

4. Шпак З.Я. Синхронне з основним тоном збільшення часового масштабу мови // Вісник Державного університету "Львівська політехніка". – 1998. – №351. – С. 177 – 185.
5. Шпак З. Нормування тривалостей звуків у процесі сповільненого відтворення мовних повідомлень // Вісник Національного університету "Львівська політехніка". – 2001. – №433. – С. 266 – 271.

П. Кравець

Національний університет "Львівська політехніка"

УДК 519.6

ЕВОЛЮЦІЯ ВИПАДКОВОГО ПОШУКУ ГЕНЕТИЧНИМ МЕТОДОМ З КОДУВАННЯМ ГРЕЯ

© Кравець П., 2003

Досліджується ефективність системи кодування хромосом генетичного методу на прикладі розв'язування задачі пошуку об'єкта в умовах невизначеності.

The effectiveness of chromosomes coding system of a genetic method on an example of a task decision of search of object in conditions of uncertainty is investigated.

Вступ

Генетичні методи базуються на властивостях природної еволюції живих організмів, які полягають в ітеративній селекції кращих представників існуючої популяції, їх попарному схрещуванні та мутації. Такі методи використовуються для розв'язування екстремальних задач різного практичного призначення. Дослідження генетичних методів започатковано у роботах Холланда (Holland J.H.) та Гольдберга (Goldberg D.E.) [1, 2]. Інтенсивні сучасні дослідження генетичних методів ведуться в напрямках побудови систем розподіленої оптимізації, адаптації та навчання систем штучного інтелекту [3, 4].

Генетичні методи різної структури в основному досліджувалися для оптимізації детермінованих систем; малодослідженими є питання їх застосування для оптимізації стохастичних систем в умовах невизначеності.

Для практичних застосувань важливим є розроблення ефективних генетичних методів, які забезпечують досягнення оптимального розв'язку задачі за мінімально можливою кількістю кроків. Мінімізація кількості пошукових кроків забезпечується належним підбором параметрів генетичних методів, який здійснюється переважно в ході

експериментальних досліджень. Найбільший вплив на збіжність генетичних методів мають такі його параметри, як спосіб кодування хромосом, чисельність популяції хромосом, імовірності мутації та схрещування генів [5].

Вивчення впливу способу кодування хромосом на збіжність генетичних методів в умовах невизначеності є актуальною задачею, вирішенню якої присвячена ця стаття. Дослідження ефективності кодування хромосом генетичних методів виконано на прикладі розв'язування задачі пошуку динамічного об'єкта в умовах невизначеності. Порівнюються генетичні методи з використанням двійкового коду з вагами розрядів та коду Грея.

Формулювання задачі

Розглянемо схему колективного пошуку динамічного точкового об'єкта O за допомогою множини керованих елементів $A - D$, зображену на рис. 1. Нехай пошук відбувається в обмеженому евклідовому просторі $X = \bigotimes_{i=1}^m X^i \subset R^m$, $m \geq 1$, визначеному декар-

товим добутком дискретних станів $X^i = \{x^i(j) \mid j = 1, 2, \dots, N_i; x^i(j) < x^i(j+1)\}$. Об'єкт O з координатами $y_n \in X$ здійснює у дискретні моменти часу $n = 1, 2, \dots$ випадкові переміщення, які відслідковуються за допомогою множини керованих пошукових елементів.

Пошук об'єкта O здійснюється в умовах невизначеності, яка полягає у тому, що закон розподілу випадкового процесу y_n апіорі не відомий для пошукових елементів. Останні мають можливість визначати поточну відстань до об'єкта та обмінюватися між собою значеннями поточних координат для вироблення стратегії переміщення у наступний момент часу.

Поточна відстань до об'єкта від позиції пошукового елемента з координатами $x_n^s \in X$ визначається евклідовою нормою

$$\xi_n^s = \|x_n^s - y_n\|, \quad (1)$$

яка, із врахуванням попередніх припущень, є випадковою величиною з апіорі невідомим розподілом.

Обмін інформацією між пошуковими елементами здійснюється за повнозв'язною схемою.

