

# Метод комплексного генетичного алгоритму оптимізації систем з об'єднаними параметрами

П.С. Швець<sup>1</sup>, О.Л. Становський<sup>1</sup>, Д.А. Монова<sup>1</sup>

*Summary* – The method of the multi-purpose problems decision of multiextreme functions optimization with the generalized arguments by means of complex genetic algorithm is offered.

*Key words* – genetic algorithm, optimization, generalized arguments, multiextreme functions, star-shaped chromosome.

## I. ВСТУП

Еволюційні методи оптимізації неперервно розвиваються. Зокрема, з'являються нові різновиди класичного генетичного алгоритму (ГА), які дозволяють вирішувати завдання пошуку багатомірного оптимуму швидше й ефективніше. Значну роль у цьому розвитку відіграють і самі об'єкти оптимізації, специфіка яких вимагає від ГА нових можливостей. Запропоновано комплексний генетичний алгоритм (КГА), призначений для використання в завданнях багатоцільової оптимізації багатоекстремальних функцій з узагальненими аргументами.

## II. ОСНОВНА ЧАСТИНА

Розглянемо деяку систему, що складається із двох підсистем, які описуються багатоекстремальними рівняннями:

$$z_1 = z_1(x_1, y_1); \quad (1)$$

$$z_2 = z_2(x_2, y_2), \quad (2)$$

де  $x_1, y_1, x_2, y_2$  – параметри системи,  $z_1, z_2$  – цільові функції її життєвого циклу.

Сформулюємо проблему розв'язку завдання багатоцільової оптимізації такої системи:

$$P^* = P(z_1^*, z_2^*) = \max P[x_1, y_1, x_2, y_2], \quad (3)$$

де  $P$  – комплексна цільова функція,  $x_{1\min} \leq x_1 \leq x_{1\max}$ ;  $x_{2\min} \leq x_2 \leq x_{2\max}$ ;  $y_{1\min} \leq y_1 \leq y_{1\max}$ ;  $y_{2\min} \leq y_2 \leq y_{2\max}$ . У цьому випадку функція  $P$  є, по суті, згортою компонент багатоцільового показника якості  $P\{z_1, z_2\}$  і перетворює сукупність таких компонентів у скалярний цільовий показник [3].

Якщо в завданні (3)  $x_1$  і  $x_2$ , а також  $y_1$  і  $y_2$  попарно незалежні або, навпаки, рівні між собою, то його розв'язок при відомій функції  $P$  тривіальний і може бути легко виконаний за допомогою ГА.

Проблема виникає в тому випадку, коли, наприклад,  $x_1$  і  $x_2$  незалежні, а  $y_1 = y_2 = y$ . Тоді завдання (3) зводиться до:

$$P^* = \max P[x_1, x_2, y], \quad (4)$$

а класичний ГА стає непридатним для його розв'язання через відсутність символічних моделей такої системи та операторів для їхнього перетворення в ГА.

Особливістю об'єктів, описуваних виразом (4), є одночасна наявність наступних властивостей:

- цільових функцій більше однієї;
- функції багатоекстремальні;
- частина аргументів у функцій узагальнені.

Геометричне двоточкове представлення області аргументів фенотипу (4) наведено на рис. 1. Особина А, відповідно до виразу (4), має два аргументи  $x_1$  та  $x_2$  і один узагальнений аргумент  $y$ .

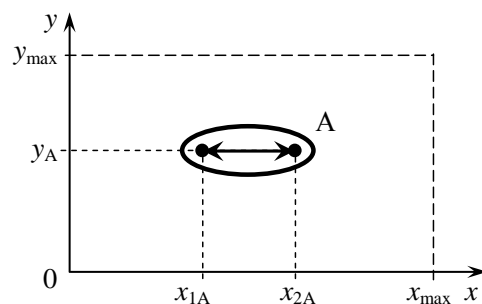


Рис. 1. Геометричне представлення області аргументів фенотипу в КГА.

Як відомо, ГА, завдяки своїм властивостям, є ідеальним інструментом для оптимізації багатоекстремальних функцій, у яких диференційованість, неперервність, задоволення умові Гельдера (у тому числі, ліпшицьованість функції) не є необхідною властивістю; крім того, цільова функція може взагалі не існувати за межами припустимої області, а в її межах мати декілька глобальних екстремумів [1, 2]. У рамках цього алгоритму об'єкт на генетичному рівні моделюється хромосомою, яка є лінійною послідовністю бітових символів [3]. Наявність у фенотипі об'єкта декількох цільових функцій призводить на рівні генотипу до появи "паралельних" хромосом. Однак для цільових функцій з узагальненими аргументами такі хромосоми не годяться.

КГА, так само, як і класичний ГА, починається з введення початкових даних. Оскільки цільових функцій більше, ніж одна, всі вони повинні бути відомі (наприклад, в результаті експерименту) до початку роботи КГА.

Далі починається підготовчий період. Відмінність його від ГА у двох компонентах:

- спочатку розраховуються цільові функції для всієї популяції, а потім їх значення перераховуються в значення функції згортки  $P$ ;
- у новому методі символічними моделями об'єкта є

<sup>1</sup> Одеський національний політехнічний університет, просп. Шевченка, 1, Одеса, 65044, УКРАЇНА, E-mail: stanovsky@mail.ru

особливі, комплексні зіркоподібні хромосоми.

Усього зіркоподібних хромосом, створення символічного представлення яких зображено на рис. 2, формується  $N$  – по кількості особин-батьків нульового покоління.

