

УДК 519.67

Ю.О. Шаповалов, магістрант
С.І. Яремчук, к.ф.-м.н., доц.
Житомирський інженерно-технологічний інститут

ЗАСТОСУВАННЯ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ ДО ЗАДАЧ РОЗМІЩЕННЯ

Розглядається задача розміщення прямокутників в області, що має прямокутну форму. Розв'язання цієї задачі замінюється розв'язанням підзадач, що побудовані певним чином. Перебір підзадач запропоновано здійснювати за допомогою генетичного алгоритму. Розроблено механізм застосування зазначеного алгоритму до поставленої задачі.

Необхідно розташувати орієнтовані прямокутники D_1, D_2, \dots, D_m в області Ω , яка має прямокутну форму, таким чином, щоб задана функція цілі досягла свого мінімуму. При цьому на розміщення накладено умови взаємного неперетину прямокутників.

Положення i -того прямокутника на площині визначається координатами його геометричного центра $Z^i = (\xi_1^i, \xi_2^i)$. Кожному розміщенню об'єктів відповідає вектор $Z = (Z^1, Z^2, \dots, Z^m)$, де m – кількість прямокутників.

Умови належності прямокутників області Ω можна записати як систему лінійних нерівностей

$$\frac{l_i^j}{2} \leq \xi_j^i \leq a_j - \frac{l_i^j}{2}, \quad i = \overline{1, 2}, \quad j = \overline{1, m}, \quad (1)$$

де a_1, a_2 – розміри області Ω ; $L^j(l_1^j, l_2^j)$ – розміри j -того прямокутника; $j = \overline{1, m}$.

Для того, щоб прямокутники не перетинались, достатньо, щоб для кожної пари об'єктів (D_j, D_k) виконувалась хоча б одна з умов

$$|\xi_j^j - \xi_k^k| \geq \frac{l_i^j + l_i^k}{2}, \quad i = \overline{1, 2}, \quad j = \overline{1, m}, \quad k = \overline{1, m}, \quad j \neq k. \quad (2)$$

Сукупність умов (2), (3) описує неопуклу, незв'язну множину допустимих розв'язків – G . Таким чином, необхідно розв'язати задачу

$$\chi(Z) \rightarrow \min, \quad Z \in G. \quad (3)$$

Після перетворень цю сукупність можна представити як об'єднання систем лінійних нерівностей, кожна з яких описує опуклу, замкнену підмножину G_i , тоді

$$G = \bigcup_{i=1}^r G_i,$$

де $r = 4C_m^2$ – кількість підмножин [1].

Система нерівностей, яка задає підмножину G_i , складається із системи (1) та одної (для кожної пари об'єктів (D_j, D_k)) із нерівностей:

$$\xi_1^j - \xi_1^k \geq \frac{l_1^j + l_1^k}{2}; \quad \xi_1^k - \xi_1^j \geq \frac{l_1^j + l_1^k}{2}; \quad \xi_2^j - \xi_2^k \geq \frac{l_2^j + l_2^k}{2}; \quad \xi_2^k - \xi_2^j \geq \frac{l_2^j + l_2^k}{2}, \quad (4)$$

$$j = \overline{1, m}, \quad k = \overline{1, m}, \quad j \neq k.$$

За розв'язок задачі (3) можна прийняти кращий з розв'язків наступних підзадач:

$$\chi(Z) \rightarrow \min, \quad Z \in G_i, \quad i = \overline{1, r}. \quad (5)$$

У зв'язку з тим, що множина допустимих розв'язків у кожній з підзадач (5) задається системою лінійних обмежень, а функція цілі диференційована, до розв'язання кожної з цих підзадач можна застосувати метод умовного градієнта [2].

Збільшення кількості прямокутників в умові задачі веде до різкого збільшення кількості підмножин G_i (для трьох джерел – 64, для чотирьох – 4096 і так далі), тому запропоновано застосувати перебір підзадач (5) із використанням генетичного алгоритму [3, 4, 5].

Для застосування генетичного алгоритму необхідно вирішити наступні питання: спосіб подання хромосом, вигляд функції придатності, алгоритм знаходження та виправлення недопустимих хромосом.

