

рішення в сучасних технологіях. – Х: НТУ «ХП», – 2013. - № 4 (978). – С. 89-93. – Бібліогр.:4 назв.

У роботі запропоновано модель організаційної структури, яка описує склад підрозділів, відповідальних за управління проектною діяльністю енергетичної служби підприємства і системи планово-попереджувального ремонту електроенергетичного обладнання.

Ключові слова: проект, управління проектами, енергетична служба, планово-попереджувальний ремонт, організаційна модель

In this article offers organizational structure model, describing composition of subdivisions be in charge of power service enterprise and system of preventive-maintenance repair of electroenergy equipment project management.

Keywords: project, project management, power service, preventive-maintenance repair, organizational model.

УДК 519.161

А. О. ДАНИЛЬЧЕНКО, асистент, ЖДТУ, Житомир

МОДИФІКАЦІЯ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ ДЛЯ ВИРІШЕННЯ ЗАДАЧІ ПРО ПАРОСПОЛУЧЕННЯ ЗІ ЗНИКАЮЧИМИ ДУГАМИ

Прикладна задача складання оптимального розкладу прийому лікувальних процедур може бути зведена до розширеної математичної задачі пошуку максимального паросполучення у дводольному графі. Основною складністю вирішення цієї задачі є необхідність врахування обмежень на приймання процедур. Наведено модифікацію генетичного алгоритму для розв'язання задачі про паросполучення зі зникаючими дугами. Запропоновано спосіб кодування множини дуг дводольного графа у «геном» особи та визначено функцію пристосованості, яка є основою для реалізації генетичного розвитку популяції. Наведено всі необхідні етапи для знаходження розв'язку задачі: формування початкової популяції, формування проміжної популяції, схрещування, мутація, аналіз популяції та критерії зупинення алгоритму. Дослідження довело коректну роботу запропонованого алгоритму.

Ключові слова: генетичний алгоритм, дводольний граф, паросполучення, розклад

Вступ

Прикладна задача складання оптимального розкладу прийому лікувальних процедур пацієнтами санаторію може бути зведена до розширеної математичної задачі пошуку максимального паросполучення у дводольному графі [1, 2].

Для вирішення цієї задачі та подібних задач (розподіл за часом обмежених ресурсів, призначення виконання різних видів робіт, тощо) широко використовують методи комбінаторної оптимізації [3]. У статті [4] автором вже запропоновано точний алгоритм, який, дозволяє врахувати задані обмеження та має порівняно з оптимальним алгоритмом [1] меншу обчислювальну складність.

Однак, задача про паросполучення може бути розв'язана й іншими відомими методами: мурашиним, генетичним алгоритмом або методом гілок і меж, тощо.

Аналіз літератури

Мурашиний алгоритм [5, 6] - один з ефективних поліноміальних алгоритмів для знаходження наближених рішень задачі комівояжера [7], а також аналогічних завдань пошуку маршрутів на графах. Суть підходу полягає в аналізі та використанні моделі поведінки мурах, що шукають шляхи від колонії до джерела живлення.

Генетичні алгоритми [8 - 11] дозволяють розв'язувати широке коло складних

задач багатокритеріальної оптимізації шляхом випадкового підбору, комбінування та зміни параметрів моделювання способами, що подібні до біологічної еволюції (наслідування, мутація, відбір). Застосовують ці алгоритми й для розв'язку задач на графах. Існує досить багато модифікацій генетичних алгоритмів. Але всім їм властива універсальність. Тобто від задачі, яку необхідно розв'язати, залежить визначення функції пристосованості й спосіб кодування рішень. Решта же етапів генетичних алгоритмів виконується однаково для будь-яких задач.

Метод гілок і меж [9-11] є загальним алгоритмічним методом вирішення різноманітних оптимізаційних задач. Він широко застосовується для таких NP-повних задач, як задача комівояжера та задача о ранці. В методі гілок і меж використовуються дві процедури: розгалуження та знаходження оцінок (меж).

Ціль статті - здійснити модифікацію генетичного алгоритму, та адаптувати його до вирішення математичної задачі про паросполучення зі зникаючими дугами для складання оптимального розкладу прийому лікувальних процедур пацієнтами санаторію.

Основна частина

Постановка задачі

Розклад призначених процедур для пацієнтів заданий дводольним графом $G=(X,Y,E)$, де X – множина вершин графу, що відповідають всім можливим проміжкам прийому процедур, $\|X\|=m$; Y – множина вершин графу, які відповідають процедурам, що призначені пацієнтам, $\|Y\|=n$ (при цьому кожна вершина множини Y має ознаку приналежності до певного пацієнта); E – множина ребер графу. Ребро $(x_i, y_k) \in E$, $x_i \in X$, $y_k \in Y$, $i=1..m$, $k=1..n$ в тому випадку, коли процедура y_k може бути призначена для прийому визначеним пацієнтом у проміжок часу x_i .