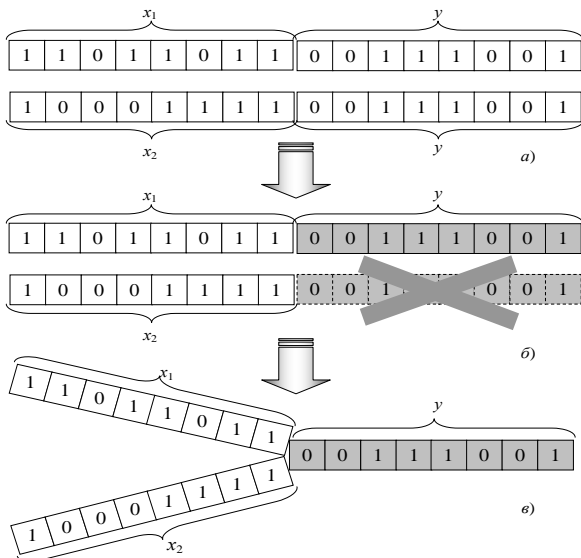


Рис. 2. Схема формування зіркоподібної хромосоми з узагальненим параметром:

- а – формування двох хромосом окремих підсистем;
- б – виключення повторюваного в обох хромосомах гена;
- в – зіркоподібна конкатенація індивідуальних і узагальненого генів.

Реальний процес оптимізації за допомогою КГА може, природно, породжувати набагато складніші зіркоподібні хромосоми із великою кількістю променів довільної довжини.

Далі починається основна частина КГА, коли в циклі об'єкт проживає  $T$  епох до завершення процесу оптимізації. Протягом нульової епохи (номер епохи  $t = 0$ ;  $t \in T$ ) спочатку здійснюється схрещування, яке складається з чотирьох операторів: вибору пари, власне схрещування (кросовера), мутації та інверсії. Пари  $A_1$  і  $A_2$  підбираються для схрещування з  $N$  особин відповідно до налаштувань користувача (наприклад, випадково).

Механізм схрещування зіркоподібних хромосом особин  $A_1$  і  $A_2$  такий. Спочатку звичайним для ГА способом виконується оператор кросовера для узагальненої частини хромосом батьків. При цьому виходить узагальнена частина хромосоми нащадка.

Таким же чином схрещують окремо індивідуальні частини хромосом особин  $A_1$  і  $A_2$ . Конкатенацією отриманих фрагментів одержують нову повну зіркоподібну хромосому. До окремих її частин застосовують оператори мутації і (якщо необхідно) інверсії, після чого зіркоподібна хромосома нащадка отримана.

Потім  $N$  зіркоподібних хромосом батьків і  $N/2$  хромосом нащадків зазнають добору за величиною функції пристосованості  $P$ .

По закінченні добору з  $1,5 N$  особин залишають  $N$  кращих за значенням  $P$ , інші  $0,5 N$  знищуються (зтираються). На цьому поточна епоха процесу оптимізації завершується.

Критерієм загальної зупинки є відсутність збільшення всіх значень функції  $P$  для всіх особин поточної та передостанньої популяції після чергової епохи. Така зупинка вважається штатною для алгоритму, оскільки в цьому випадку він сходиться, сходиться на оптимумі і сходиться за прийнятний час.

Якщо алгоритм не сходиться, то необхідно змінювати налаштування користувача: наприклад, кількість особин у популяції, метод заселення області розв'язків на нульовому етапі, функцію пристосованості  $P$ , спосіб нормування аргументів, структуру та довжину хромосоми, метод добору пари; кількість і місце розташування точок схрещування, кількість і місце розташування точок, які піддалися мутації, необхідність і методику інверсії, критерії зупинки.

В якості об'єкта практичного застосування КГА вибрано технологічний процес одночасної механічної обробки двома різальними інструментами, які обертаються на одному валу, двох різних поверхонь деталі.

В якості аргументів виразів (1) і (2) у цьому випадку виступає кількість ріжучих зубців інструментів –  $x_1$  і  $x_2$ , відповідно, і узагальнена швидкість їх обертання  $y$ ; в якості цільових функцій  $z_1$  і  $z_2$  – шорсткості поверхонь після обробки.

Для умов, прийнятих при порівняльних випробуваннях методу, оптимальні значення  $x_1^* = 6$ ,  $x_2^* = 10$ ,  $y = 630$  об/хв знайдені методом добору за 2,3 години, за допомогою КГА – за 63 с машинного часу.

### III. ВИСНОВОК

Розроблений метод розв'язку багаточільових завдань оптимізації багатокритеріальних функцій з узагальненими аргументами за допомогою комплексного генетичного алгоритму. Практичні випробування методу на прикладі комплексної механічної обробки деталей показали його працездатність і технічну ефективність.

### СПИСОК ПОСИЛАНЬ

- [1] Гладков, Л.А. Биоинспирированные методы в оптимизации / Л.А. Гладков, В.В. Курейчик, В.М. Курейчик. – М: Физматлит, 2009. – 384 с.
- [2] Рутковская, Д. Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы / Д. Рутковская, М. Пилинский, Л.Рутковский. – М: Горячая линия-Телеком, 2008. – 452 с.
- [3] Ротштейн, А.П. Интеллектуальные технологии идентификации: нечеткие множества, генетические алгоритмы, нейронные сети / А.П. Ротштейн. – Винница: Универсум-Винница, 1999. – 320 с.