Керування пошуковими елементами $\{x_n^s\}$ спрямоване на мінімізацію поточних відстаней (1) до шуканого об'єкта. Задача вважається розв'язаною, якщо хоча б один із пошукових елементів x_n^s наблизився до точки з координатами y_n на відстань $\xi_n^s \leq r$, де $r \geq 0$.

Ефективність керування визначається функціями середньої відстані від пошукового елемента з координатами x_n^s до об'єкта з координатами y_n :

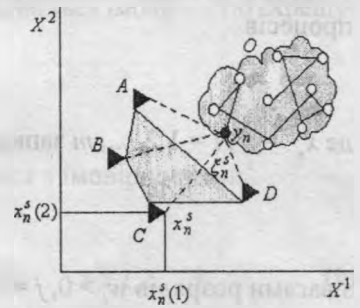


Рис. 1. Схема колективного пошуку об'єкта

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

Мета керування випадковими процесами $\{x_n^s\}$ полягає у мінімізації функцій середніх відстаней (2) у часі:

$$\overline{\lim}_{n \rightarrow \infty} \Phi_n^s \rightarrow \min.$$

Розв'язування задачі виконаємо за допомогою $k > 1$ керованих випадкових процесів $\{x_n^s\}$, $s = 1, 2, \dots, k$, породжених генетичним методом.

Генетичний метод розв'язування задачі

Для опису генетичних методів використовується термінологія, запозичена з генетики та математики. Класичний генетичний метод складається з таких етапів: імовірнісне формування батьківського пулу хромосом (найкращих поточних розв'язків), схрещування та мутація хромосом, детермінований відбір хромосом для формування нових наближень до оптимуму.

Реалізація вказаних етапів відбувається за допомогою відповідних макрооператорів. Оператори схрещування та мутації виконуються над операндами, зображеними у вигляді бітових ланцюжків. Для цього поточні координати керованих випадкових процесів

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

де $x_n^{si} = x^i$, $i = 1, 2, \dots, m$ запишемо у двійковому коді

$$x^{si} = (b_{L_i-1}^i, b_{L_i-2}^i, b_1^i, b_0^i), \quad (3)$$

з вагами розрядів $w_j > 0$, $j = 0, 1, 2, \dots, (L_i - 1)$.

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

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

Сукупність L_i генів, що є двійковим записом координати x_n^{si} , називається хромосомою i -ї координати s -го процесу.

Для керування процесами $\{x_n^s\}$ хромосоми об'єднуються у популяції. Нехай множина $\{x_n^{si}\}$, $s = 1, 2, \dots, k$ при фіксованому i утворює поточну популяцію із k хромосом, які визначають зміщення випадкових процесів по i -му координатному напрямку. Загальна кількість популяцій хромосом визначається кількістю вимірів пошукового простору m , а кількість хромосом у кожній із популяцій дорівнює k . Поведінка випадкових процесів $\{x_n^s\}$ у часі керується незалежним перетворенням кожної із m популяцій хромосом.

Після визначення популяцій на першому етапі генетичного методу визначається значення фенотипу хромосом, який є значенням поточних координат випадкових процесів $\{x_n^s\}$. Фенотип обчислюється на основі генної структури хромосом (3):

$$x_n^{si} = \sum_{j=0}^{L_i-1} b_j^i w_j, \quad i = 1, 2, \dots, m. \quad (4)$$

Розв'язування оптимізаційної задачі із заданою точністю досягається збільшенням довжини бітового ланцюжка. Якщо число x_n^s повинно набувати значення в інтервалі $[0, N_i]$, то для його зображення з точністю 10^{-6} довжина бітового ланцюжка L_i повинна задовольняти умову: $N_i \cdot 10^6 \leq 2^{L_i} - 1$. Нехай $z_n^s \leq 2^{L_i} - 1$ – поточне цілочисельне значення бітового ланцюжка. Тоді відповідне йому дійсне $x_n^s = N_i \cdot z_n^s / (2^{L_i} - 1)$.