Відомі відношення слідства $(x_i, y_j) \rightarrow C_{i,j} = \{(x_i, y_{j_1}), \dots, (x_i, y_{j_k})\}$, що відповідають заданим обмеженням щодо сумісності процедур. При цьому кожній дузі (x_i, y_j) з множини E однозначно відповідає відношення слідства $C_{i,j}$, $\emptyset \leq C_{i,j} \leq E$, яке є підмножиною E .

При обранні будь-якої дуги (x_i, y_j) для включення її до M множина ребер E графа G може змінитися та буде виражатися як $E'_{(x_i, y_j)} = E - C_{i,j}$.

Необхідно знайти оптимальне рішення задачі, яким є найбільше паросполучення M , що враховує задані обмеження. У загальному випадку, із урахуванням обмежень, паросполучення M може містити деяку підмножину заданих на графі дуг E , таких, що $\emptyset \leq M \leq E$. Тобто маємо знайти таку їх комбінацію, яка об'єднує найбільшу кількість сумісних дуг e_i .

Введення термінів генетичного алгоритму

Особиною будимо називати вектор

$$X^{(p)} = \{x_1, x_2, \dots, x_q, \dots, x_Q\},$$

де p – індекс особини у популяції розміру P , $p = \overline{1, P}$;

x_q - «ген» особини ($q = \overline{1, Q}$, $Q = \|E\|$), такий, що

$$x_q = \begin{cases} 1, & \text{якщо } e_q \in M; \\ 0, & \text{якщо } e_q \notin M. \end{cases}$$

Таким чином у генетичному алгоритмі на кожному етапі ми формуватимемо P варіантів паросполучення M .

Для оцінки «життєздатності» кожної окремо взятої особини популяції необхідно мати функцію пристосовуваності. Вона повинна врахувати, по-перше, сумісність набору процедур (тобто дуг, включених у «генетичний набір»); по-друге, умову призначення найбільшої можливої кількості процедур (побудови найбільшого паросполучення M) при заданих обмеженнях.

З цією метою введемо функцію пристосовуваності:

$$f(X^{(p)}) = \prod_{\forall x_q > 0} g(x_q) \cdot \sum_{\forall x_q > 0} g(x_q), \quad (1)$$

де $g(x_q)$ - параметр сумісності процедур, що визначається як

$$g(x_q) = \begin{cases} 0, & \text{якщо } e_q \in \bigcup_{\forall x_k > 0; k \neq q} C_k; \\ 1, & \text{інакше.} \end{cases} \quad (2)$$

Фізична сутність параметра (2) полягає у тому, що він приймає значення 0 у тому випадку, коли дуга e_q не може бути включена до паросполучення, оскільки входить до множини відношень слідства інших дуг «генетичного набору».

Відповідно, перша частина функції (1) прийме значення 0, якщо хоча б одна дуга поточного варіанту паросполучення M несумісна з іншими. У разі, коли перша частина функції пристосовуваності дорівнює 1, друга підсумовує кількість дуг, що дає потужність отриманого варіанту паросполучення. Таким чином, по критерію максимуму функції пристосовуваності може бути здійснено відбір особин, що найкраще за інших відповідають заданим обмеженням.

Формування початкової популяції

У класичному генетичному алгоритмі:

- розмір популяції P не змінюється під час роботи алгоритму;
- початкова популяція формується випадковим чином. При цьому кожна особина кодується випадковим вектором; довжина цього вектора для всіх особин однакова.

Розмір популяції не повинен бути занадто великим, щоб не збільшувати обчислювальну складність алгоритму, але не може бути й замалим, що унеможливить еволюцію популяції. В загальному випадку для нашої задачі P можна прирівняти до $\|E\|$.

Тоді для формування початкової популяції необхідно отримати «генотипи» для кожної її особини, використовуючи в якості «генів» випадкові величини $\xi \in \{0,1\}$:

$$X_{\forall p}^{(p)} = \{x_1, x_2, \dots, x_q, \dots, x_Q\}_{x_q = \xi}.$$

Таким чином, початкова популяція міститиме довільний набір особин, серед яких можуть бути як «життєздатні», так і «нежиттєздатні» особини.

Відбір для формування проміжної популяції

Проміжна популяція містить особини, яким дозволено розмноження. Більш пристосовані особини залучаються до цієї популяції з більшою ймовірністю, «нежиттєздатні» - можуть взагалі до неї не включатися.

У класичному генетичному алгоритмі ймовірність кожної особини опинитися в проміжній популяції пропорційна її пристосованості. Тим самим реалізується так званий пропорційний відбір.

