

Раздел I. Эволюционное моделирование, генетические и бионические алгоритмы

УДК 321.3

В.В. Курейчик, П.В. Сороколетов

КОНЦЕПТУАЛЬНАЯ МОДЕЛЬ ПРЕДСТАВЛЕНИЯ РЕШЕНИЙ В ГЕНЕТИЧЕСКИХ АЛГОРИТМАХ*

Введение. В настоящее время генетические алгоритмы это новая эффективная область решения оптимизационных задач. Генетический алгоритм не работает непосредственно с набором параметров решаемой задачи. Вместо этого вводится некоторая структура, называемая особью, представляющая модель альтернативного решения задачи. Кодирование решения задачи производится по заранее заданному правилу. При этом особь может состоять из одной или нескольких хромосом, которые в свою очередь состоят из генов [1, 4]. В альтернативном решении ген – соответствует элементу, функциональному узлу, связи и т.п. Заметим, что здесь используется только терминология из классической генетики и ее различные модели, ориентированные на решения задач проектирования и принятия решений.

1. Классификация особей. По количественному составу хромосом альтернативные решения можно разделить на две группы:

- ♦ **Монохромосомные** – содержащие только одну последовательность генов (хромосом). Заметим, что в большинстве задач проектирования используются монохромосомные модели.
- ♦ **Мультихромосомные** – содержащие две и более хромосомы.

По качественному составу мультихромосомные особи можно разделить на следующие два семейства:

- ♦ **Гомоморфные** – содержащие морфологически и генетически сходные хромосомы. Иначе говоря, все хромосомы данной особи относятся к одному типу, содержат одинаковое число генов и одинаковые диапазоны допустимых значений генов (аллелей) в соответствующих локусах каждой хромосомы.
- ♦ **Негомоморфные** – содержащие хромосомы разного типа, различающиеся числом генов или набором допустимых аллелей.

2. Классификация типов хромосом. Определим типы хромосом, которые реализуются в подсистемах эволюционного и генетического поиска. По методам представления генов хромосомы можно условно разделить на три типа [1, 2].

Двоичные хромосомы – это такие хромосомы, гены которых могут принимать только два значения {0; 1}. Примером двоичной хромосомы является следующая последовательность:

H_0 :

1	0	0	1	0	1	1
---	---	---	---	---	---	---

* Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант № 07-01-00174).

Для более подробного представления вводится запись В подсистеме генетического поиска двоичным хромосомам соответствует тип данных *GABinaryChromosome*, в котором используется побитовая упаковка, т.е. на каждый ген отводится один бит. В некоторых случаях используется три значения {0; 1, *}. Здесь * определяется как символ «не имеет значения» 1 или 0.

Числовые хромосомы – это такие хромосомы, гены которых могут принимать целочисленные значения в заданном интервале. В зависимости от диапазона допустимых значений генов (аллелей) можно предусмотреть возможность использования разных типов целых чисел для представления генов: однобайтовое целое (8 бит), позволяющее представить диапазон чисел [0, 255], или [-128, +127]; двухбайтовое целое (16 бит), позволяющее представить диапазон чисел [0, 65 535], или [-32 768, +32 767]; четырехбайтовое целое (32 бита), позволяющее представить диапазон чисел [0, 4 294 967 295], или [-2 147 483 648, +2 147 483 647]. Такое представление позволяет существенно сократить затраты памяти и, как следствие, повысить эффективность реализуемых алгоритмов.

Среди числовых хромосом выделяют гомологичные и негомологичные [1, 4].

Гомологичные хромосомы – это хромосомы, имеющие общее происхождение, морфологически и генетически сходные, и поэтому не образующие недопустимых решений при применении стандартных генетических операторов. В гомологичных числовых хромосомах каждый ген может принимать целые значения в заданном числовом интервале, при этом для различных генов могут быть заданы различные интервалы $[a_i, b_i)$, где $i = \overline{1, n}$, n – число генов в хромосоме. Область поиска решений, которая может быть закодирована такими хромосомами, представляет собой некоторую прямоугольную подобласть в n -мерном пространстве R^n – многомерный куб. Примером гомологичной хромосомы является следующая последовательность:

H_1 :

1	8	3	0	3	4	1
---	---	---	---	---	---	---

Такому типу хромосом соответствует тип данных *GAHomologousNumericalChromosome*.

