

1. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АЛГОРИТМЫ

По своей сути процессы адаптации являются оптимизационными процессами ...

Дж. Холланд. Предисловие к первому (1975) изданию *Adaptation in natural and artificial systems*.

Пятнадцать лет должны были бы расставить все по своим местам и охладить пыл. Однако вопреки или благодаря этому, я все еще нахожу Предисловие к изданию 1975 года удивительно уместным. Единственное изменение, которое я бы внес, это сделать большее ударение на совершенствовании и меньшее на оптимизации. Работа над более сложными адаптивными системами, например, экологическими, убедила меня, что их поведение не описывается так уж хорошо траекториями вокруг глобальных оптимумов. Наоборот, соревнование между компонентами системы, направленное на подавление ближайших конкурентов, определяет общее поведение.

Дж. Холланд. Предисловие ко второму (1992) изданию *Adaptation in natural and artificial systems*.

Современная библиография по генетическим алгоритмам давно перевалила за 9000 наименований и продолжает непрерывно увеличиваться. Однако, несмотря на такое обилие литературы, довольно трудно точно сформулировать, чем именно они являются — квинтэссенцией эволюционных перестроек в природных популяциях организмов, универсальным средством описания адаптаций в популяциях искусственных объектов, или мощной поисковой процедурой с претензиями на решение задач глобальной оптимизации.

Мы намеренно начали этот раздел с сопоставления двух замечаний Дж. Холланда по поводу адаптации и оптимизации, сделанных им в предисловиях к первому и второму изданиям его знаменитой книги [1], положившей начало процессу распространения генетических алгоритмов в научных сообществах. Правда, генетическими они стали называться позднее, а в 1975 году Холланд называл их репродуктивными планами (*reproductive plan*) и рассматривал прежде всего как алгоритмы адаптации. Но то смещение акцентов в трактовке понятия *адаптация*, о котором он как бы вскользь говорит в предисловии 1992 года, очень точно, на наш взгляд, передает то состояние замешательства, которое мы ощущаем и сегодня, пытаясь, с одной стороны, дать достаточно общее и непротиворечивое определение адаптации, а с другой стороны, разграничить понятия адаптации и оптимизации, адаптации и эволюции, адаптации и обучения.

При дальнейшем изложении основных идей ГА мы не будем придерживаться стиля книги Холланда, а подойдем к ним как к процедуре *глобальной оптимизации*. Эта, хотя и несколько упрощенная по сравнению с голландовской, трактовка ГА вызвала сильный резонанс в литературе, и как показало время, вполне обоснованно. По большому счету, почти два десятилетия исследований ГА на тестовых многоэкстремальных функциях ушли на доказательство именно этой грани могущества ГА, оставив в некоторой тени их выдающиеся адаптивные способности.*

Итак, ГА базируются на теоретических достижениях синтетической теории эволюции, учитывающей микробиологические механизмы наследования признаков в природных и искусственных популяциях организмов, а также на накопленном человечеством опыте в селекции животных и растений.

Методологическая основа ГА зиждется на гипотезе селекции, которая в самом общем виде может быть сформулирована так: чем выше приспособленность особи, тем выше вероятность того, что в потомстве, полученном с ее участием, признаки, определяющие приспособленность, будут выражены еще сильнее. Поскольку ГА имеют дело с популяциями постоянной численности, особую актуальность здесь наравне с отбором в родители приобретает отбор на элиминирование. Стратегия элиминирования, призванная ответить на вопрос «От каких особей мы можем безболезненно отказаться?» составляет не менее важную компоненту современных ГА, чем стратегия отбора в родительскую группу. Чаще всего особи, обладающие низкой приспособленностью, не только не участвуют в генерации нового поколения, а элиминируются из популяции на текущем дискретном шаге (эпохе) эволюции.

Впрочем, сказанное справедливо не только для ГА, а для любого численного метода оптимизации. Сама идея оптимальности, как верно подмечено в [3], пришла в науку из биологии. Однако далеко не всегда мы отдаем себе отчет в том, сколь многие методические приемы оптимального проектирования имеют корни в селекционной практике и являются примером нашего не всегда осознанного подражания Природе.

* Небезынтересно по этому поводу мнение другого ныне здравствующего «классика» ГА. Кеннета Д. Янга, внесшего огромный личный вклад в развитие ГА как самостоятельного научного направления. В [2] он пишет: «...легко впасть в заблуждение, воспринимая сами ГА как алгоритмы оптимизации, а затем удивляться и/или испытывать разочарование, когда они терпят неудачу в поиске "точки шпота" оптимума в определенном поисковом пространстве. Мое предложение по поводу того, как избежать такого самообмана, заключается в том, чтобы думать о ГА как о (в высшей степени) идеализированном моделировании природного процесса и как о процедуре, выполняющей цели и задачи (если таковые вообще существуют) этого природного процесса. Я не уверен, найдете ли кто-нибудь готовый ответить на вопрос: каковы цели и задачи эволюционных систем, однако, по правде говоря, такие системы вообще не воспринимаются как оптимизаторы функций...».