Основними способами його здійснення є:

- stochastic sampling. Ймовірність вибору кожної з особин пропорційна значенню функції її пристосовуваності. P раз виконуючи випадковий вибір, отримуємо проміжну популяцію;

- remainder stochastic sampling. Розраховують середню пристосованість популяції

$$SP = \frac{\sum_{\forall p} f(X^{(p)})}{P}.$$

Для кожної з особин популяції розраховують відношення значення її пристосованості до значення середньої пристосованості популяції, отримуючи її відносну пристосованість

$$VP^{(p)} = \frac{f(X^{(p)})}{SP}.$$

Ціла частина відносної пристосованості визначає кількість включення особини у проміжну популяцію, а дрібна – ймовірність додаткового включення.

Схрещування

Всі особини проміжної популяції випадковим чином розбиваються на пари. З деякою заданою ймовірністю вони схрещуються, у результаті чого отримані потомки записуються до нового покоління популяції. Якщо схрещування не відбулося, до нового покоління цю пару особин переносять без змін.

Сама процедура схрещування в класичному генетичному алгоритмі виконується за допомогою однострочкового оператора (1-point crossover): випадковим чином обирається точка розділу «генетичного коду» батьків, потомки формуються за рахунок обміну його відсіченими частинами.

Відповідно, для нашої задачі, необхідно визначити точку розділу як випадкову дискретну величину $\eta = \{1, 2, \dots, Q\}$.

Тоді для пари $X^{(\alpha)}$ и $X^{(\beta)}$, $\alpha \in \overline{1, Q}$, $\beta \in \overline{1, Q}$ кожна особина може бути представлена сумою підмножин до й після точки розділу:

$$X^{(\alpha)} = X^{(\alpha)}|_{\eta^-} \cap X^{(\alpha)}|_{\eta^+} = \{x_1, x_2, \dots, x_\eta\}^{(\alpha)} \cap \{x_{\eta+1}, x_{\eta+2}, \dots, x_Q\}^{(\alpha)};$$

$$X^{(\beta)} = X^{(\beta)}|_{\eta^-} \cap X^{(\beta)}|_{\eta^+} = \{x_1, x_2, \dots, x_\eta\}^{(\beta)} \cap \{x_{\eta+1}, x_{\eta+2}, \dots, x_Q\}^{(\beta)}.$$

Відповідно, потомки будуть визначатися як

$$X^{(\alpha)'} = X^{(\beta)}|_{\eta^-} \cap X^{(\alpha)}|_{\eta^+} = \{x_1, x_2, \dots, x_\eta\}^{(\beta)} \cap \{x_{\eta+1}, x_{\eta+2}, \dots, x_Q\}^{(\alpha)};$$

$$X^{(\beta)'} = X^{(\alpha)}|_{\eta^-} \cap X^{(\beta)}|_{\eta^+} = \{x_1, x_2, \dots, x_\eta\}^{(\alpha)} \cap \{x_{\eta+1}, x_{\eta+2}, \dots, x_Q\}^{(\beta)}.$$

Мутація

Кожна з особин нового покоління, отриманого за результатом відбору та схрещування, може мутувати.

Процедура мутації популяції необхідна для виходу за межі локального екстремуму та недопущення передчасного її зведення.

Сутність процедури мутації в класичному генетичному алгоритмі полягає в інвертуванні кожного «гена» кожної особини популяції з деякою ймовірністю, що є параметром алгоритму.

Для більшості модифікацій генетичного алгоритму цю ймовірність приймають рівною $1/Q$ (у деяких – рівною $1/P$).

Позначимо через μ випадкову дискретну величину, що приймає значення 1 при

мутації «гена», та 0 – навпаки. При цьому значення μ для кожного «гена» кожної особи популяції розраховується окремо.

Тоді «геном» особи після мутації може бути записаний як (застосовуємо операцію складання по модулю 2 двох величин, що приймають дискретні значення $\{0,1\}$):

$$X^{(p)} = X^{(p)} \Big|_{\forall \mu} = \{x_1 \oplus \mu_1, x_2 \oplus \mu_2, \dots, x_q \oplus \mu_q, \dots, x_Q \oplus \mu_Q\}.$$

Аналіз популяції та критерії зупинення алгоритму

Після завершення всіх наведених вище операцій, особи отриманої популяції повинні бути проаналізовані.

Процес еволюції у генетичних алгоритмах, у загальному випадку, може бути нескінченним. Тому на практиці для зупинення моделювання задають відповідні критерії. Це може бути визначене число поколінь популяції, зведення популяції до області деякого екстремума, тощо.

Виходячи з постановки нашої задачі, основним критерієм зупинення алгоритму є знаходження такого паросполучення, яке забезпечує сумісність усіх призначених процедур. Таким чином, якщо для будь-якої особи популяції $f(X^{(p)}) = \|Y\|$, маємо відповідність її «генотипу» оптимальному рішення.