На основі значень фенотипу обчислюється функція фітнесу, інакше – функція відповідності або функція мети. Вона визначає поточну ефективність ходу еволюції. Для сформульованої задачі функція фітнесу є поточною відстанню між фронтами випадкових процесів x_n^s та y_n за i -м координатним напрямком:

$$\xi_n^{si} = |x_n^{si} - y_n^i|. \quad (5)$$

На другому етапі генетичного методу відбувається випадкове формування m батьківських пулів хромосом. Розмір Π кожного пулу визначається імовірністю схрещування $p_c \in (0, 1]$:

$$\Pi = k p_c.$$

Відбір хромосом в i -й батьківський пул здійснюється з імовірностями

$$p_n^{si} = \sum_{j=s}^k (\xi_n^{ji} + c) / \left((k-1) \sum_{j=1}^k (\xi_n^{ji} + c) \right), \quad s = 1, 2, \dots, k, \quad (6)$$

де $c = \text{const}$, $c > 0$. Чим менше значення функції фітнесу (для задачі на мінімум), тим більша імовірність включення відповідної хромосоми у батьківський пул. У 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:

$$\pi = \left(j \mid \min_j \sum_{i=1}^j p_n^{si} \geq \omega, j = 1, 2, \dots, k \right), \quad (7)$$

де $\omega \in (0, 1]$ – рівномірно розподілене випадкове число, $\pi = 1, 2, \dots, \Pi$.

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

$$\begin{aligned}x_n^{gi} &= (b_{L_i-1}^{gi}, b_{L_i-2}^{gi}, \dots, b_{l_i+1}^{gi}, b_{l_i}^{gi}, b_{l_i-1}^{gi}, \dots, b_1^{gi}, b_0^{gi}); \\x_n^{hi} &= (b_{L_i-1}^{hi}, b_{L_i-2}^{hi}, \dots, b_{l_i+1}^{hi}, b_{l_i}^{hi}, b_{l_i-1}^{hi}, \dots, b_1^{hi}, b_0^{hi}).\end{aligned}\quad (8)$$

Місце схрещування визначається як ціле рівномірно розподілене випадкове число l_i з діапазону $\{0, L_i - 1\}$. Після обміну хромосоми матимуть вигляд:

$$\begin{aligned}x_n^{gi} &= (b_{L_i-1}^{gi}, b_{L_i-2}^{gi}, \dots, b_{l_i+1}^{gi}, b_{l_i}^{hi}, b_{l_i-1}^{hi}, \dots, b_1^{hi}, b_0^{hi}); \\x_n^{hi} &= (b_{L_i-1}^{hi}, b_{L_i-2}^{hi}, \dots, b_{l_i+1}^{hi}, b_{l_i}^{gi}, b_{l_i-1}^{gi}, \dots, b_1^{gi}, b_0^{gi}).\end{aligned}\quad (9)$$

Номери g, h та місце l_i схрещування хромосом можуть бути різними за кожним координатним напрямком. У результаті схрещування цілісні координати точки x_n^{gi} будуть сформовані із частин ланцюжків генів усіх інших точок $j = 1, 2, \dots, k, j \neq s$. Запропонований спосіб реалізує специфічне багатоточкове схрещування різних пар хромосом.

Таблиця 1

Чотири розрядні коди та кодові відстані

Десять-кове число	Двійковий код				Код Грея					
	b_3	b_2	b_1	b_0	КВ	g_3	g_2	g_1	g_0	КВ
0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	1
1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1
2	0	0	1	0	2	0	0	1	1	1
3	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1
4	0	1	0	0	3	0	1	1	0	1
5	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1
6	0	1	1	0	2	0	1	0	1	1
7	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1
8	1	0	0	0	4	1	1	0	0	1
9	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1
10	1	0	1	0	2	1	1	1	1	1
11	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1
12	1	1	0	0	3	1	0	1	0	1
13	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1
14	1	1	1	0	2	1	0	0	1	1
15	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1

Для двійкового кодування з вагами розрядів $2^j, j = 0, 1, 2, \dots$, кодова відстань є нерівномірною. Особливістю коду Грея є однакова кодова відстань, що дорівнює 1, між кожними двома послідовними кодами. Зображення двійкового коду, коду Грея та їх кодових відстаней (КВ) для загорнутих у кільце 4-розрядних значень наведені у табл. 1.