Кто

даст потомство ?



**Кем
пожертвовать ?**

Рис. 1. Двойственность задач селекции, обусловленная ограниченностью численности моделируемой популяции

Убедиться в справедливости сказанного не трудно, если попытаться взглянуть на процедуру численной оптимизации через призму гипотезы селекции (см. Рис. 2).

Итак, обыкновенно проектирование начинают с формирования в поисковом пространстве области допустимых значений переменных и выбора в ней некоторых пробных точек.

Далее итеративно выполняют следующие действия. Сначала при помощи математической модели устройства производят отображение точек из поискового пространства на пространство критериев, что позволяет составить представление о рельефе поверхности критериев. Затем на основании полученной информации и в соответствии с выбранной поисковой стратегией осуществляют некоторые манипуляции с координатами точек в пространстве переменных, завершающиеся генерацией координат новых пробных точек.

Очерчивая в общих словах эту знакомую всем цепочку, отметим явно выраженный параллелизм между заложенной в ней идеологией поиска экстремума и тем, как решаются подобные по содержанию задачи в Природе, при адаптации популяций организмов к факторам окружающей среды.

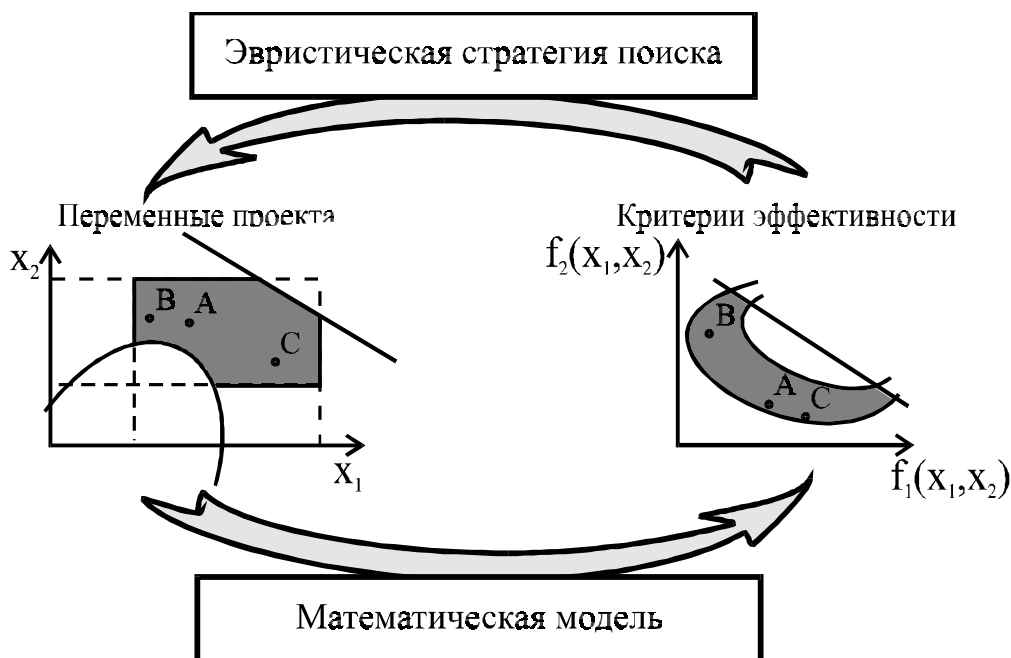


Рис. 2. Циклическая структура процедуры численной оптимизации характеристик проекта

Большинство эвристических поисковых стратегий представляют собой довольно очевидные логические решающие правила, выведенные путем обобщения реального или умозрительного опыта обитания в трехмерном пространстве. Например, представим себе, что ночь застала нас врасплох и нам предстоит без фонарика двигаться по пересеченной местности, например, взобраться на вершину пологого холма. Ясно, что взяв в руки палку и ощупывая ею ближайшее окружение, мы получим требуемую информацию о локальном рельефе и будем двигаться в том направлении, в котором местность повышается, но не наоборот. Правильный выбор направления движения и величины шага гарантирует нам быстрый успех, если, конечно, поверхность холма гладкая, а не ухабистая.

Действительно, практикуемый способ описания технических объектов при помощи векторов переменных проектирования подразумевает символическое кодирование информации об объекте. Вектор переменных — даже не чертеж, то есть глядя на него и не зная правил кодирования, невозможно составить представление об объекте. В определенном смысле можно утверждать, что категория “вектор переменных проектирования” играет в технике ту же роль, что и категория “генотип” в биологии. Группируя ключевые параметры объекта в вектор переменных, мы, по существу, придаем им статус генетической информации. Именно генетической, потому что, с одной стороны, ее достаточно, для того, чтобы построить сам объект

(гипотетически — вырастить его), а во-вторых, она служит исходным материалом при генерации генотипов объектов следующего поколения.