Факт зведення популяції до області деякого екстремума може бути виявлений на основі значення SP .

Якщо виконано умови основного або додаткових критеріїв зупинення алгоритму, за рішення задачі приймають найбільш пристосовану особину кінцевої популяції.

Приклад розв'язання задачі про паросполучення зі зникаючими дугами за допомогою генетичного алгоритму

Потрібно побудувати розклад для 2-х пацієнтів санаторію. Першому призначено 1 і 2 процедуру, другому – лише 1 процедуру. Час роботи процедурного кабінету № 1: $9^{30} - 13^{30}$, тривалість процедури 1 год., технічна перерва 30 хв. Час роботи процедурного кабінету № 2: $9^{30} - 13^{00}$, тривалість процедури 30 хв, технічна перерва 1 год.

На рис. 1 показано побудову відповідного дводольного графу для наведеного прикладу. Світлі ребра позначають можливі часові проміжки для призначення кожної процедури пацієнта. Темні ребра будуть

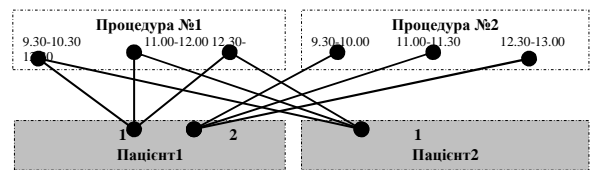


Рис. 1 – Початковий дводольний граф

відповідати максимальному паросполученню в графі і позначатимуть часові проміжки, на які призначена процедура відповідно розкладу.

Окрім обмежень щодо часу проведення процедур може виникнути необхідність врахування їх сумісності – зокрема, наприклад те, що наступна процедура для деякого пацієнта не може стояти в розкладі після попередньої раніше, ніж через вказаний в таблиці сумісності проміжок часу. Відношення слідства, що визначають обмеження сумісності процедур, описані виразами $(x_i, y_j) \rightarrow C_{i,j} = \{(x_i, y_j), \dots, (x_k, y_k)\}$:

$$(x_1, y_1) \rightarrow C_{1,1} = \{(x_1, y_3), (x_2, y_1), (x_3, y_1), (x_4, y_2), (x_5, y_2)\};$$

$$(x_2, y_1) \rightarrow C_{2,1} = \{(x_2, y_3), (x_1, y_1), (x_3, y_1), (x_5, y_2), (x_6, y_2)\};$$

$$(x_3, y_1) \rightarrow C_{3,1} = \{(x_3, y_3), (x_1, y_1), (x_2, y_1), (x_6, y_2)\};$$

$$(x_4, y_2) \rightarrow C_{4,2} = \{(x_5, y_2), (x_6, y_2), (x_1, y_1)\};$$

$$(x_5, y_2) \rightarrow C_{5,2} = \{(x_4, y_2), (x_6, y_2), (x_1, y_1), (x_2, y_1)\};$$

$$(x_6, y_2) \rightarrow C_{6,2} = \{(x_4, y_2), (x_5, y_2), (x_2, y_1), (x_3, y_1)\};$$

$$(x_1, y_3) \rightarrow C_{1,3} = \{(x_2, y_3), (x_3, y_3), (x_1, y_1)\};$$

$$(x_2, y_3) \rightarrow C_{2,3} = \{(x_1, y_3), (x_3, y_3), (x_2, y_1)\};$$

$$(x_3, y_3) \rightarrow C_{3,3} = \{(x_1, y_3), (x_2, y_3), (x_3, y_1)\}.$$

Враховуючи імовірнісний характер генетичного алгоритму, наведемо варіант розв'язку нашої задачі. Задамо початкові дані.

Розмір «генотипу» $Q = \|E\| = 9$. Будемо оперувати популяцією з $P = \|E\| = 9$ особин.

Імовірність мутації приймемо рівною $1/9$. Імовірність схрещування – рівною $0,5$.

Обмежимо роботу алгоритму 10 поколіннями.

Критерієм зупинення алгоритму є виявлення у популяції поточного покоління особини зі значенням функції пристосованості $f(X^{(p)}) = \|Y\| = 3$.

Сформуємо початкову популяцію (покоління 0).

До її складу, у результаті моделювання, увійшли наступні особини:

$$X^{(1)} = \{0,0,1,1,0,1,1,1,0\}, \quad X^{(2)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \quad X^{(3)} = \{0,1,1,1,0,1,0,0,1\},$$

$$X^{(4)} = \{0,1,1,0,0,1,0,1,0\}, \quad X^{(5)} = \{0,1,0,1,1,1,1,1,0\}, \quad X^{(6)} = \{1,0,0,0,0,1,1,1,0\},$$

$$X^{(7)} = \{1,0,0,0,1,0,1,0,0\}, \quad X^{(8)} = \{1,0,0,0,1,0,1,0,1\}, \quad X^{(9)} = \{1,1,1,0,1,0,0,0,1\}.$$

Формуємо проміжну популяцію.