Перетворення L -розрядного двійкового коду у код Грея виконується так:

$$g_i = b_{i+1} \oplus b_i, \quad 0 \leq i \leq L-2, \quad g_{L-1} = b_{L-1}, \quad (10)$$

де \oplus – операція "сума за модулем 2".

Зворотне перетворення розрядного коду Грея у двійковий код буде таким:

$$b_i = g_i \oplus \left(\sum_{j=i+1}^{L-1} g_j \bmod 2 \right), \quad 0 \leq i \leq L-1, \quad (11)$$

де mod – операція "ділення за модулем 2".

Щоб отримати десятковий еквівалент коду Грея, можна перетворити цей код у двійковий з вагами розрядів $w_j = 2^j$ за формулою (11), а потім отриманий код перетворити у десяткове число за формулою (4). Формування коду Грея з цілого десяткового числа виконується у зворотному порядку.

На четвертому етапі здійснюється мутація генів хромосом з імовірністю p_m . Мутація полягає у зміні двійкового значення гена $b_j^{si} \in \{0,1\}$ ($j = 0, 1, 2, \dots, L_j - 1$) на протилежне:

$$b_j^{si} = \begin{cases} \overline{b_j^{si}}, & \text{якщо } \omega \leq p_m; \\ b_j^{si}, & \text{якщо } \omega > p_m, \end{cases} \quad (12)$$

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

П'ятий етап полягає у злитті модифікованого операціями схрещування та мутації i -го батьківського пулу $\{x_n^{pi}\}$ з i -ю поточною популяцією хромосом $\{x_n^{si}\}$ з подальшою детермінованою селекцією найкращих хромосом. Для цього після злиття відбувається сортування хромосом за зростанням значення функції фітнесу. Перші k хромосом (для задачі на мінімум) утворюють нову i -у популяцію хромосом $\{x_n^{si}\}$, $s = 1, 2, \dots, k$, $i = 1, 2, \dots, m$.

Для вирішення сформульованої пошукової задачі етапи 1 – 5 генетичного методу виконуються ітеративно до виконання умови:

$$\forall i = 1, 2, \dots, m \exists s = 1, 2, \dots, k : \xi_n^{si} \leq r, \quad (13)$$

де r – мінімально необхідна відстань наближення до шуканого об'єкта.

Алгоритм розв'язування задачі складається з таких кроків:

1. Початкова ініціалізація параметрів. Задаються параметри пошукового простору – кількість вимірів m та ширина N_i ; параметри хромосом – довжина хромосоми L_p , система кодування, початкові двійкові значення $\{b_j^{si}\}$, імовірності схрещування p_c , мутації p_m ; параметри популяцій – розмір популяції хромосом k та розмір батьківського пулу $\Pi = kp_c$; параметри об'єкта – початкові координати y_0 , відстань наближення до об'єкта r , закон розподілу координат, математичне сподівання m та дисперсія переміщення d_y .
2. Обчислення фенотипу хромосом згідно із (4).
3. Обчислення значень функцій відповідності згідно із (5).
4. Перевірка умови завершення пошуку: якщо умова (13) виконується, то перейти на крок 11.
5. Обчислення імовірностей відбору хромосом у батьківський пул (6).
6. Відбір хромосом у батьківський пул $\{x_n^{pi}\}$ (7).
7. Схрещування пар хромосом батьківського пулу $\{x_n^{pi}\}$ згідно із (8) -(9).
8. Мутація генів схрещених хромосом з імовірністю p_m (12).
9. Об'єднання базової популяції хромосом $\{x_n^s\}$ з хромосомами батьківського пулу $\{x_n^{pi}\}$.

10. Детермінований відбір k хромосом з найкращими значеннями функцій відповідності для формування нової популяції $\{x_{n+1}^s\}$. Перейти на крок 2.
11. Кінець.

Результати комп'ютерного моделювання

Для дослідження впливу системи кодування хромосом на ефективність роботи генетичних методів побудуємо програмну модель пошуку об'єкта. Нехай координати об'єкта O (рис. 1) є випадковим процесом з нормальним розподілом $y_n \sim N(m_y, d_y)$, де $m_y \in X$ ($m_y = \text{const}$) – математичне сподівання, $d_y \in R_+^m$ – дисперсія. Вид та параметри розподілу апіорі не відомі для системи керування випадковими процесами $\{x_n^{si}\}$.

