

Розроблений метод є достатньо простим, інтуїтивно зрозумілим і зручним для програмної реалізації. Мінімальна кількість керуючих параметрів і практично повна незалежність від типу опрацьовуваних об'єктів дає змогу розширювати сферу застосування запропонованої методики.

1. Форсайд Д. Компьютерное зрение; Современный подход / Д. Форсайд, Ж. Понс. – М., СПб., К.: Вильямс, 2004, 926 с. 2. В.В. Грицик. Технічні та програмні засоби розпізнавання та аналізу зображень складних біологічних об'єктів / В.В. Грицик, М.А. Влах. – Львів.: ІТІС, 2005. – Т.8. – №1. – С.17–28. 3. Bucki R., *Modelling Flexible Production Systems, Artificial Intelligence*, No. 4, Doneck, 2009. – P.113–118, ISSN 1561-5359. 4. Буцкі Р. Управління процесами виконання замовлень в автоматизованих складських системах / Р. Буцкі, П. Цесьля // *Моделювання та інформаційні технології*. – К., 2009. – Вип. 54. – С. 36–43. 5. Bucki R. *Information Linguistic Systems, Network Integrators Associates, Parkland, Florida, USA*, 2007, p. 102, ISBN 9780978860646. 6. Bucki R. *Thorough Analysis of the Technological Case Control, Management & Informatics, Network Integrators Associates, Parkland, Florida, Volume 1, No. 1*, 2007, pp. 68-112, ISSN 1939-4187. 7. Буцкі Р. Комп'ютерне моделювання процесів управління виробничими лініями / Буцкі Р., Марецький Ф. // *Державний комітет зв'язку та інформатизації України, Національна академія наук України, Державний науково-дослідний інститут інформаційної інфраструктури*. – Львів, 2006. – С.112, ISBN 9788360716168. 8. Грицик В. Задача класифікації біологічних об'єктів / В. Грицик, Н. Пелих // *Вісник Нац. ун-ту "Львівська політехніка" "Комп'ютерні науки та інформаційні технології"*. – № 650. – 2009. – С.100–103. 9. Взаємодія аналізаторів при прийомі інформації людиною. – <http://slada.in.ua/2008/49>.

УДК 004.93

В.І. Дубровін, Є.М. Федорченко

Запорізький національний технічний університет,
кафедра програмних засобів

ДОСЛІДЖЕННЯ ТА РОЗРОБЛЕННЯ ГЕНЕТИЧНИХ АЛГОРИТМІВ ТА ОПЕРАТОРІВ СХРЕЩУВАННЯ

© Дубровін В.І., Федорченко Є.М., 2010

Розроблено генетичний алгоритм та оператор схрещування. Запропоновано застосування генетичних алгоритмів і операторів схрещування для розв'язання складних оптимізаційних задач. Виконані експерименти показують ефективність запропонованого генетичного алгоритму й оператора схрещування.

Ключові слова: генетичний алгоритм, оператор схрещування.

New modifications of a genetic algorithm and crossing operator are proposed. An application of genetic algorithms and crossing operators is suggested to solve complex optimization tasks. The experiments show the efficiency of the proposed genetic algorithm and crossing operator.

Keywords: genetic algorithm, crossing operator.

Вступ

Під час вирішення складних оптимізаційних завдань основною метою є пошук «кращого» рішення порівняно з отриманим раніше або заданим як початкове. Це пов'язано з тим, що для складної системи часто потрібно знайти хоч яке-небудь задовільне рішення, а проблема досягнення оптимуму відходить на другий план. Методи, основані на математичних обчисленнях, і перераховані методи, орієнтовані на пошук саме оптимального рішення, внаслідок надзвичайної складності завдання важко застосовувати [1–4].

У зв'язку з цим для вирішення складних оптимізаційних завдань пропонується застосовувати генетичні алгоритми (ГА). Ефективність ГА під час вирішення конкретного оптимізаційного завдання залежить від багатьох факторів і, зокрема, від таких як генетичні оператори та вибір відповідних значень параметрів, а також способу подання задачі на хромосомі. Оптимізація цих факторів приводить до підвищення швидкості та стійкості пошуку, що істотно для успішного застосування ГА [5–11].