Розраховуємо значення функції пристосованості для всіх особин. Отримуємо $f(X^{(2)}) = 2$, та нульові значення для інших особин.

Середня пристосованість популяції складає $SP = \frac{2}{9} \approx 0,22$.

Розраховуємо відносну пристосованість особин: $VP^{(2)} = \frac{2}{0,22} \approx 9,09$; для інших –

нуль.

Відповідно, уся проміжна популяція в даному випадку буде складатися з «клонів» особини $X^{(2)}$.

Етап схрещування за такого «генетичного набору» є тривіальним і не призводить до змін «геному» особин.

Виконуємо процедуру мутації (у особини $X^{(3)}$ мутували гени 3,4,6; у $X^{(5)}$ – ген 8; у $X^{(7)}$ – гени 4, 5; у $X^{(8)}$ – ген 7; у $X^{(9)}$ – гени 5 і 8):

$$X^{(1)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \quad X^{(2)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \quad X^{(3)} = \{0,0,0,1,0,1,1,0,0\},$$

$$X^{(4)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \quad X^{(5)} = \{0,0,1,0,0,0,1,1,0\}, \quad X^{(6)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\},$$

$$X^{(7)} = \{0,0,1,1,1,0,1,0,0\}, \quad X^{(8)} = \{0,0,1,0,0,0,0,0,0\}, \quad X^{(9)} = \{0,0,1,0,1,0,1,1,0\}.$$

Аналізуємо отриману популяцію, розраховуючи функції пристосованості особин. Отримуємо нульові значення для особин $X^{(3)}$, $X^{(5)}$, $X^{(7)}$, $X^{(9)}$; значення 1 для особини $X^{(8)}$; значення 2 – для решти (особини $X^{(1)}$, $X^{(2)}$, $X^{(4)}$, $X^{(6)}$).

Критерій зупинення алгоритму не виконано.

Формуємо проміжну популяцію (покоління 1).

Середня пристосованість популяції складає $SP = \frac{1+8}{9} = 1$.

Розраховуємо відносну пристосованість особин: $VP^{(8)} = 1$, $VP^{(1)} = 2$, $VP^{(2)} = 2$, $VP^{(4)} = 2$, $VP^{(6)} = 2$; для інших – нуль.

Відповідно, проміжна популяція в даному випадку буде складатися з особини $X^{(8)}$ та двох «клонів» кожної з особин $X^{(1)}$, $X^{(2)}$, $X^{(4)}$, $X^{(6)}$.

Схрещування $X^{(8)}$ не відбулося. Решта особин за такого «генетичного набору» також не змінила «геноми».

Виконуємо процедуру мутації (у особини $X^{(4)}$ мутувал ген 8; у $X^{(5)}$ – гени 5, 8; у $X^{(6)}$ – ген 8; у $X^{(7)}$ – гени 2, 5; у $X^{(8)}$ – гени 1 і 8):

$$X^{(1)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(2)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(3)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\},$$

$$X^{(4)} = \{0,0,1,0,0,0,1,1,0\}, X^{(5)} = \{0,0,1,0,1,0,1,1,0\}, X^{(6)} = \{0,0,1,0,0,0,1,1,0\},$$

$$X^{(7)} = \{0,1,1,0,1,0,1,0,0\}, X^{(8)} = \{1,0,1,0,0,0,0,1,0\}, X^{(9)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}.$$

Аналізуємо отриману популяцію, розраховуючи функції пристосованості особин. Отримуємо значення 2 для особин $X^{(1)}$, $X^{(2)}$, $X^{(3)}$, $X^{(9)}$; значення 0 – для решти (особини $X^{(4)}$, $X^{(5)}$, $X^{(6)}$, $X^{(7)}$, $X^{(8)}$). Критерій зупинення алгоритму не виконано.

Формуємо проміжну популяцію (покоління 2).

Середня пристосованість популяції складає $SP = \frac{8}{9} \approx 0,89$.

Розраховуємо відносну пристосованість особин:
 $VP^{(1)} = VP^{(2)} = VP^{(3)} = VP^{(9)} = \frac{2}{0,89} \approx 2,25$; для інших – нуль.

Відповідно, проміжна популяція в даному випадку буде складатися з двох «клонів» кожної з особин $X^{(1)}$, $X^{(2)}$, $X^{(3)}$, $X^{(9)}$. З ймовірністю 0,25 до популяції буде включено ще один «клон» однієї з цих особин.