Дослідження генетичних методів з двійковим кодуванням із вагами розрядів $w_j = 2^j$ ($j = 0, 1, \dots, L_j - 1$) та кодуванням Грея виконаємо при зміні параметрів (m, N, k, p_m, p_c, d_y), де m – кількість вимірів пошукового простору, N – ширина пошукового простору,

Таблиця 2

Середня кількість кроків розв'язування пошукової задачі

Кількість вимірів. m	Генетичний метод з двійковим кодуванням			Генетичний метод з кодуванням Грея		
	$d_y = 0$	$d_y = 1$	$d_y = 10$	$d_y = 0$	$d_y = 1$	$d_y = 10$
1	46	2	2	2	1	2
2	56	2	3	2	2	3
3	48	4	6	3	3	9
4	59	5	14	3	4	16
5	80	7	53	3	6	42

k – кількість хромосом в i -й популяції ($i = 1, 2, \dots, m$), p_m – імовірність мутації генів, p_c – імовірність схрещування, d_y – дисперсія випадкових координат об'єкта u_n .

Нехай ширина пошукового простору є однаковою за усіма вимірами $N_i = N$, $i = 1, 2, \dots, m$. Початкові

наближення $\{x_0^{si}\}$ керованих процесів задаються випадково у межах пошукового простору X . Мінімально необхідна відстань досягнення об'єкта $r = 0$.

Достовірність результатів моделювання забезпечується усередненням кількості пошукових кроків за $h = 100$ реалізаціями випадкового процесу:

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

де $n_{\text{out}}(j)$ – кількість кроків j -го експерименту на момент зупинки роботи методу, яка визначається з виконання умови завершення пошуку (13).

У табл. 2 наведено результати розв'язування пошукової задачі для генетичних методів з двійковим кодуванням та кодуванням Грея. Для усіх варіантів експерименту ширина пошукового простору $N = 10$, чисельність популяції хромосом $k = 8$, імовірність мутації $p_m = 0.1$, імовірність схрещування $p_c = 0.9$.



Рис. 2. Діаграма середньої кількості кроків генетичних методів

Візуалізація даних табл.2 виконана на рис. 2, з якого видно, що зростання кількості вимірів призводить до зростання середньої кількості кроків, необхідних для розв'язування пошукової

задачі. Генетичний метод з кодуванням Грея є ефективніший від методу з двійковим кодуванням приблизно у 20 разів при його застосуванні для пошуку статичного об'єкта (дисперсія переміщення дорівнює 0). Для динамічного об'єкта (дисперсія переміщення більша від 0) генетичний метод з кодуванням Грея має приблизно таку ж ефективність, як і метод з двійковим кодуванням.

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.

Генетичні методи забезпечують пошук динамічного об'єкта з великими значеннями дисперсії випадкового переміщення. Графіки рис. 3 отримано при зміні значення дисперсії від 0 до 100.

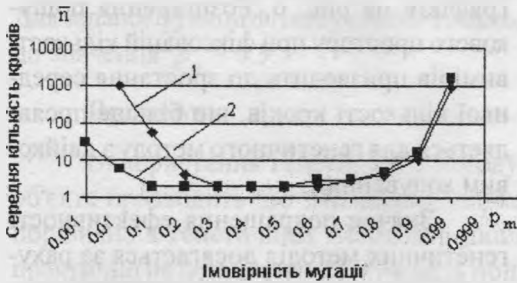


Рис. 4. Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від імовірності мутації генів: 1 – двійкове кодування; 2 – кодування Грея

двійковим кодуванням при розв'язуванні задачі пошуку статичного об'єкта, то подальші дослідження виконаємо для нульового значення дисперсії переміщення об'єкта.

Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від імовірності мутації генів зображено у логарифмічному масштабі на рис. 4. Результати отримано для таких значень параметрів методу: $m = 2$, $N = 10$, $k = 8$, $p_c = 0.9$, $d_y = 0$.

Порівнянню з генетичним методом з двійковим кодуванням, ефективність генетичного методу з кодуванням Грея виявляється при значеннях імовірності мутації $p_m < 0.3$. При наближенні імовірності мутації до 0 та до 1 спостерігається різке зростання середньої кількості пошукових кроків.