А ведь именно такой смысл — генотипов потомков — имеют координаты упоминавшихся новых пробных точек. Подобно тому, как в Природе скрещивание организмов осуществляется на генетическом уровне, в процедуре оптимизации координаты новых пробных точек получаются как результат манипулирования координатами старых. Причем, и здесь незримо присутствует гипотеза селекции — в качестве родительских всегда выступают *лучшие* в фенотипическом отношении, а не произвольные точки (особи) из популяции потенциальных решений, неудачные же решения отбрасывают на текущем шаге (можно считать, что они вымирают).

Здесь мы подходим, наконец, к тому, что именно отличает ГА на фоне других численных методов оптимизации.

ГА заимствуют из биологии:

- понятийный аппарат;
- идею *коллективного* поиска экстремума при помощи популяции особей;
- способы представления генетической информации;
- способы передачи генетической информации в череде поколений (генетические операторы);
- идею о преимущественном размножении наиболее приспособленных особей (речь идет не о том, даст ли данная особь потомков, а о том, *сколько* будет у нее потомков).

1.1. Представление генетической информации

Подобно тому, как природный хромосомный материал представляет собой линейную последовательность различных комбинаций четырех нуклеотидов (А — аденин, Ц — цитозин, Т — тимин и Г — гуанин), вектора переменных в ГА также записывают в виде цепочек символов, используя двух-, трех- или четырехбуквенный алфавит. Для простоты изложения рассмотрим случай бинарного кодирования, используемый при моделировании эволюции гаплоидных популяций.

Итак, будем считать, что каждая переменная X_i кодируется определенным фрагментом хромосомы, состоящим из фиксированного количества генов (см. рис. 3). Все локусы хромосом диаллельны — то есть в любой позиции фрагмента может стоять как ноль, так и единица. Рядом стоящие фрагменты не отделяют друг от друга какими-либо маркерами, тем не менее, при декодировании хромосомы в вектор переменных на протяжении всего моделируемого периода эволюции используется одна и та же маска картирования.

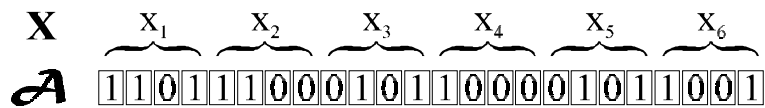


Рис. 3. Простейшая маска картирования хромосомы, определяющая план распределения наследственной информации по длине хромосомы

Хотя мы постоянно говорим о декодировании, на самом деле, прямая операция, понимаемая как операция кодирования вектора переменных X в хромосому A , в ГА не применяется. Хромосомы генерируются случайным образом, путем последовательного заполнения разрядов (генов), сразу в бинарном виде, и всякие последующие изменения в популяции затрагивают сначала генетический уровень, а только потом анализируются фенотипические последствия этих изменений, но никогда не наоборот.

В принципе, для декодирования генетической информации из бинарной формы к десятичному виду подходит любой двоично-десятичный код, но обычно исходят из того, что она представлена в коде Грея. Таблица 1 воспроизводит в полном объеме процедуру декодирования фрагмента хромосомы в проекцию вектора переменных X_i .

Таблица 1

Декодирование фрагментов хромосом в проекции вектора переменных

Код Грея	Двоично-десятичный код	Десятичное значение сдвига	Вещественное значение координаты
0000	0000	0	a_i
0001	0001	1	$a_i+1(b_i-a_i)/15$
0011	0010	2	$a_i+2(b_i-a_i)/15$
0010	0011	3	$a_i+3(b_i-a_i)/15$
0110	0100	4	$a_i+4(b_i-a_i)/15$
0111	0101	5	$a_i+5(b_i-a_i)/15$
0101	0110	6	$a_i+6(b_i-a_i)/15$
0100	0111	7	$a_i+7(b_i-a_i)/15$
1100	1000	8	$a_i+8(b_i-a_i)/15$
1101	1001	9	$a_i+9(b_i-a_i)/15$
1111	1010	10	$a_i+10(b_i-a_i)/15$
1110	1011	11	$a_i+11(b_i-a_i)/15$
1010	1100	12	$a_i+12(b_i-a_i)/15$
1011	1101	13	$a_i+13(b_i-a_i)/15$
1001	1110	14	$a_i+14(b_i-a_i)/15$
1000	1111	15	b_i

От кода Грея переходим к двоично-десятичному коду, а от него — к натуральным целым числам. Отношение полученного числа к максимальному числу, доступному для кодирования данным количеством разрядов фрагмента (по таблице 1 — число 15) и дает искомое значение сдвига временной относительно левой границы a_i допустимого диапазона ее изменения, нормированного на ширину $b_i - a_i$ диапазона.

Из таблицы хорошо видно, почему код Грея имеет явные преимущества по сравнению с двоично-десятичным кодом, который при некотором стечении обстоятельств порождает своеобразные тупики для поискового процесса. В качестве примера рассмотрим любые три рядом стоящие строки из таблицы 1, например, кодирующие сдвиг в 4, 5 и 6 единиц.