Враховуючи, що $X^{(1)} = X^{(2)} = X^{(3)} = X^{(9)}$, за такого «генетичного набору» змін у «геномах» у результаті схрещування не відбулося.

Виконуємо процедуру мутації (у особини $X^{(3)}$ мутувал ген 1; у $X^{(4)}$ – гени 3, 5; у $X^{(5)}$ – гени 4, 6; у $X^{(6)}$ – ген 2; у $X^{(7)}$ – ген 1; у $X^{(9)}$ – гени 7, 9):

$$X^{(1)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(2)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(3)} = \{1,0,1,0,0,0,1,0,0\},$$

$$X^{(4)} = \{0,0,0,0,1,0,1,0,0\}, X^{(5)} = \{0,0,1,1,0,1,1,0,0\}, X^{(6)} = \{0,1,1,0,0,0,1,0,0\},$$

$$X^{(7)} = \{1,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(8)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(9)} = \{0,0,1,0,0,0,0,0,1\}.$$

Аналізуємо отриману популяцію, розраховуючи функції пристосованості особин. Отримуємо значення 2 для особин $X^{(1)}$, $X^{(2)}$, $X^{(4)}$, $X^{(8)}$; значення 0 – для решти (особини $X^{(3)}$, $X^{(5)}$, $X^{(6)}$, $X^{(7)}$, $X^{(9)}$). Критерій зупинення алгоритму не виконано.

Формуємо проміжну популяцію (покоління 3).

Середня пристосованість популяції складає $SP = \frac{8}{9} \approx 0,89$.

Розраховуємо відносну пристосованість особин:

$$VP^{(1)} = VP^{(2)} = VP^{(4)} = VP^{(8)} = \frac{2}{0,89} \approx 2,25; \text{ для інших – нуль.}$$

Відповідно, проміжна популяція в даному випадку буде складатися з двох «клонів» кожної з особин $X^{(1)}$, $X^{(2)}$, $X^{(4)}$, $X^{(8)}$. За результатами моделювання до популяції включено ще один «клон» $X^{(2)}$:

$$\begin{aligned} X^{(1)} &= \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(2)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(3)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \\ X^{(4)} &= \{0,0,0,0,1,0,1,0,0\}, X^{(5)} = \{0,0,0,0,1,0,1,0,0\}, X^{(6)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \\ X^{(7)} &= \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(8)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X^{(9)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}. \end{aligned}$$

Виконуємо процедуру схрещування.

Випадковим чином визначаємо пари: $X^{(8)}$ та $X^{(3)}$, $X^{(7)}$ та $X^{(5)}$, $X^{(4)}$ та $X^{(9)}$, $X^{(2)}$ та $X^{(6)}$. Схрещування відбулося для трьох із чотирьох пар по випадкових точках розподілу $\eta = 7, 3, 8$:

$$\begin{aligned} X^{(8)} \rightarrow X'^{(8)} \Big|_{\eta=7} &= \{0,0,1,0,0,0,1\} \cap \{0,0\} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}; \\ X^{(3)} \rightarrow X'^{(3)} \Big|_{\eta=7} &= \{0,0,1,0,0,0,1\} \cap \{0,0\} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}; \\ X^{(7)} \rightarrow X'^{(7)} \Big|_{\eta=3} &= \{0,0,1\} \cap \{0,1,0,1,0,0\} = \{0,0,1,0,1,0,1,0,0\}; \\ X^{(5)} \rightarrow X'^{(5)} \Big|_{\eta=3} &= \{0,0,0\} \cap \{0,0,0,1,0,0\} = \{0,0,0,0,0,1,0,0\}; \\ X^{(2)} \rightarrow X'^{(2)} \Big|_{\eta=8} &= \{0,0,1,0,0,0,1,0\} \cap \{0\} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}; \\ X^{(6)} \rightarrow X'^{(6)} \Big|_{\eta=8} &= \{0,0,1,0,0,0,1,0\} \cap \{0\} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}. \end{aligned}$$

У результаті маємо такий набір особин:

$$\begin{aligned} X'^{(1)} &= \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X'^{(2)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X'^{(3)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \\ X'^{(4)} &= \{0,0,0,0,1,0,1,0,0\}, X'^{(5)} = \{0,0,0,0,1,0,1,0,0\}, X'^{(6)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, \\ X'^{(7)} &= \{0,0,1,0,1,0,1,0,0\}, X'^{(8)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}, X'^{(9)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,0\}. \end{aligned}$$