Залежності середньої кількості кроків генетичних методів від імовірності схрещування зображені у вигляді графіків на рис. 5 для значень параметрів $m = 2$, $N = 10$, $k = 8$, $p_m = 0.1$, $d_y = 0$. Генетичні методи не працю-

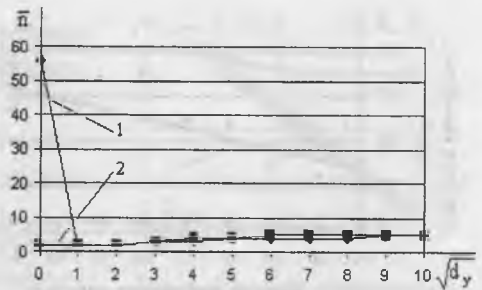


Рис. 3. Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від дисперсії переміщення об'єкта: 1 – двійкове кодування; 2 – кодування Грея

Найбільша ефективність генетичного методу з двійковим кодуванням досягається в тому випадку, якщо об'єкт здійснює малоамплітудні випадкові переміщення в околиці точки математичного сподівання (з дисперсією у декілька одиниць). Пошук статичного об'єкта (з нульовою дисперсією) за допомогою цього методу забезпечується зростанням необхідної кількості кроків.

Оскільки генетичний метод з кодуванням Грея є ефективнішим від методу з



Рис. 5. Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від імовірності схрещування хромосом: 1 – двійкове кодування; 2 – кодування Грея



Рис. 6. Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від ширини пошукового простору: 1 – двійкове кодування; 2 – кодування Грея

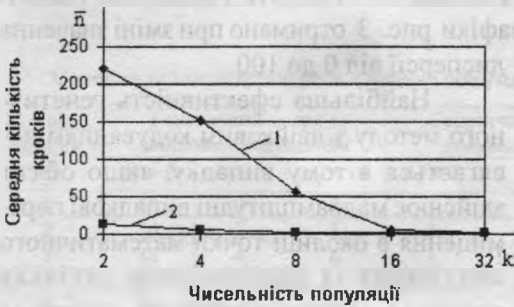


Рис. 7. Залежність середньої кількості кроків генетичних методів від чисельності популяції хромосом: 1 – двійкове кодування; 2 – кодування Грея

значень параметрів генетичних методів: $m = 2$, $N = 10$, $p_m = 0.1$, $p_c = 0.9$, $d_v = 0$.

Як видно з рис. 7, зростання популяції хромосом призводить до зменшення середньої кількості кроків, необхідних для розв'язування пошукової задачі. Генетичний метод з кодуванням Грея за усіма дослідженими варіантами зберігає свої переваги над генетичним методом з двійковим кодуванням. У пошуковому просторі зі 100 станами популяція $k \geq 8$ хромосом з кодуванням Грея та популяція $k \geq 16$ хромосом з двійковим кодуванням забезпечує локалізацію об'єкта u_n у середньому за 1 – 2 кроки.

Графіки траєкторій популяції $k = 8$ випадкових процесів $\{x_n^s\}$, породжених генетичним методом з кодуванням Грея, показані на рис. 8. Функції фітнесу зображено лініями рівня при значеннях дисперсії $d_v \in \{0, 1\}$. При значенні дисперсії $d_v = 1$ функція фітнесу динамічно змінюється у моменти часу $n = 1, 2, \dots$. Кожна із траєкторій випадкових процесів $\{x_n^s\}$ складається з $n = 10000$ кроків. З рис. 8 видно, що

ють при нульовій імовірності схрещування хромосом, оскільки при цьому не формується батьківський пул і не відбувається мутація генів. Зростання імовірності схрещування призводить до зменшення середньої кількості пошукових кроків до константного значення. З рис. 5 видно, що метод з кодуванням Грея для розв'язування пошукової задачі потребує значно меншої кількості кроків, ніж метод з двійковим кодуванням.