Постановка проблеми у загальному вигляді

Найвищі вимоги під час експлуатації газотурбінних двигунів ставлять до надійності таких відповідальних обертових деталей компресорів і турбін, як лопатки, диски, вали. Відмова двигуна, що пов'язана з руйнуванням, може призвести до катастрофічних наслідків. Важливо вчасно виявити й усунути дефекти і причини їх виникнення в процесі експлуатації газотурбінних двигунів [2].

Тому автоматизація процесу виявлення дефектних лопаток вкрай важлива для спрощення і прискорення процесу обслуговування авіадвигунів, підвищення надійності їх діагностування. На рис. 1 показано спектри різниці напівперіодів коливань, що затухають, придатної і дефектної лопаток після ударного збудження під час перевірки двигуна. На рис. 2 наведено спектри коливань, що вільно затухають, придатної і дефектної газотурбінної лопаток авіадвигуна після ударного збудження.

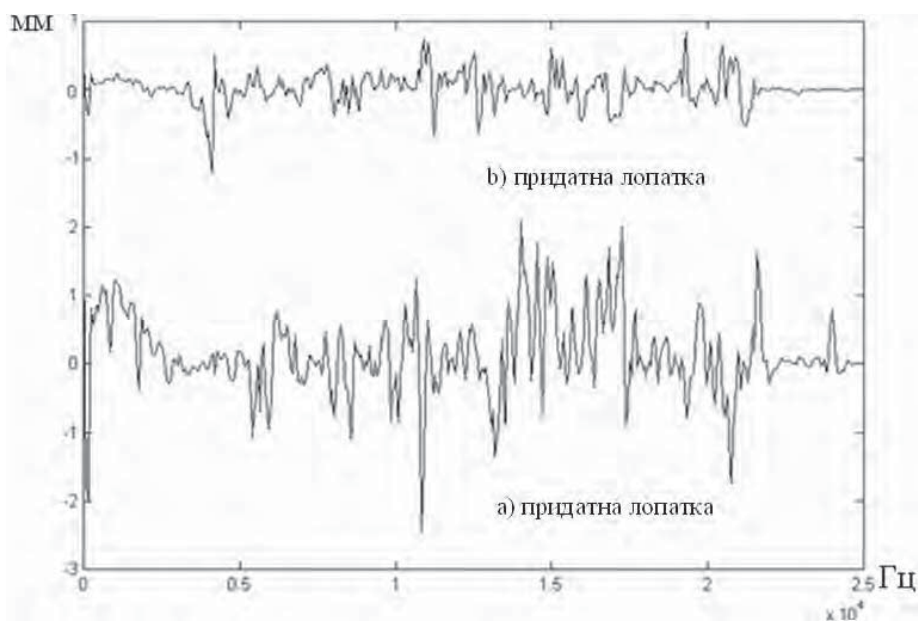


Рис. 1. Різниці напівперіодів коливань, що затухають, придатної (а) і дефектної (б) лопаток після ударного збудження

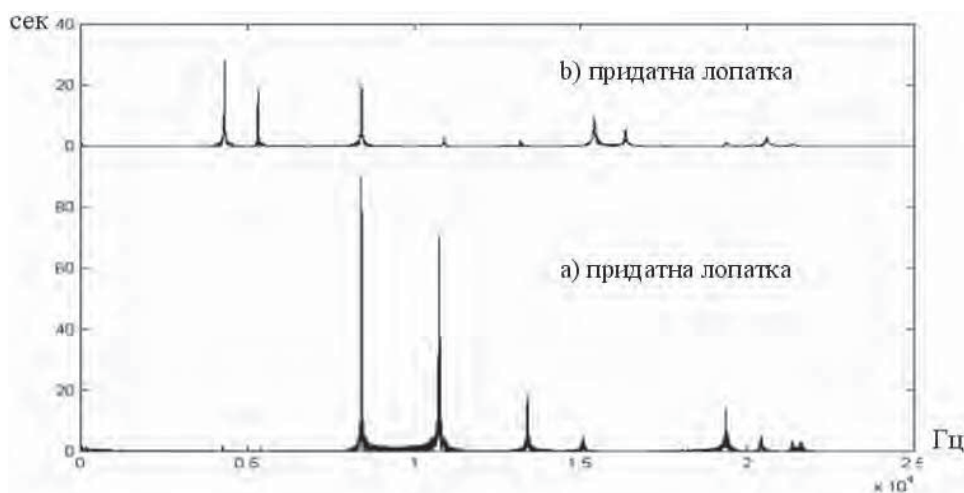


Рис. 2. Спектри вільних коливань, що затухають, придатної (а) і дефектної (б) лопаток авіадвигуна після ударного руйнування

Для розв'язання оптимізаційних задач, пов'язаних з аналізом діагностичних даних за наявності випадкових і непередбачених впливів, перспективно використовувати математичний апарат генетичних алгоритмів.