Предположим, фрагменты хромосом, стоящие в пятой строке и кодирующие число 5, принадлежат оптимальному вектору, являющемуся решением некоторой задачи, а лучшая особь из текущей популяции содержит фрагмент хромосомы из строки 4. Такая ситуация благоприятна для обоих кодов. Достаточно выполнить всего одну операцию — заменить в четвертом разряде фрагмента 0 на 1 — и решение будет найдено. Более интересный случай получается, если лучшая особь содержит фрагмент из строки 6. Для кода Грея эта ситуация ничуть не сложнее предыдущей — замена 0 на 1 в третьем разряде опять приведет к успеху. В то же время двоично-десятичный код ставит нас в необходимость выполнить последовательно две операции — заменить 1 на 0 в третьем разряде и 0 на 1 в четвертом. С какой бы из них мы ни начали, результат не приблизит нас к решению (первый вариант замены переместит нас в четвертую строку, а второй — вообще в седьмую). А ведь это не самый худший пример — работать с сочетаниями 3-4, 7-8, 11-12 и т. д. строк в двоично-десятичном коде еще сложнее. Иначе говоря, если привлечь геометрические интерпретации, код Грея гарантирует, что две соседние, принадлежащие одному ребру, вершины гиперкуба α^L , на котором осуществляется поиск, всегда декодируются в две ближайшие точки пространства вещественных чисел \mathcal{X}^N , отстоящие друг от друга на одну дискрету точности. Двоично-десятичный код подобным свойством не обладает.

1.2. Генетические операторы

Те механизмы передачи наследственности, которые действуют в Природе, и упрощенная форма которых положена в основу того, что мы называем генетическими операторами, на самом деле, следует рассматривать как победителей, одержавших верх в напряженной многовековой борьбе над конкурентами и отшлифованных естественным отбором в такой же мере, как и все, что нас окружает. Сегодня понятно, что генетические операторы могли быть заимствованы не только из микробиологических исследований, но и из анализа языковых явлений (достаточно проанализиро-

вать комбинаторные эвристики, применяемые человеком при решении кроссвордов) или изобретательской деятельности [4]. Но это сегодня; а двадцать лет назад нужно было обладать гениальностью Дж. Холланда, чтобы догадаться, как интерпретировать принципы действия “биологических” механизмов для решения задач адаптации в искусственных системах.

Едва ли не главным итогом почти четвертьвекового периода исследования самих ГА стало понимание прекрасной взаимной комплиментарности триады генетических операторов «кроссовер — мутация — инверсия». Воздействуя с некоторой вероятностью на генотипы родительских особей, каждый из них, с одной стороны, обеспечивает передачу потомству жизненно важных признаков, а с другой — поддерживает на протяжении эволюционно значимого периода достаточно высокий уровень его изменчивости. Выщепление в потомстве новых, отличных от родительских, фенотипических признаков открывает для популяции дополнительные возможности для адаптации, то есть способствует сохранению ею поисковой способности.

Итак, оператор мутации (см. рис. 4), подобно точечным мутациям в Природе, интерпретируется как замена существующего аллельного состояния отдельного гена в хромосоме на противоположное (единицы — на ноль и наоборот). Очевидно, что в зависимости от того, в каком разряде фрагмента, кодирующего переменную, произойдет мутация, зависит величина расстояния, отделяющего потомка от родителя (речь идет не о хэм-

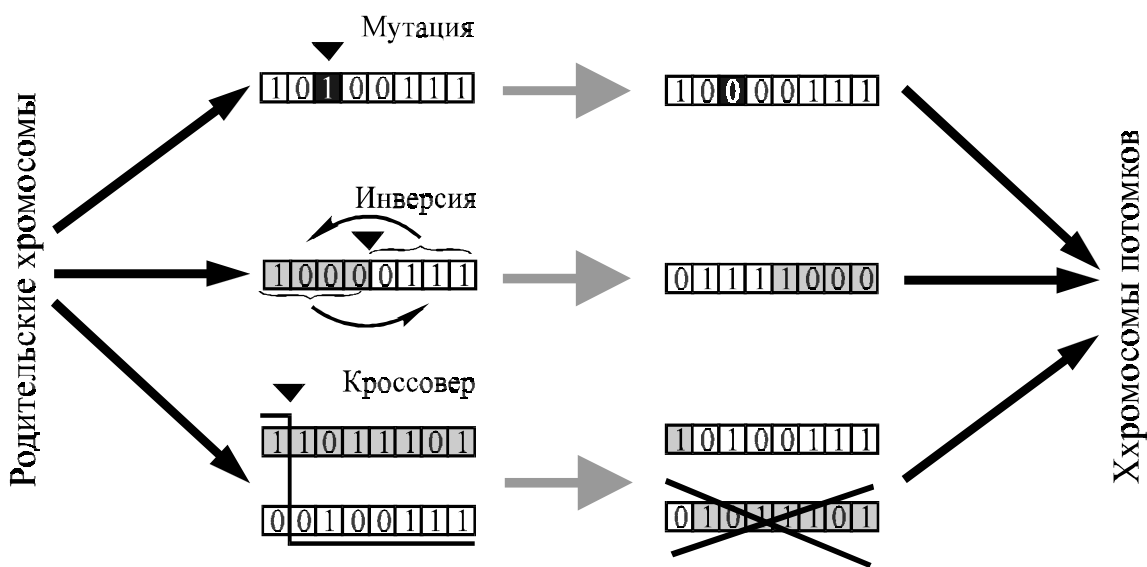


Рис. 4. Триада генетических операторов

У всех трех операторов место приложения, помеченное значком ▼, выбирается случайно