Негомологичные хромосомы – это такие хромосомы, гены которых могут принимать значения в заданном интервале. При этом интервал одинаков для всех генов, но в хромосоме не может быть двух генов с одинаковым значением. Для негомологичных хромосом применяют различные специальные генетические операторы, не создающие недопустимых решений. Примером негомологичной хромосомы является следующая последовательность:

H_2 :

1	4	3	6	5	7	2
---	---	---	---	---	---	---

Такому типу хромосом соответствует тип данных *GAUnhomologousNumericalChromosome*.

Векторные хромосомы – это такие хромосомы, гены которых представляют собой векторы целых чисел. При этом аллели генов обладают свойствами негомологичной числовой хромосомы, т.е. числа вектора могут принимать значения в заданном интервале, и вектор не может содержать двух одинаковых чисел. Тем не менее, хотя гены в векторных хромосомах негомологичны, сами хромосомы являются гомологичными и им. Например, H_3 :

<1,3,2>	<4,5,6>	<1,8,6>	<7,6,3>	<11,5,13>	<12,4,8>	<9,6,4>
---------	---------	---------	---------	-----------	----------	---------

Таким образом, при разработке подсистемы генетического поиска необходимо реализовать поддержку мультихромосомного представления альтернативных решений задачи, обеспечивая при этом возможность комбинирования двоичных, гомологичных и негомологичных числовых, а также векторных хромосом в одной особи. Простейшим подходом является использование единственного типа хромосом – числовых и сведение остальных типов к заданному. Очевидно, что простые генетические операторы не всегда применимы к тому или иному типу хромосом. Например, стандартный одноточечный кроссинговер нельзя использовать с негомологичными хромосомами. Невозможность контроля соответствия типов хромосом повлечет возникновение ошибок, связанных с неверным выбором генетического оператора (ГО). Для локализации источника ошибок (неверного оператора) потребуется проверка каждого шага алгоритма. Например, двоичная хромосома может быть представлена битовым массивом, что обеспечит сжатие данных в 32 раза по сравнению с унифицированной числовой хромосомой (в 32-х разрядных операционных системах).

Реализация системы на базе универсального числового типа хромосом позволяет всегда получать допустимые решения, но с увеличением затрат времени. Логическая модель данных, реализуемая в подсистеме генетического поиска, обеспечивает возможность сформировать особь с произвольной морфологической и генетической структурой.

3. Варианты представления различных типов данных, их кодирование и декодирование. При решении различных задач решение нередко может быть представлено в виде последовательности неповторяющихся чисел. Такое решение называется перестановкой [3, 4]. Допустим, что необходимо закодировать следующую последовательность чисел, которая моделирует последовательность обхода вершин графа или порядок размещения элементов схемы на коммутационном поле.

При прямом кодировании элементов используется числовая негомологичная хромосома, в которой локус – позиция элемента (вершины), аллель – значение элемента в данной позиции.

При кодировании с последующим упорядочиванием используется числовая гомологичная хромосома, в которой локус – элемент последовательности, аллель – некоторое значение в соответствии с которым элементы упорядочиваются при декодировании. При этом диапазон допустимых значений аллелей может быть больше числа элементов последовательности. Например, при упорядочивании по возрастанию, последовательность может быть закодирована следующим образом:

1	8	5	2	9
---	---	---	---	---

Процесс декодирования данной хромосомы состоит в следующем: хромосома анализируется и определяется взаимно однозначное соответствие номера локуса и значения гена (аллели): $1 \leftrightarrow 1$; $2 \leftrightarrow 8$; $3 \leftrightarrow 5$; $4 \leftrightarrow 2$; $5 \leftrightarrow 9$. Аллели упорядочиваются по возрастанию, а затем заменяются на соответствующие им локусы:

Хромосома:	<table border="1"> <tr> <td>1</td> <td>8</td> <td>5</td> <td>2</td> <td>9</td> </tr> </table>	1	8	5	2	9
1	8	5	2	9		
Упорядоченная последовательность аллелей:	<table border="1"> <tr> <td>1</td> <td>2</td> <td>5</td> <td>8</td> <td>9</td> </tr> </table>	1	2	5	8	9
1	2	5	8	9		
Декодированная последовательность:	<table border="1"> <tr> <td>1</td> <td>4</td> <td>3</td> <td>2</td> <td>5</td> </tr> </table>	1	4	3	2	5
1	4	3	2	5		

При упорядочивании по убыванию та же последовательность может быть представлена следующей хромосомой:

11	3	6	7	2
----	---	---	---	---

Следует отметить, что подобный способ кодирования не устанавливает взаимнооднозначного соответствия фенотипа и генотипа особи, т.е. одна и та же последовательность может быть представлена несколькими разными хромосомами, равно как и одна хромосома может быть декодирована несколькими разными способами, в случае совпадения значений разных генов.