Вплив ширини пошукового простору на роботу генетичних методів для значень параметрів $m = 2$, $k = 8$, $p_m = 0.1$, $p_c = 0.9$, $d_v = 0$ показано у вигляді графіків на рис. 6. Розширення пошукового простору при фіксованій кількості вимірів призводить до зростання середньої кількості кроків, що більше проявляється для генетичного методу з двійковим кодуванням.

Значне покращення ефективності генетичних методів досягається за рахунок зростання чисельності популяції хромосом, що показано на рис. 7 для таких

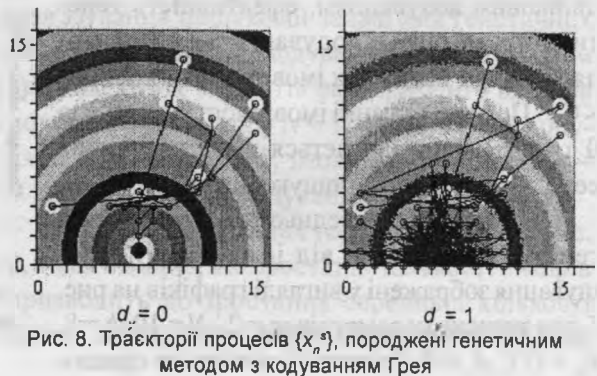


Рис. 8. Траєкторії процесів $\{x_n^s\}$, породжені генетичним методом з кодуванням Грея

при $d_y = 0$ випадкові процеси $\{x_n^s\}$ не виходять з точки оптимального розв'язку вже після здійснення декількох початкових кроків. При значення дисперсії $d_y = 1$ траєкторії випадкових процесів $\{x_n^s\}$ групуються в області математичного сподівання координат шуканого об'єкта y_n .

Генетичний метод з кодуванням Грея є стійким до мутації генів, що видно з рис. 9. Графіки усереднених у часі функцій виграшів (2) отримано для таких значень параметрів генетичного методу: $m = 2$, $N = 10$, $k = 8$, $p_m = 0.1$, $p_c = 0.9$, $d_y \in \{0, 1\}$.

Результати моделювання показують, що випадкові процеси 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 константного значення, що свідчить про перебування траєкторій процесів $\{x_n^s\}$ у точці оптимального розв'язку. Для заданої функції фітнесу стійкість методу має місце при зростанні імовірності мутації до значення $p_m = 0.9$.

Висновки

Використання генетичного методу з кодуванням Грея для пошуку статичного об'єкта призводить до зменшення кількості пошукових кроків приблизно у 20 разів порівняно з генетичним методом з двійковим кодуванням. Однак, кодування Грея практично не покращує ефективність пошуку динамічного об'єкта, переміщення якого задається випадковим розподілом координат.

Генетичний метод з двійковим кодуванням забезпечує пошук динамічного об'єкта з випадковим переміщенням за меншу (у 10 – 20 разів) кількість кроків порівняно з пошуком статичного об'єкта.

Конкретна кількість пошукових кроків генетичних методів визначається розмірністю пошукового простору, чисельністю популяції хромосом, імовірністю схрещування, мутації та дисперсії функції фітнесу.

З отриманих результатів випливає, що генетичний метод з кодуванням Грея є ефективним для розв'язування оптимізаційних задач у детермінованому формулюванні. Для задач стохастичної оптимізації ефективними будуть як генетичні методи з двійковим кодуванням, так і методи з кодуванням Грея.

Залишається відкритим і потребує окремого дослідження питання ефективності генетичних методів, побудованих на інших системах кодування хромосом.

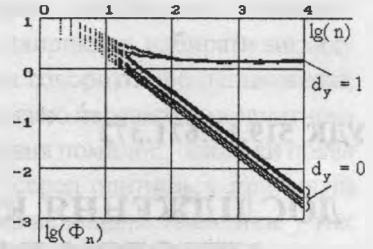


Рис. 9. Поведінка усереднених у часі функцій фітнесу для генетичного методу з кодуванням Грея

1. Holland J.H. Adaptation in Natural and Artificial Systems. University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975.
2. Goldberg D.E. Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning. - Addison-Wesley, 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.
5. Кравець П.О. Генетичний метод керування випадковими процесами з розпаралелюванням // Вісник НУ "Львівська політехніка". – 2002. – № 450. – С. 84 – 93.