минговом пространстве α^L , где это расстояние равно 1, а о пространстве вещественных чисел \mathcal{R}^N). Инверсия приводит к нарушению порядка следования фрагментов хромосом у потомка по сравнению с родительской хромосомой. Наконец, кроссовер, описывающий механизм гаметогенеза в диплоидных популяциях организмов и привнесенный Холландом в моделирование эволюции гаплоидных популяций, приводит к тому, что хромосома потомка включает два фрагмента, один из которых принадлежал ранее, условно говоря, отцовской хромосоме, а другой — материнской. Именно благодаря наличию кроссоверных обменов особи популяции обмениваются между собой генетической информацией, то есть поиск приобретает действительно коллективный характер.

Иногда, говоря о триаде генетических операторов, подчеркивают способность кроссовера и инверсии к глобальному поиску, в то время как мутацию отождествляют со средствами локальной настройки решения, отводя ей фоновую роль. Такое распределение ролей представляется спорным, так как мутация может породить потомка далеко за пределами локального экстремума, в которой находится родитель, с другой стороны, кроссовер, проведенный над гаметами родителей, расположенных в общем экстремуме, наверняка породит потомков в этом же экстремуме. Важно другое — ни кроссовер, ни мутация не опираются в процессе генерирования потомка на знание локального рельефа поверхности целевой функции. В этом смысле их можно считать глобальными.

1.3. Преимущественное право размножения сильнейших

Стиль мышления, принятый в биологии, сильно отличается от технического мышления. В биологии мельчайшей единицей, значимой в эволюционном смысле и заслуживающей внимания, выступает популяция, а не отдельная особь. О том, насколько популяция адаптирована к среде, насколько благополучно она развивается, судят по динамике ее численности. Не столь интересно, стали ли рога у оленей ветвистее, важно, чтобы прирост численности стада был положительным. *Коэффициент размножения*, усредненный по популяции, рассматривается как единственный и универсальный критерий приспособленности популяции к условиям обитания [5].

С другой стороны, индивидуальная приспособленность особи оказывает прямое влияние на будущее популяции. Чем больше потомков данной особи доживет до репродуктивного возраста, тем большее число членов популяции будущего поколения будет нести ее аллели. «Приспособленность, рассматриваемая как мера влияния генотипа на будущее, — пишет Холланд в [1], — представляет идею, полезную во всем спектре проблем адаптации. Хороший способ рассмотреть эту идею в более широком контексте, это рассматривать тестирование генотипов как процедуру форми-

рования выборок (под *выборкой* — sample — Холланд подразумевает текущую популяцию — Прим.авт.). Пространство выборок в этом случае представляет собой набор всех генотипов α , а результатом оценивания каждой структуры становится приспособленность μ_E соответствующего фенотипа. Общий вопрос, связанный с приспособленностью, звучит так: «В какой степени оценка $\mu_E(\mathcal{A})$ какой-либо структуры $\mathcal{A} \in \alpha$ оказывает влияние или изменяет план τ формирования новой выборки?» Оглядываясь назад скорее чем вперед, мы сталкиваемся с другим взаимосвязанным вопросом: «Как история результатов тестирования предыдущих выборок оказывает влияние на текущий план формирования новых?» Ответы на эти вопросы уходят далеко к определению того, что составляет основу любого адаптивного процесса.»

«Мы уже видели, — продолжает Холланд, — что ответ на первый вопрос, что касается генетических систем, состоит в том, что будущее влияние каждой особи $\mathcal{A} \in \alpha$ прямо пропорционально оценке приспособленности $\mu_E(\mathcal{A})$. Вообще, это отношение не обязательно — существует много признанных процедур для оптимизации, математического обучения и др., где отношение между оценкой качества и будущими структурами довольно другое. Тем не менее, *воспроизводство в пропорции к достигнутому качеству* является важной идеей, которая может быть обобщена с тем, чтобы сделать планы формирования выборок — *репродуктивные планы* — применимыми к любой задаче адаптации...»

Таким образом, как мы видим, отличительной чертой репродуктивных планов Холланда является право более приспособленных дать большее количество потомков.

Любопытно, но при условии неизменной численности популяции (а в компьютерном моделировании эволюции это условие невозможно игнорировать) применение принципа преимущественного размножения более приспособленных приводит к несколько неожиданному результату — в популяции размножаются как бы не сами особи, а гены. По существу, это эквивалентно понижению уровня рассмотрения системы: мы оперируем не особями, а генами. Гены борются друг с другом за выживание, сильные вытесняют из генофонда популяции слабых.

