

тогда сортировки вставками с использованием бинарного поиска. В такой ситуации сортировка всей хромосомы имеет порядок, близкий к $O(n)$.

В соответствии с этими рассуждениями, временная сложность BC процедуры декодирования всей популяции имеет оценку $O(n \cdot M) \leq BC \ll (n \cdot \log n \cdot M)$.

Генетический алгоритм размещения был реализован на языке C++ с использованием системы Borland C++ Builder 3.2. Экспериментальные исследования проводились на ЭВМ типа IBM PC/AT Pentium 200.

Для проведения исследований были синтезированы тестовые примеры: Ex.1 на 30 позиций, Ex.2 - 50; Ex.3 - 60; Ex.4 - 90 и Ex.5 - 120.

Результаты исследований генетического алгоритма размещения показывают, что для поиска оптимальных решений, близких к оптимальным, необходимо не более 150 поколений. Для схем из 100 элементов время решения - 160 секунд.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. *Казеннов Г.Г.* Основы проектирования интегральных схем и систем. – М.: Бинном. Лаборатория знаний, 2005.
2. *Naveed Sherwani.* Algorithms for VLSI physical design automation. Kluwer academic publishers. Boston /Dordrecht/ London. 1995.
3. *Щемелинин В.М.* Автоматизация топологического проектирования. – М.: МИЭТ, 2001.
4. Автоматизация проектирования радиоэлектронных средств. Учебное пособие. Под ред. *О.В.Алексеева.* – М.: Высшая школа, 2000.
5. *Апанович З.В., Марчук А.Г.* Современные стили проектирования и алгоритмы размещения при проектировании СБИС. // Системная информатика. Проблемы современного программирования. Вып.1. Новосибирск: Наука, Сибирское отделение, 1997. – С. 260-292.
6. *Лебедев Б.К., Лебедев О.Б.* Методы размещения. – Таганрог: Изд-во ТРТУ, 2006.
7. *Лебедев Б.К.* Адаптация в САПР. – Таганрог: Изд-во ТРТУ, 1999.

П.Г. Белявский

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МЕТОД РЕШЕНИЯ ЗАДАЧИ О НАЗНАЧЕНИЯХ

В настоящей статье рассматривается прикладная задача оптимального планирования грузовых морских перевозок как задача о наилучшем распределении некоторого числа работ между таким же числом исполнителей при условии взаимно однозначного соответствия между множествами работ и исполнителей. При ее решении ищут оптимальное назначение из условия максимума общей производительности, которая равна сумме производительностей исполнителей. Производительность каждого исполнителя при выполнении каждой из имеющихся работ задается заранее. Задача о назначениях представляет собой частный случай транспортной задачи. Наиболее эффективным методом решения линейной однокритериальной задачи о назначениях является венгерский метод, по которому исходя из частичного плана перевозок, за конечное число итераций можно построить оптимальный план перевозок. Задача о назначениях имеет много интерпретаций: распределение работ между механизмами, распределение целей между огневыми средствами для максимизации математического ожидания числа пораженных целей или среднего ущерба и др.

Задачи комбинаторной оптимизации обычно рассматриваются в однокритериальной постановке. Менее изученными, но важными в приложениях являются такие задачи, в которых множество допустимых решений соответствует классическому варианту, но выбор оптимального решения предполагает учет более одного параметра, или критерия. В этом случае мы имеем дело с NP-полной зада-

чей. Ясно, что изучение сложности возникающих таким образом задач представляет интерес лишь в случаях, когда соответствующие однокритериальные задачи полиномиально разрешимы.

В данной ситуации целесообразно применить генетический подход, неоднократно положительно зарекомендовавший себя при решении NP-полных задач. В теории моделирования эволюции структура и качество поколения потомков во многом зависит от того между какими особями происходит скрещивание. Поэтому в качестве одного из методов улучшения качества генерируемой новой популяции используется селекция или способ образования пар для скрещивания.

Система скрещивания, в которой любые две особи имеют равновероятную возможность образовать «родительскую» пару, называется *панмиксией* особей. При панмиксии частота $P(x_k^t, x_l^t)$ образования пары (x_k^t, x_l^t) не зависит от вариабельных признаков этих особей, а полностью определяется численностью популяции v :

$$P(x_k^t, x_l^t) = \frac{1}{v(v-1)}.$$

Хеммингово расстояние между особями определяется как число несовпадающих генов по своим значениям (аллелям) в соответствующих локусах в хромосомной строке.