Цілі статті

Дослідження в галузі оптимізації із застосуванням ГА надзвичайно актуальні. Предметом дослідження є модернізація оператора схрещування та модернізація генетичного алгоритму під час розв'язання задачі діагностування лопаток авіадвигунів в процесі експлуатації на основі наборів значень спектрів коливань лопаток після ударного збудження, що затухають.

Основний матеріал

Оператори схрещування

Найпоширенішими є такі види схрещування:

- n-точкове;
- рівномірне;
- порівняльне;
- диференціальне.

При n-точковому схрещуванні:

1. Випадково вибирають n точок розриву, що призводить до розділення вихідних векторів на $n + 1$ частин різної довжини.
2. У вихідних хромосомах ділянки з парними номерами обмінюються, а ділянки з непарними залишаються без змін.

Точкове схрещування може застосовуватися для бінарних, векторних і гомологічних числових хромосом.

Класичним варіантом такого схрещування є одноточкове схрещування, при якому:

1. Випадковим способом визначається точка всередині хромосоми. Ця точка називається точкою розриву (точкою схрещування, crossover point).
2. У вибраній точці обидві хромосоми діляться на дві частини й обмінюються ними. У результаті утворюються два нащадки.

Цей тип схрещування називається одноточковим, тому що при ньому батьківські хромосоми розрізаються тільки в одній випадковій точці.

При двоточковому схрещуванні у хромосомі випадково вибирають вже дві точки схрещування. Ліву точку вважатимемо першою, а праву – другою. Перший нащадок формується із частин першого батька, розташованих лівіше від першої точки схрещування й правіше від другої точки, і частини другого батька, розташованої між першою й другою точками схрещування. Другий нащадок формується із лівої та правої частин другого батька й центральної частини першого батька [1–8].

Обчислювальні експерименти показали, що навіть для простих функцій не можна говорити про перевагу того або іншого оператора. Більше того, використання механізму випадкового вибору одно- або двоточкового схрещування для кожної конкретної батьківської пари іноді виявляється ефективнішим, ніж детермінований підхід до його вибору, оскільки досить важко апріорно визначити, який із двох операторів більше підходить для кожного конкретного виду функції пристосованості [9, 10].

Однорідне схрещування (uniform crossover) генерує нащадка у результаті випадкової передачі йому генетичної інформації від батьків. Генерація нащадка виконується в такий спосіб.

Крок 1. Встановити лічильник бітів (генів) нащадка: $j = 1$.

Крок 2. Визначити хромосому з батьківської пари, що передасть значення свого j-го гена нащадкові: $p = \text{round}(\text{rand}[0;1])$, де $\text{rand}[0;1]$ – випадково згенероване число в інтервалі $[0;1]$; $\text{round}(A)$ – округлене значення числа A.

Крок 3. Якщо: $h_{jp} = h_{jn}$, де h_{jp} – значення j-го гена нащадка, h_{jn} – значення j-го гена n-го батька, виконати: $j = j + 1$.

Крок 4. Якщо $j > L$, де L – довжина хромосоми, тоді виконати перехід на крок 5. В іншому разі перейти на крок 2.

Крок 5. Кінець.

Рівномірне схрещування може застосовуватися для бінарних, гомологічних числових і векторних хромосом. Таке схрещування зручно застосовувати, коли вже отримані індивіди з гарними спадковими ознаками, і їх необхідно закріпити в поточній популяції. Рівномірне схрещування виконується за таку послідовність кроків.

Крок 1. Випадково задається маска схрещування, що є рядком з нулів та одиниць довжиною, що дорівнює довжині хромосом.

Крок 2. Формування першого нащадка.

Одиниця на конкретній позиції в масці схрещування означає, що елемент, який розміщений на тому самому місці в першого батька, необхідно помістити на це місце першій дитині. Нуль на цій позиції в масці схрещування означає, що елемент, який розташований на тому самому місці в другого батька, необхідно помістити на це місце першій дитині.

Крок 3. Формування другого нащадка.

Якщо першого батька вважати другим, а другого – першим, то аналогічно кроку 2 можна одержати другого нащадка.