Простой репродуктивный план включает две повторяющиеся процедуры. В течение первой из них дополнительные копии некоторых особей, обладающих приспособленностью выше среднего по популяции уровня, добавляются к текущей популяции $\mathcal{B}(t)$, в то время как некоторые особи с низкой приспособленностью элиминируются. Более точно, каждая особь получает возможность стать родителем с вероятностью, пропорциональной ее приспособленности. В течение второй процедуры генетические операторы воздействуют на генотипы потомков, модифицируя наборы ал-

лелей так, чтобы исключить идентичность потомков и родителей. В результате получается новая популяция $\mathcal{B}(t+1)$. Процесс итеративно повторяется, генерируя последовательность поколений генотипов.

Заметим, что в контексте вышесказанного популяция имеет такое же отношение к процессу адаптации, как понятие состояния к законам физики или передаточной функции к теории автоматов. Знание состава текущей популяции позволяет определить структуру следующего поколения, не обращая к предыдущему. Обобщенным оператором, выполняющим преобразование $\mathcal{B}(t)$ в $\mathcal{B}(t+1)$ и является репродуктивный план τ . Модифицируя генотипы генетическими операторами $\omega_i \in \Omega$ в рамках возможностей, ограниченных структурой α , репродуктивный план генерирует новые особи, более приспособленные к среде E . Обозначив через $I(t) = \mu_E(A(t))$ реакцию среды, противостоящей адаптивной системе, Холланд дает следующее символическое определение репродуктивному плану