Будем считать, что две особи являются «близкими родственниками», если Хеммингово расстояние между ними не превышает заданного положительного целого числа d , то есть хромосомы отличаются между собой не более, чем в d локусах. В частном случае d может равняться нулю.

Система скрещивания, в которой при образовании «родительской» пары используются особи, являющиеся «близкими родственниками», называется *инбридингом*. Подбор особей в «родительские пары» при инбридинге приводит к ускоренному размножению, при котором объединение «близких родственников» в пару происходит чаще, чем можно было бы ожидать при панмиксии. Инбридинг позволяет наиболее быстро выделить линию, несущую желаемые гены. Однако так как «близкие родственники» более сходны между собой в генетическом смысле, то у них большее число аллелей в отдельных генах совпадает между собой, что ведет при размножении к снижению разнообразия генофонда. Прямо противоположной к рассматриваемой системе скрещивания является *аутбридинг* – система скрещивания, в которой при образовании «родительской пары» предпочтение отдается генетически различным особям. При этом две особи имеют тем больше шансов для скрещивания, чем больше Хеммингово расстояние между ними.

Решения, выделенные какой-либо инбридной линией, оказываются неспособными к дальнейшему улучшению тем же способом скрещивания, что и раньше, и представляют собой локальные оптимумы, выйти из которых дает возможность аутбридинг.

В настоящей работе предлагается введение в генетический алгоритм макроэволюции, то есть развития нескольких субпопуляций. Трудностью при этом подходе является то, что после некоторого числа поколений хромосомы в отдельной популяции становятся очень похожими. Работа не с одной, а с несколькими начальными популяциями позволяет получить большее разнообразие генетического материала, позволяя вести эволюцию в отдельных субпопуляциях, в каждой из которых можно получить решения, недостижимые в одной популяции.

Если в пределах популяции свободное скрещивание особей нарушается на длительное время, то в процесс эволюции включается третий фактор – изоляция. В

результате действия изоляции образуются генотипически отличающиеся друг от друга субпопуляции. Скрещивание представителей этих субпопуляций оказывает положительный эффект на процесс эволюции. Предлагается включение в схему ГА фактора изоляции и миграции, что позволяет во многих случаях выходить из локальных оптимумов для задач оптимизации

И.А. Шкамардин

ВИДООБРАЗОВАНИЕ В ЭВОЛЮЦИОННЫХ АЛГОРИТМАХ*

Введение. В естественных системах, видообразование характеризуется половой изоляцией между двумя группами. Географическая изоляция между группами обычно происходит до половой изоляции. Если две группы одних и тех же разновидностей живут продолжительное время в различных окружающих средах, то они приспособятся, чтобы выживать в их специфических средах, и впоследствии у этих видов появятся фенотипичные различия. Ранее проводилось моделирование этой особенности в контексте искусственных систем. Однако основным вопросом остается: какие преимущества даст видообразование искусственным системам? В природе, видообразование, казалось бы, является потребностью, так как каждый организм должен приспособиться к специфической среде. Поэтому, первый вопрос, который необходимо рассмотреть: как можно определить окружающую среду в случае искусственных систем? Ответом на этот вопрос является то, что функция оценки фитнеса и определяет окружающую среду. Индивидуум, который добивается хороших результатов определенной функции оценки фитнеса, хорошо приспособлен к "среде", определенной этой функцией. Если внезапно изменить функцию оценки фитнеса, мы вынудим индивидуумов приспособляться к этому [1].

Поэтому, данный подход к моделированию естественного видообразования состоит в том, чтобы разделить область поиска на подпространства с немного различными критериями оценки фитнеса. Главной выгодой этой стратегии является то, что неконтролируемые области поиска могут быть разложены на составные части, облегчая, таким образом, процесс поиска.

Существует много различных способов осуществления этой стратегии, приведем один из этих подходов. Предположим, что K – это количество элементов алфавита и каждый ген, охватывает r соседних локусов хромосомы. Тогда можно установить следующую индексацию [2]:

$$I(g_j) = \sum_{i=0}^{r-1} L_i K^i,$$

где L_i представляет значение локуса i гена g_j .

Если разговор идет о целочисленном представлении, тогда будет K^r различных генов, каждый, из которых связан со специфическим индексом $I(g_j)$. Область поиска может быть разделена в соответствии с этими индексами. Если мы хотим создать S регионов, следует применять следующее правило [1]:

$$\frac{K^r}{S}(j-1) \leq R_j \leq \frac{K^r}{S} j, \quad j = 1, 2, \dots, S,$$

* Работа выполнена при поддержке РФФИ, грант № 06-01-81018-Бел_а