Варто відзначити, що маска схрещування може бути однією для всіх хромосом або своєю для кожної пари батьків.

При порівняльному схрещуванні в хромосомах батьків порівнюються всі біти. Якщо на однакових позиціях обох батьків розміщені однакові біти (0 і 0 або 1 і 1), то нащадкам присвоюються ті самі значення відповідних бітів. Якщо на однакових позиціях батьків розташовані гени із різними значеннями, тоді значення відповідних генів нащадків визначають за допомогою генератора випадкових чисел [10–12].

Арифметичне (диференційне) схрещування є найвдалішим для пошуку оптимуму функції багатьох дійсних змінних.

Нехай H_1 і H_2 – це два індивідууми в популяції, тобто дійсні вектори, від яких залежить цільова функція. Тоді нащадок H_p обчислюється за формулою $H_p = H_1 + k \cdot (H_1 - H_2)$, де k – деякий дійсний коефіцієнт (який може залежати від $\|H_1 - H_2\|$ – відстані між векторами). У цій моделі мутація – це додавання до індивідуума випадкового вектора малої довжини. Якщо вихідна функція неперервна, то ця модель працює добре, а якщо вона ще й гладка – відмінно.

При діагональному схрещуванні для R батьків у випадковий спосіб вибирається $(R - 1)$ однакових точок схрещування в кожному з них. R нащадків отримують комбінуванням відповідних елементів батьків по діагоналі.

Крок 1. Вибрати у випадковий спосіб R батьківських хромосом для схрещування.

Крок 2. Вибрати у випадковий спосіб $(R - 1)$ точок схрещування в хромосомах, розділивши тим самим кожну з них на R сегментів.

Крок 3. Встановити: $r = 1$.

Крок 4. Сформувати r -го нащадка.

Крок 4.1 Встановити: $k = 1$.

Крок 4.2. Сформувати k -й сегмент r -го нащадка, взявши g -й сегмент із k -ї хромосоми-батька, де $g = \begin{cases} k + r - 1, & \text{якщо } k + r - 1 \leq R, \\ k + r - 1 - R, & \text{якщо } k + r - 1 > R. \end{cases}$

Крок 4.3. Виконати: $k = k + 1$.

Крок 4.4. Якщо $k \leq R$, виконати перехід до кроку 4.2.

Крок 5. Виконати: $r = r + 1$.

Крок 6. Якщо $r \leq R$, виконати перехід до кроку 4.

Крок 7. Кінець.

Зазначимо, що різні типи схрещування мають загальну позитивну властивість: вони контролюють баланс між подальшим використанням уже знайдених гарних підобластей простору пошуку та дослідженням нових підобластей. Це досягається за рахунок неруйнування загальних блоків усередині хромосом-батьків і одночасного дослідження нових областей в результаті обміну частинами хромосом [1–8].

Спільне використання операторів відбору та схрещування призводить до того, що області простору з кращою в середньому оптимальністю вміщують більше членів популяції, ніж інші. Тому оператор схрещування є найкритичнішим із всіх операторів генетичних методів з погляду одержання глобальних результатів.

У малих популяціях краще застосовувати більш руйнівні варіанти схрещування (багато-точкове та однорідне), а у великих популяціях краще працює двоточкове [9, 10].

Модифікування операторів схрещування

Автори роботи поставили завдання протестувати всі види схрещування. На рис. 3 показана залежність точності від кількості точок схрещування, на рис. 4 – залежність точності від виду схрещування. Тестування виконувалось на реальній задачі діагностики газотурбінних лопаток (див. рис. 1 та 2).

Як видно з рисунків, найкращі показники були при двоточковому схрещуванні. Для поліпшення характеристик запропоновано новий "логічний" оператор схрещування.