$$\tau: I \times \alpha \rightarrow \Omega \quad (1)$$

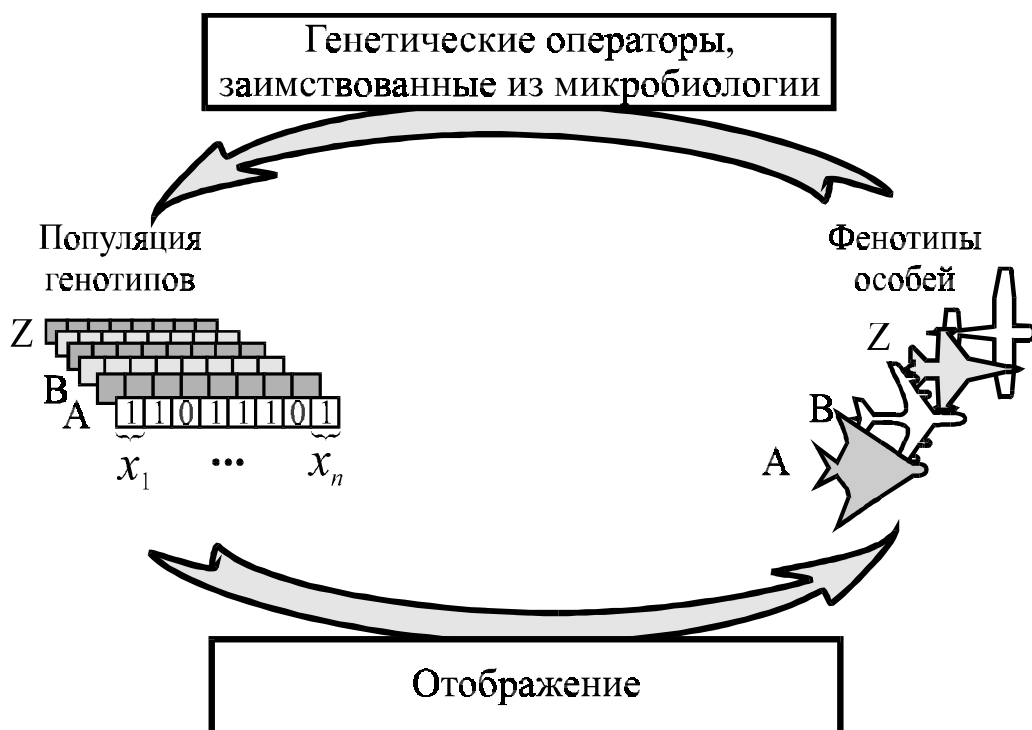


Рис. 5. Преобразование наследственной информации в ГА

Репродуктивный план Холланда

- Шаг 1. Инициализация начальной популяции
Ввести точку отсчета эпох $t=0$. Инициализировать случайным образом M генотипов особей и сформировать из них начальную популяцию $\mathcal{B}(0)=(\mathcal{A}_1(0), \dots, \mathcal{A}_M(0))$. Вычислить приспособленность особей популяции $v(0)=(\mu_1(0), \dots, \mu_M(0))$, а затем — среднюю приспособленность по популяции $\hat{\mu}(0) = \sum_{h=1}^M \mu_h(0) / M$.
- Шаг 2. Выбор родителей для скрещивания
Увеличить номер эпохи на единицу $t=t+1$. Определить случайную переменную $Rand_t$ на множестве $\zeta_M = \{1, \dots, M\}$, назначив вероятность выпадения любого $h \in \zeta_M$ пропорциональной $\mu_h(t) / \hat{\mu}(t)$. Сделать одно испытание $Rand_t$ и вычислить результат $i(t)$, который определит номер первого родителя $\mathcal{A}_{i(t)}(t)$. Повторным испытанием определить номер второго родителя $i'(t)$.
- Шаг 3. Формирование генотипа потомка
С вероятностью P_c произвести над генотипами выбранных родителей кроссовер. Выбрать с вероятностью 0,5 одного из результатов и сохранить его как ${}^1\mathcal{A}(t)$. Последовательно применить к ${}^1\mathcal{A}(t)$ оператор инверсии (с вероятностью P_i), а затем — мутации (с вероятностью P_m). Полученный генотип потомка сохранить как $\mathcal{A}'(t)$.
- Шаг 4. Отбор особи на элиминирование и замена ее потомком
С равной вероятностью $1/M$ для всех $h \in \zeta_M$ определить случайным образом номер $j(t)$ особи в популяции, которую заместит потомок. Обновить текущую популяцию $\mathcal{B}(t)$ путем замены $\mathcal{A}_{j(t)}(t)$ на $\mathcal{A}'(t)$.
- Шаг 5. Определение приспособленности потомка
Вычислить приспособленность потомка $\mu_E(\mathcal{A}'(t))$. Обновить значение средней приспособленности $\hat{\mu}(t)$ и вектор приспособленностей $v(t)$.
- Шаг 6. Перейти к шагу 2.

Приведенные на последних двух страницах соображения являются достаточно общими, чтобы не ограничивать нашу инициативу с опробованием различных стратегий отбора на скрещивание и элиминирование, выбором порядка и интенсивности воздействия генетических операторов. За последние 10 лет во всем мире был выполнен огромный объем исследований в этом направлении, изучены различные комбинации эвристик, а также новые подходы, усовершенствующие поисковую способность ГА.

Поскольку аналитические методы исследования условий и скорости сходимости наталкиваются в этой области на серьезные проблемы, была разработана целая система тестовых задач (benchmark), предназначенных выявить относительную эффективность различных версий алгоритма. На них же было осуществлено сравнение ГА с другими техниками и доказана уникальность его способностей для решения задач глобальной оптимизации. Однако многие исследователи подчеркивают, что при всей внешней простоте замысла ГА требуют значительных усилий при настройке под конкретную задачу, даже по сравнению с близкими им по духу эволюционными методами (так называемыми эволюционными стратегиями). В настройке нуждаются, прежде всего, вероятности применения генетических операторов, оказывающие существенное влияние на сбалансированность процессов отбора и изменчивости. Некоторые руководства рекомендуют априорно выбирать величины этих стратегических параметров на уровне $P_c = 0,9$; $P_i = 0,01$; $P_m = 0,1$.

По-видимому, следовало бы говорить не о сложности применения ГА вообще, а об адекватности уровней сложности алгоритма и решаемой задачи. Чем проще задача, тем бессмысленнее становятся различные ухищрения с кодировкой генотипов, настройкой вероятностей и т. п. В пределе, если целевая функция имеет единственный экстремум в исследуемой области, применение ГА теряет всякий смысл, так как любой локальный метод найдет решение быстрее и проще для нас. С другой стороны, нельзя сказать, что нет такой задачи, которую нельзя было бы не решить с помощью ГА. К сожалению, таких задач достаточно, и вряд ли кто-нибудь возьмет на себя смелость предсказать, когда они исчерпаются.

Где же проходит сегодня граница разумной сложности задачи? Наверное, все определяется тем, какими ресурсами мы располагаем — персональной РС386 или транспьютером Т64000. Часто называют более определенным критерий — задача должна быть решена за одну ночь работы компьютера уровня Pentium-100.

Как бы ни было, на сегодняшний день ГА реально продвинули вперед границы наших вычислительных возможностей. Процедурно работу одной из его быстро сходящихся версий можно проиллюстрировать блок-схемой, представленной на рис. 6.

