація генів не призводить до їх виходу з цієї точки. При $d_y = 0$ графіки функцій спадають, а при $d_y = 1$ збігаються до константних значень, що свідчить про перебування траєкторій процесів $\{x_n^s\}$ у точці оптимального розв'язку.

Висновки. Для досліджених значень параметрів генетичний метод з розпаралелюванням забезпечує зменшення середньої кількості пошукових кроків у 2 – 40 разів (див. табл. 3) порівнянно з генетичним методом з одноточковим схрещуванням (без розпаралелювання). Конкретна кількість пошукових кроків залежить від розмірності пошукового простору, чисельності популяції хромосом, імовірностей схрещування, мутації та дисперсії функції фітнесу. Оптимальні значення параметрів генетичного методу залежать від характеристик пошукового простору і підбираються експериментально. Найбільший вплив на ефективність генетичних методів мають імовірність мутації генів, чисельність популяції хромосом та дисперсія функції фітнесу.

Holland J.H. Adaptation in Natural and Artificial Systems. University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975. 2. Goldberg D.E. Genetic Algorythms in Search, Optimization and Mashine Learning. – Addison-Vesley, 1989. 3. Нікольський Ю., Щербина Ю. Генетичні алгоритми в екстремальних задачах // Вісн. Львівського університету. – Сер. прикладна математика та інформатика. – 2000. – Вип. 2. – С. 197 – 208. 4. Ротштейн А.П., Ракитянская А.Б. Решение задачи диагностики на основе нечетких отношений и генетического алгоритма // Кибернетика и системный анализ. – 2001. – № 6. – С. 162–170.