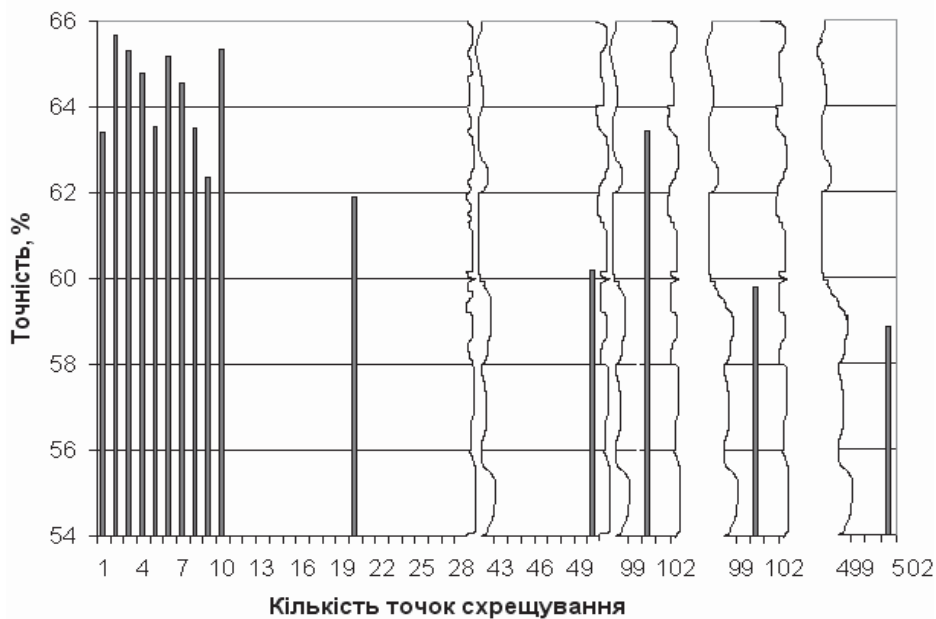


Рис. 3. Порівняльна характеристика впливу кількості точок схрещування на точність

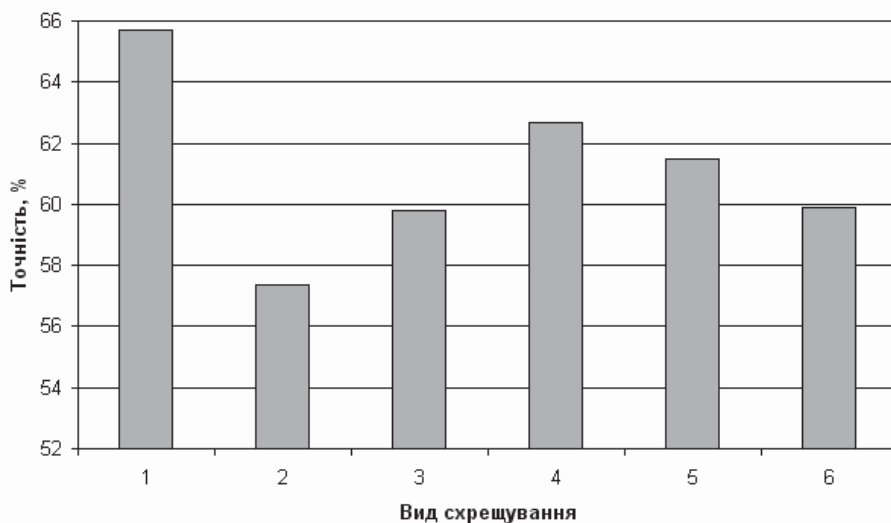


Рис. 4. Порівняльна характеристика впливу виду схрещування на точність:
 1 – при двоточковому схрещуванні; 2 – однорідне схрещування; 3 – рівномірне схрещування;
 4 – при порівняльному схрещуванні; 5 – арифметичне (диференціальне) схрещування;
 6 – при діагональному схрещуванні

Пропонується такий алгоритм оператора схрещування.

Кроки алгоритму:

- а) випадковий вибір точок розриву (ТР) ТР1 та ТР2;
- б) якщо точка ТР1 "лівіше" від точки ТР2 – перейти до пункту В, інакше – до пункту Г;
- в) для нащадка вибрати дані з другої хромосоми праворуч відносно ТР2. До значень, які розміщені між цими двома точками, застосовуємо логічний оператор "OR" (рис. 5);

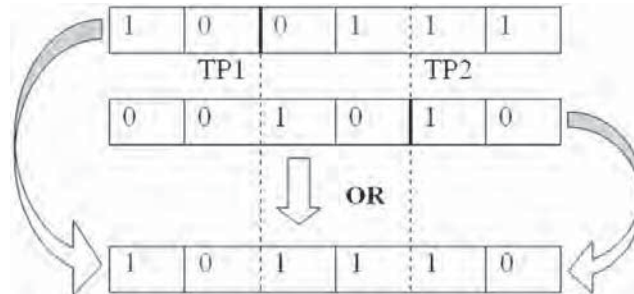


Рис. 5. Логічний оператор схрещування «OR»

- г) для нащадка вибрати дані з першої хромосоми, що розміщені ліворуч від точки ТР2 та дані з другої хромосоми, що розташовані праворуч відносно ТР1. До значень, які містяться між цими двома точками, застосовуємо логічний оператор "AND" (рис. 6).