При кодировании методом перестановок используется гомологичная числовая хромосома, гены которой принимают целочисленные значения в диапазоне $[0, n)$, где n – число элементов в кодируемой последовательности. Для декодирования хромосомы используется опорный вектор, содержащий все элементы кодируемой последовательности. Процесс декодирования состоит в последовательности перестановок элементов опорного вектора и имеет линейную временную сложность $O(n)$. При этом номер локуса и аллель (значение гена) задают номера элементов последовательности, которые меняются местами. Следует отметить, что для декодирования всех хромосом должен использоваться один и тот же опорный вектор.

Например, при использовании в качестве опорного вектора $\langle 1, 2, 3, 4, 5 \rangle$, приведенная последовательность может быть закодирована следующим образом:

3	5	1	5	2
---	---	---	---	---

В процессе анализа данной хромосомы получим следующий порядок перестановок: $1 \leftrightarrow 3$, $2 \leftrightarrow 5$, $3 \leftrightarrow 1$, $4 \leftrightarrow 5$, $5 \leftrightarrow 2$, применяя который к опорному вектору получим следующую последовательность преобразований:

опорный вектор:	<table border="1"><tr><td>1</td><td>2</td><td>3</td><td>4</td><td>5</td></tr></table>	1	2	3	4	5
1	2	3	4	5		
	результат					
перестановка:	перестановки:					
$1 \leftrightarrow 3$	<table border="1"><tr><td>3</td><td>2</td><td>1</td><td>4</td><td>5</td></tr></table>	3	2	1	4	5
3	2	1	4	5		
$2 \leftrightarrow 5$	<table border="1"><tr><td>3</td><td>5</td><td>1</td><td>4</td><td>2</td></tr></table>	3	5	1	4	2
3	5	1	4	2		
$3 \leftrightarrow 1$	<table border="1"><tr><td>1</td><td>5</td><td>3</td><td>4</td><td>2</td></tr></table>	1	5	3	4	2
1	5	3	4	2		
$4 \leftrightarrow 5$	<table border="1"><tr><td>1</td><td>5</td><td>3</td><td>2</td><td>4</td></tr></table>	1	5	3	2	4
1	5	3	2	4		
$5 \leftrightarrow 2$	<table border="1"><tr><td>1</td><td>4</td><td>3</td><td>2</td><td>5</td></tr></table>	1	4	3	2	5
1	4	3	2	5		

В результате последней перестановки $5 \leftrightarrow 2$ получаем закодированную последовательность $\langle 1, 4, 3, 2, 5 \rangle$.

Отличительной особенностью данного способа представления является то, что закодированное представление не зависит от алфавита исходной последовательности. Иначе говоря, элементы опорного вектора могут быть произвольными, покрывать непрерывный или фрагментарный диапазон.

Рассмотрим кодирование множества чисел, допускающее многократное вхождение одинаковых элементов. На практике распространены задачи, решение которых представляет собой набор некоторых параметров. При этом области допустимых значений указанных параметров могут перекрываться или совпадать. Примером такой задачи является аппроксимация сложной функции полиномом, решение которой – набор коэффициентов перед слагаемыми соответствующего полинома.

Допустим, что необходимо закодировать следующее множество с повторениями:

1	1	2	4	6	1	2	5	4
---	---	---	---	---	---	---	---	---

Кодирование без учета порядка элементов во множестве. Данный подход предполагает, что порядок следования элементов во множестве не учитывается,

кодируемая информация – количество повторений того или иного элемента. При таком подходе можно использовать *числовую гомологичную хромосому*, в которой длина хромосомы совпадает с числом допустимых элементов, локус – элемент множества, аллель – число вхождений данного элемента в кодируемое множество. Следует обратить внимание, что сумма аллелей хромосомы должна совпадать с мощностью кодируемого множества. Если набор элементов составляют целые числа из диапазона [1, 9], то приведенное выше множество будет кодироваться следующей хромосомой.