Виконуємо процедуру мутації (у особини $X'^{(1)}$ мутувал ген 4; у $X'^{(2)}$ – ген 6; у $X'^{(3)}$ – ген 9; у $X'^{(4)}$ – ген 9; у $X'^{(6)}$ – ген 3; у $X'^{(8)}$ – ген 9; у $X'^{(9)}$ – гени 4, 8):

$$\begin{aligned} X''^{(1)} &= \{0,0,1,1,0,0,1,0,0\}, X''^{(2)} = \{0,0,1,0,0,1,1,0,0\}, X''^{(3)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,1\}, \\ X''^{(4)} &= \{0,0,0,0,1,0,1,0,1\}, X''^{(5)} = \{0,0,0,0,1,0,1,0,0\}, X''^{(6)} = \{0,0,0,0,0,0,1,0,0\}, \\ X''^{(7)} &= \{0,0,1,0,1,0,1,0,0\}, X''^{(8)} = \{0,0,1,0,0,0,1,0,1\}, X''^{(9)} = \{0,0,1,1,0,0,1,1,0\}. \end{aligned}$$

Аналізуємо отриману популяцію, розраховуючи функції пристосованості особин. Отримуємо значення 3 для особин $X''^{(1)}$, $X''^{(7)}$; значення 2 для $X''^{(5)}$; значення 1 для $X''^{(6)}$; значення 0 – для решти (особини $X''^{(2)}$, $X''^{(3)}$, $X''^{(4)}$, $X''^{(8)}$, $X''^{(9)}$).

Критерій зупинення алгоритму виконано.

Розв'язком задачі є (виходячи з «геному» особин $X''^{(1)}$, $X''^{(7)}$) паросполучення

$$M = \{e_3, e_4, e_7\} = \{(x_3, y_1), (x_4, y_2), (x_1, y_3)\}$$

або

$$M = \{e_3, e_5, e_7\} = \{(x_3, y_1), (x_5, y_2), (x_1, y_3)\}$$

Ці паросполучення відповідають варіантам (рис. 2) оптимальних рішень, які були отримані методом повного перебору [4].

Таким чином, можемо говорити про коректну роботу наведеного алгоритму щодо пошуку оптимального розв'язку нашої задачі.

Висновки

Наведено модифікацію генетичного алгоритму для розв'язання задачі про паросполучення зі зникаючими дугами. З цією метою запропоновано спосіб кодування множини дуг дводольного графа у «геном» особи та визначено функцію пристосовуваності, яка є основою для реалізації генетичного розвитку популяції.

Наведено всі необхідні етапи модифікованого генетичного алгоритму для знаходження розв'язку задачі про паросполучення зі зникаючими дугами, а саме: формування початкової популяції, відбір для формування проміжної популяції схрещування, мутація, аналіз популяції та критерії зупинення алгоритму.

Проведені дослідження довели можливість отримання допустимого оптимального розв'язку задачі про паросполучення зі зникаючими дугами при застосуванні модифікованого генетичного алгоритму.

Список літератури: 1. Данильченко О. М., Данильченко А. О., Ібрагім С. А. Розв'язання одного класу задач складання розкладів генетичними алгоритмами на кластерних системах // Вісник ЖІТІ, 2004. – № 4. – С. 130–135. 2. Данильченко О. М., Данильченко А. О., Інтелектуальний аналіз даних (Data Mining), Навчальний посібник. – Житомир: ЖДТУ, 2009. – 405 с. 3. Рейнгольд Э., Нивергельт Ю., Део Н. Комбинаторные алгоритмы. Теория и практика. – М.: Мир, 1980. – 476 с. 4. Панішев А. В., Данильченко А. М., Данильченко А. А. Задача про паросполучення зі «зникаючими» дугами // Збірник наукових праць «Моделювання та інформаційні технології», 2012. – № 63. – С. 75–81. 5. Штовба С. Д. Муравьиные алгоритмы. Exponenta Pro // Математика в приложениях. – 2003. – №4. – С. 70–75. 6. Dorigo M., Maniezzo V. & Coloni A. Optimization by a Colony of Cooperating Agents // IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics-Part B. – 1996. – 26 (1). – Р. 29–41. 7. Литтл Д. Ж., Мурти К., Суини Д., Кэрел К. Алгоритм для решения задачи коммивояжера // Экономика и математические методы. – 1965. – Т. 1. – вып. 1. – С. 90–107. 8. Гладков Л. А., Курейчик В. В., Курейчик В. М. Генетические алгоритмы: Учебное пособие. — 2-е изд. — М.: Физматлит, 2006. — 320 с. 9. Харари Ф. Теория графов: Пер. с англ. и предисл. В. П. Козырева / Под ред. Г. П. Гаврилова. – 2-е. изд. – М.: Едиториал УРСС, 2003. – 296 с. 10. Жолобов Д. А. Введение в математическое программирование: Учебное пособие. - М.: МИФИ, 2008. - 376 с. 11. Акулич И. Л. Математическое программирование в примерах и задачах. - СПб, М.: «Лань», 2011. - 185 с.