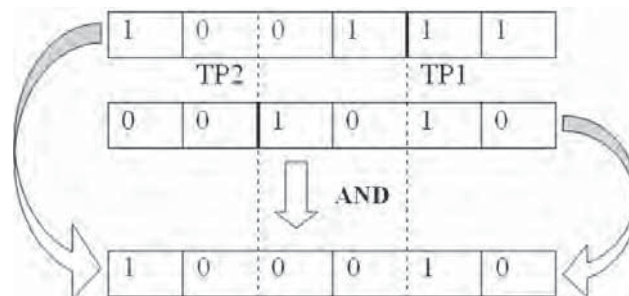


Рис. 6. Логічний оператор схрещування «AND»

З виконаних експериментів видно, що запропонований оператор схрещування кращий від найкращого двоточкового на 11 % (ив. рис. 7).

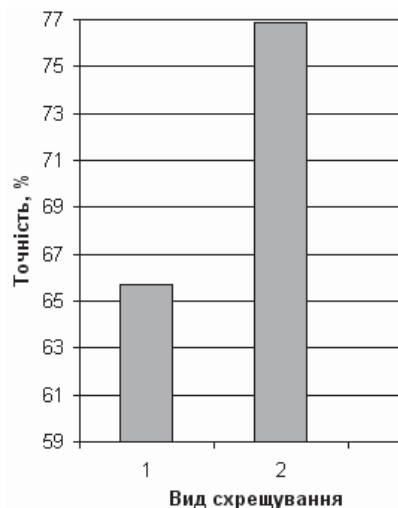


Рис. 7. Порівняльна характеристика двоточкового та модифікованого оператора схрещування:

1 – при двоточковому схрещуванні;

2 – модифікований оператор схрещування

Модифікований генетичний алгоритм

Автори роботи протестували генетичні алгоритми і на підставі експерименту [9, 10] вибрали найкращі генетичні алгоритми з табл. 1. Ними виявилися канонічний та дженітор.

Таблиця 1

Порівняння результатів роботи ГА і алгоритму Левенберга–Марквардта

ГА	Канонічний	Простий	Дженітор	Гібридний	Острівний	Алгоритм Левенберга–Марквардта	
популяції з 5 особин						Похибка, %	Час, с
Похибка, %	15,6	25	18,9	0	17,2		
Час, с	0,2	0,4	0,1	0,2	0,4	0	1,03
популяції з 10 особин							
Похибка, %	9,4	17,5	15,6	0	10,9		
Час, с	0,1	0,3	0,1	0,3	0,4		
популяції з 20 особин							
Похибка, %	9,4	20,3	17,2	0	7,8		
Час, с	0,1	0,3	0,1	0,5	0,3		
популяції з 50 особин							
Похибка, %	7,8	17,2	17,2	0	9,4		
Час, с	0,2	0,2	0,2	0,7	0,4		
популяції з 100 особин							
Похибка, %	6,5	9,4	15,6	0	7,3		
Час, с	0,22	0,46	0,67	0,8	0,76		
популяції з 250 особин							
Похибка, %	7,8	9,4	21,9	0	9,4		
Час, с	0,8	1,1	1,1	1,1	1,0		
популяції з 500 особин							
Похибка, %	9,4	9,4	18,8	0	7,3		
Час, с	4,2	4,9	6,9	4,5	4,4		
популяції з 1000 особин							
Похибка	9,3	20,2	10,9	0	6,2		
Час, с	7,1	11,8	4,7	7,3	17,9		

Щоб пришвидшити вирішення завдання діагностування лопаток газотурбінного двигуна, був запропонований модифікований генетичний алгоритм, котрий відрізняється від усіх видів генетичних алгоритмів тим, що в ньому не обчислюється фітнес-функція і не визначається пристосованість хромосом. Алгоритм прогнозування складається з таких етапів:

- ініціалізація початкового масиву "population", кількість елементів якого є парною, а останнім елементом є останній елемент у поточній вибірці;
- знаходження послідовності "past" минулого, яка найточніше відповідає поточній;
- застосовуємо модифікований оператор схрещування до елементів послідовності "population" задану кількість ітерацій;
- визначаємо, за якої кількості ітерацій N значення параметрів нащадка найточніше відповідають значенням елемента, який йде за останнім елементом "past" в основній вибірці даних;
- застосовуємо ГА до вибірки "population" N разів.