3	2	0	2	1	1	0	0	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---

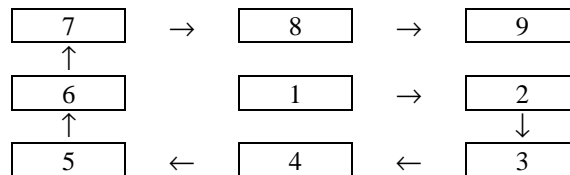
При прямом кодировании множества (с учетом порядка элементов) используется числовая гомологичная хромосома, в которой локус – позиция элемента в множестве, аллель – элемент из допустимого диапазона в данной позиции. Тогда получим:

1	1	2	4	6	1	2	5	4
---	---	---	---	---	---	---	---	---

При кодировании многомерной последовательности чисел анализируются задачи, данные которых организованы в виде n-мерной матрицы. Рассмотрим подходы к кодированию многомерной последовательности на примере плоской (двумерной) матрицы. Пусть мы имеем следующую двумерную матрицу:

1	6	3
4	8	2
5	9	7

При линейаризация n-мерного пространства происходит преобразование в одномерную последовательность. Основная идея состоит в том, чтобы пронумеровать все ячейки в соответствии с ранее заданным правилом (по строкам, по столбцам, вдоль главной/побочной диагонали, по спирали и т.п.). Например, нумерация позиций по правой спирали от центра к краям:



Предложенный подход позволяет развернуть приведенное выше размещение (двумерную последовательность) в одномерную:

8	2	7	9	5	4	1	6	3
---	---	---	---	---	---	---	---	---

После подобного преобразования можно использовать любой метод кодирования одномерной последовательности, предложенный выше.

При разложении по векторам подгруппы данных многомерной последовательности могут быть логически объединены. В этом случае такие логически связанные группы данных удобно представить как единичный элемент хромосомы – ген. При таком подходе многомерная последовательность кодируется с использованием *векторной хромосомы*, в которой локус соответствует логически связанной группе данных (строка, столбец матрицы; плоскость и т.п.), а аллель – кортежу $\langle x_1; x_2; \dots x_n \rangle$, соответствующему кодируемому подмножеству данных. Разложение по строкам приведенной выше матрицы позволит получить следующую хромосому:

<1; 6; 3>	<4; 8; 2>	<5; 9; 7>
-----------	-----------	-----------

При координатном представлении элементы, размещаемые в n -мерном пространстве не повторяются. Предлагается использовать векторную хромосому, в которой локус соответствует номеру элемента, а аллель – кортежу вида $\langle x_1; x_2; \dots; x_n \rangle$ – определяющему “координаты” элемента. Тогда получим:

<1; 3>	<3; 2>	<3; 3>	<1; 2>	<1; 1>	<2; 3>	<3; 1>	<2; 2>	<2; 1>
--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------

Отметим, что кроме рассмотренных существуют и иные методы кодирования информации.

Заключение. Математически доказано, что не существует идеальной структуры представления решений в генетических алгоритмах. Поэтому для получения эффективного решения оптимизационных задач необходимо сочетать все способы, которые позволят кодировать и декодировать любое возможное решение и производить его оценку. Способ представления различных типов данных в виде кода хромосомы определяет содержание отдельных операторов и генетического алгоритма в целом. Кроме того, правильный выбор представления, способов кодирования и декодирования обуславливает не только пространственную и временную сложность алгоритма, но и его эффективность.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. *Гринченко С.Н.* Метод «проб и ошибок» и поисковая оптимизация: анализ, классификация, трактовка понятия «Естественный отбор» <http://zhurnal.ape.relarn.ru/articles/2003/104.pdf>.
2. *Рутковская Д.* Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы. – М.: Горячая линия – Телеком, 2007. – 452 с.
3. *Бакало М.А.* Варианты представления различных типов данных, их кодирование и декодирование в виде хромосом // Известия ТРТУ. Тематический выпуск «Интеллектуальные САПР». – Таганрог: Изд-во ТРТУ, 2007. – С. 70-75.
4. *Гладков Л.А., Курейчик В.М., Курейчик В.В.* Генетические алгоритмы. – М.: Физматлит, 2006.

УДК 658.512

Б.К. Лебедев, В.Б. Лебедев, О.Б. Лебедев

ЭВОЛЮЦИОННЫЕ МЕХАНИЗМЫ ТРАССИРОВКИ В КАНАЛЕ*

Работа посвящена адаптивным поисковым алгоритмам детальной трассировки с использованием интеллектуальных процедур.

Рассматривается метод канальной трассировки (КТ), работающий с использованием процедур снижения пространственной сложности задачи трассировки.

При КТ каждая цепь, представляется в виде набора горизонтальных и вертикальных фрагментов. На взаимное расположение горизонтальных фрагментов накладываются ограничения, задаваемые с помощью графа вертикальных ограничений (ГВО) $G_V=(X,U)$ и графа горизонтальных ограничений (ГГО) $G_H=(X,W)$. Задача трассировки в канале рассматривается как задача распределения фиксированно-

* Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант № 07-01-00174).