Надійшла до редакції 20.01.2013

УДК 519.161

Модифікація генетичного алгоритму для вирішення задачі про паросполучення зі зникаючими дугами/ А. О. Данильченко/ // Вісник НТУ «ХПІ». Серія: Нові рішення в сучасних технологіях. – Х: НТУ «ХПІ», – 2013. – № 4 (978). – С. 93–102. – Бібліогр.: 11 назв.

Прикладная задача составления оптимального расписания приема лечебных процедур может быть сведена к расширенной математической задаче поиска максимального

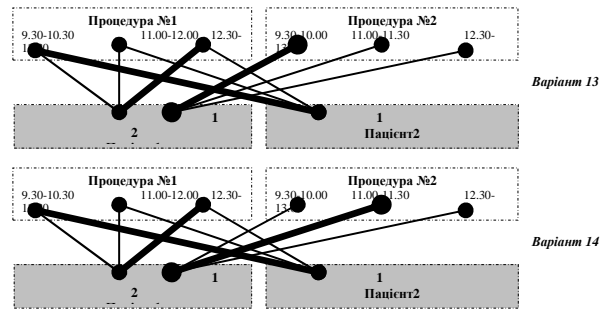


Рис. 2 – Розв'язок задачі у вигляді паросполучень відповідальних варіантам оптимальних рішень, отриманих методом повного перебору

паросочетания в двудольном графе. Основной сложностью решения этой задачи является необходимость учета ограничений на прием процедур. Приведена модификация генетического алгоритма для решения задачи о паросочетания с исчезающими дугами. Предложен способ кодирования множества дуг двудольного графа в «геной» особе и определена функция приспособляемости, которая является основой для реализации генетического развития популяции. Приведены все необходимые этапы для нахождения решения задачи: формирование начальной популяции, формирование промежуточной популяции, скрещивание, мутация, анализ популяции и критерии остановки алгоритма. Исследование доказало корректную работу предложенного алгоритма.

Ключевые слова: генетический алгоритм, двудольный граф, паросочетание, расписание

Applied problem of optimal scheduling receiving treatments can be reduced to an advanced mathematical problem finding the maximum matching in a bipartite graph. The main difficulty of solving this problem is the need to take account of restrictions on admission procedures.

Shows a modification of the genetic algorithm to solve the problem of matching with vanishing edges. We propose a method of encoding a set of arcs in the bipartite graph, "Gena" individuals and the responsibilities of adaptability, which is the basis for the realization of the genetic population. Given all the necessary steps to find a solution of the problem: the formation of the initial population, the formation of intermediate population, crossover, mutation, population analysis and criteria for stopping the algorithm. Research has proven the correct operation of the algorithm.

Keywords: genetic algorithm, bipartite graph, matching, schedule

УДК 620.179.17

К. Л. НОЗДРАЧОВА, канд. техн. наук, доц. НТУ «ХПИ»

ВИЗНАЧЕННЯ “МЕРТВОЇ ЗОНИ” ПРИ УЛЬТРАЗВУКОВОМУ КОНТРОЛІ ВИРОБІВ ЦИЛІНДРИЧНОЇ ФОРМИ

Визначено мінімальну відстань від перетворювача, або “мертву зону” у довгомірному виробі, починаючи з якої ультразвукове поле заповнює весь переріз ОК на деякій його відстані. Наведені розрахунки для стрижнів з різних матеріалів та діаметру, а також розмірів та конструкції перетворювача та кута введення α ультразвукових імпульсів у виріб.

Ключові слова: “мертва зона”, п’єзоперетворювач, ультразвукове поле, прозвучування, контроль

Важливою характеристикою чутливості ультразвукового контролю являється розмір мертвої зони[1]. Наявність «мертвої зони» – це, мабуть, основний недолік луна-методу ультразвукового контролю, котрий в деяких випадках, обмежує його застосування, знижує надійність та ефективність контролю. Мертва зона представляє собою поверхневий шар, що не контролюється, в якому сигнал від дефекту (штучного відбивача) не відокремлюється від збуджуючого (зондуємого). Тому виключення або зменшення мертвої зони, являється актуальною науково-технічною задачею.

У виробі завжди виникають, крім збуджених хвиль, “побічні хвилі”, які поширюються в різних напрямках відбиваючись та трансформуючись на поверхні введення та від меж виробу. Тому, під терміном “контроль поздовжніми, зсувними та іншими типами хвиль” будемо подальшому розуміти як контроль виробу комбінацією хвиль, в якій переважають поздовжні і зсувні типи хвиль, що поширюються в напрямку дефекту [2].

В теперішній час ультразвуковий контроль заготовок та готових виробів

© К. Л. НОЗДРАЧОВА, 2013