Для визначення ефективності запропонованого алгоритму було виконане фізичне тестування модифікованого алгоритму з алгоритмами, що показали найкращий результат під час розв'язання задачі діагностування (див. табл. 2).

Порівняння результатів роботи ГА з модифікованим ГА

ГА	Канонічний	Дженітор	Модифікований
популяції з 5 особин			
Похибка, %	15,6	18,9	16,4
Час, с	0,2	0,1	0,1
популяції з 10 особин			
Похибка, %	9,4	15,6	9,1
Час, с	0,1	0,1	0,1
популяції з 20 особин			
Похибка, %	9,4	17,2	8,6
Час, с	0,1	0,1	0,1
популяції з 50 особин			
Похибка, %	7,8	17,2	5,9
Час, с	0,2	0,2	0,1
популяції з 100 особин			
Похибка, %	6,5	15,6	5,8
Час, с	0,22	0,67	0,2
популяції з 200 особин			
Похибка, %	7,8	21,9	6,2
Час, с	0,8	1,1	0,8
популяції з 500 особин			
Похибка, %	9,4	18,8	8,6
Час, с	4,2	6,9	3,9
популяції з 1000 особин			
Похибка, %	9,3	10,9	8,2
Час, с	7,1	4,7	5,2

Отримані результати підтверджують можливість застосування запропонованого генетичного алгоритму на практиці і дають змогу рекомендувати його для широкого використання під час вирішення завдань технічної діагностики та інтелектуального управління.

Висновки

Запропоновано модифікації ГА та операторів схрещування, які перевершують за точністю відомі на 12 % та 8 %, відповідно.

Отримані результати підтверджують можливість застосування запропонованого генетичного алгоритму та оператора схрещування на практиці і дають змогу рекомендувати їх для широкого використання під час вирішення завдань технічної діагностики та інтелектуального управління.

- Holland John H. *Adaptation in natural and artificial systems*. Ann Arbor. The University of Michigan Press. – 1975. – 97 p.
- John R. Koza, *Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection* / John R. Koza. – 1992.
- Goldberd David E. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. / David E. Goldberd. – Addison-Wesley Publishing Company, Inc, 1989. – 412 p.
- Бодянский Е.В. *Основы теории искусственных нейронных сетей* / Е.В. Бодянский, О.Г. Руденко. – Харьков: Телетех, 2002. – 317 с.
- Курейчик В.М. *Генетические алгоритмы. Учебное пособие* / В.М. Курейчик, Л.А. Гладков, В.В. Курейчик; под ред. В.М. Курейчика. 2-е изд., испр. и доп. – М: Физматлит, 2006. – 320 с.
- Armstrong J. Scott. *Principles of Forecasting – A Handbook for Researchers and Practitioners* / J. Scott Armstrong. – Springer, 2001. – 864 p.
- Батищев Д.И. *Генетические алгоритмы решения экстремальных задач* / Д.И. Батищев. – Воронеж: ВГУ, 1994. – 135 с.
- Кисляков А.В. *Генетические алгоритмы: операторы скрещивания мутации* / А.В. Кисляков // Информационные технологии. – 2002. – № 12 – С. 24.
- Дубровин, В.И. *Диагностика на основе генетических алгоритмов* / В.И. Дубровин, Е.Н. Федорченко // Радиоэлектроника. Информатика. Управление. – 2006. – № 2. – С.115–120.
- Дубровин В.И. *Исследование оптимальности настроек операторов генетических алгоритмов* / В.И. Дубровин, Е.Н. Федорченко, Д.А. Подымский, Г.О. Гузенко, // Радиоэлектроника и информатика. – 2007. – № 3. – С.85–87.
- Рутковская Д. *Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечёткие системы* / Д. Рутковская, М. Пилиньский, Л. Рутковский; Пер. с польск. И.Д. Рудинского // Горячая линия – Телеком. – 2006. – С. 452.
- Симанков В.С. *Генетические алгоритмы и поиск оптимальных решений* / В.С. Симанков, В.А. Частикова // Автоматизация и современные технологии, 2003. – № 6. – С. 39–45.