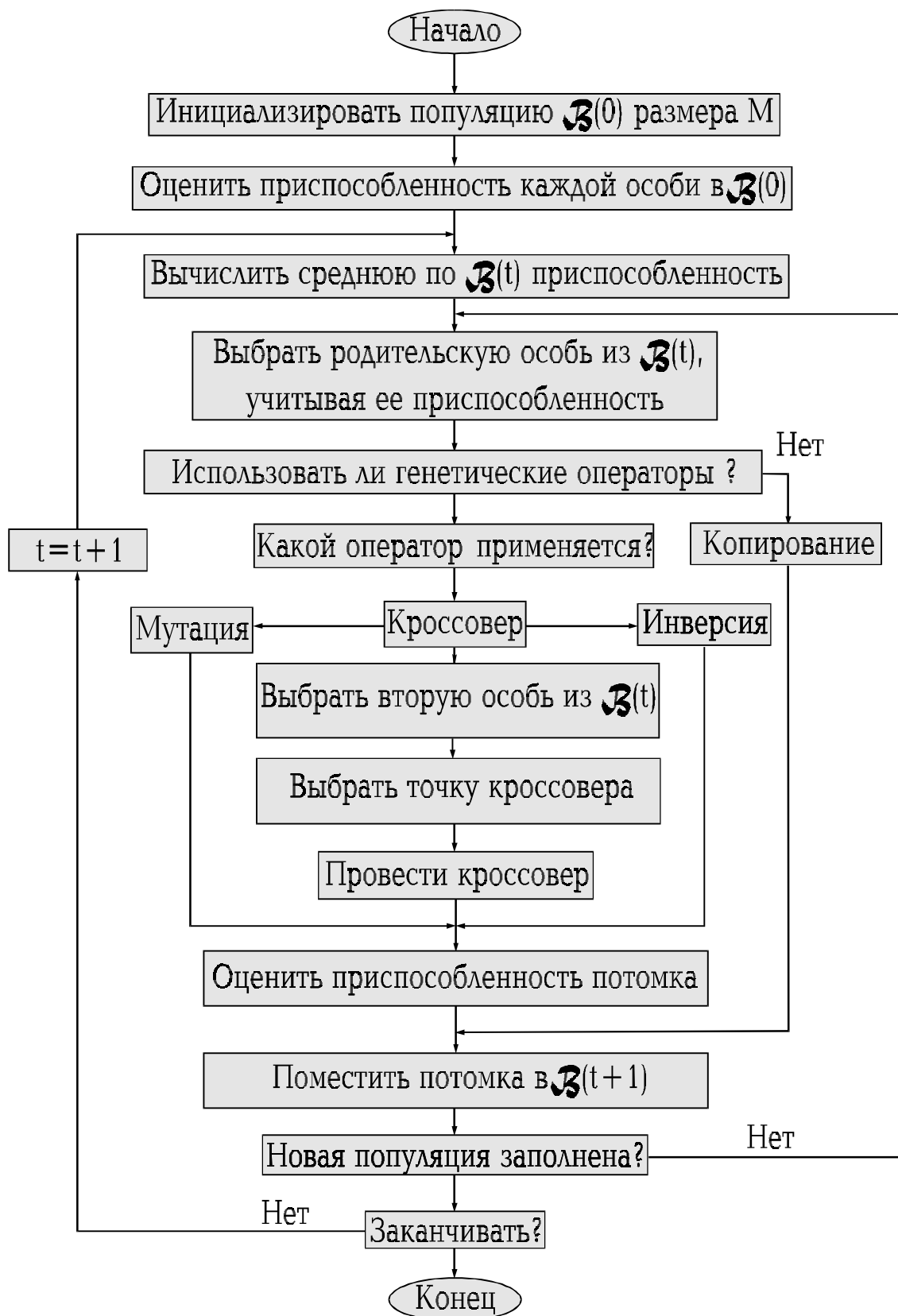


Рис. 6. Репродуктивный план Холланда

На первом этапе случайным образом генерируем исходную популяцию бинарных хромосом. Декодируем значения переменных из двоичного к вещественному виду.

При помощи математической модели определяем индекс приспособленности каждого решения и в зависимости от его величины упорядочиваем популяцию. Вычисляем среднюю по популяции приспособленность. Опираясь на нее, назначаем вероятность, с какой каждая особь, обладающая приспособленностью выше среднего уровня, может стать родителем. При этом для каждого родителя есть две возможности - либо просто быть скопированным в следующее поколение, либо подвергнуться воздействию генетических операторов в процессе генерирования хромосомы потомка.

Далее оцениваем приспособленность потомка, и, действуя аналогичным образом, постепенно заполняем популяцию следующего поколения. Через M шагов новое поколение оказывается сформированным. Ясно, что поскольку оно получено от лучших родителей, то его приспособленность должна быть также высокой. Не вызывает сомнений, что, блокируя слабо приспособленным особям возможность стать родителем и дать потомство, мы увеличиваем или, по крайней мере, не уменьшаем среднюю по популяции приспособленность.

Работу алгоритма прекращаем при достижении популяцией состояния адаптации, идентифицируемому по стягиванию ядра популяции сначала в плотное облачко, а затем - в точку. Кроссовер как механизм изменчивости теряет в таких условиях свою силу - при скрещивании идентичных родителей потомок ничем не будет отличаться ни от одного из них. Мутация и инверсия будут по-прежнему модифицировать потомство, тестируя все новые и новые точки поискового пространства, но безуспешно - лучше найденного решения нет, и потомки не смогут даже втиснуться в вырожденное ядро.

К сожалению, мы почти никогда (за исключением аналитически сконструированных тестовых задач) не можем с уверенностью утверждать, что найденное решение представляет собой глобальный экстремум. Фенотипическое и генотипическое вырождение популяции является необходимым, но не достаточным признаком успешности поиска. Оно только свидетельствует, что какой-то экстремум найден, но ничего не говорит о том, каков его характер. Тем не менее, нам не остается ничего другого, как довольствоваться достигнутым результатом. В противном случае лучше повторно запустить задачу в надежде на более благоприятное развитие событий, чем ждать чуда от истощенной популяции. Эволюция неповторима и при новом сочетании случайных факторов решение может оказаться более привлекательным.