Спосіб подання хромосоми в нашому випадку визначається з наступних міркувань. Підмножини G_i відрізняються між собою тим, які з нерівностей (4) (для кожної пари об'єктів) включаються до системи обмежень. Тобто для завдання підмножини G_i достатньо для кожної пари об'єктів задати номер тієї нерівності з (4), яка міститься у відповідній системі обмежень. Присвоїмо кожній нерівності з (4) номер від 0 до 3. Нерівності 0 та 1, 2 та 3 є протилежними, тобто задають протилежні положення об'єктів.

Тому визначимо хромосому як вектор:

$$H(h_{12}, h_{13}, \dots, h_{1m}, h_{23}, h_{24}, \dots, h_{2m}, \dots, h_{m-1m}), \quad h_{ij} = \overline{0,3}, \quad i = \overline{1, m-1}, \quad j = \overline{i+1, m},$$

який задає підмножину G_i підзадачі (5). Значення гена – це номер тієї з нерівностей (4), яка включається в систему обмежень. Кількість генів n у хромосомі H визначається за формулою:

$$n = \frac{m(m-1)}{2},$$

де m – кількість прямокутників.

Умовно хромосому можна поділити на $m-1$ розділів так, що перший розділ має $m-1$ генів h_{12}, \dots, h_{1m} , другий $m-2$ генів і т.д., останній $m-1$ -ий розділ містить один ген h_{m-1m} . Гени i -того розділу h_{ij} , де $i = \overline{1, m-1}, j = \overline{i+1, m}$ встановлюють положення об'єктів D_j відносно D_i .

Для оцінки хромосоми будується підмножина G_i підзадачі (5). Система лінійних обмежень складається з нерівностей (1) та відповідних значенням генів нерівностей з (4). Отримана підзадача (5) розв'язується якимось із методів умовної оптимізації. За оцінку хромосоми приймається знайдене при цьому оптимальне значення функції цілі.

Для знаходження та виправлення хромосом, що задають підмножини G_i , які визначаються несумісною системою обмежень, тобто відповідна множина допустимих розв'язків підзадачі (5) є пустою, запропоновано наступний алгоритм.

1. Хромосома проходить першу процедуру виправлення.
2. Розв'язується підзадача (5), якщо вона має розв'язок, то перехід к п. 5, інакше п. 3.
3. Хромосома проходить другу процедуру виправлення.
4. Розв'язується підзадача (5).
5. За оцінку приймається отримане значення функції цілі підзадачі (5).

Мета першої процедури виправлення – знайти та виправити якомога більше недопустимих хромосом, визначити якомога більше нерівностей, виключення яких із системи обмежень підзадачі (5) не приведе до виходу за межі множини G . Тобто завдяки виключенню зайвих обмежень здійснюється перехід від підмножини G_i до G_j , де $G_i \subseteq G_j \subset G$.

Алгоритм першої процедури виправлення.

$l = \overline{1, m-2}, \quad j = \overline{l+1, m-1}, \quad k = \overline{j+1, m}$. Якщо значення генів h_{lj} та h_{lk} , які визначають положення прямокутників D_j та D_k відносно D_l , протилежні (мають значення 0 та 1 або 2 та 3), то:

- 1) гену h_{lk} , який визначає положення прямокутника D_k відносно D_j , присвоюється значення h_{jk} та робиться позначка, що нерівність, яка відповідає гену h_{jk} , є зайвою;
- 2) перевіряються розділи $f = \overline{l+1, j-1}$, якщо знайдуться гени h_{fj} та h_{fk} , що визначають положення прямокутників D_j та D_k відносно D_f , для яких $h_{fj} = h_{lk}$ та $h_{fk} = h_{lj}$, то відбувається присвоювання $h_{fj} = h_{lj}, h_{fk} = h_{lk}$.

Наведений алгоритм дозволяє швидко виправити більшість неприпустимих хромосом, але є деякі хромосоми, які після проходження першої процедури залишаються неприпустимими. Деяка модифікація наведеного алгоритму дозволить знаходити такі хромосоми, для цього потрібна рекурсія: після кожного виправлення гена перевіряти та виправляти неприпустимі гени усіх наступних розділів. Але така модифікація приведе до зростання часової складності процедури, а оскільки такі хромосоми з'являються дуже рідко, вони визначаються самою процедурою оцінки хромосоми. Далі до них застосовується друга процедура виправлення, а потім повторна оцінка виправленої хромосоми.

Алгоритм другої процедури виправлення хромосоми.

Перевіряються послідовно всі розділи хромосоми. Якщо в розділі i гени h_{ij} та h_{ik} мають протилежні значення, то відбувається присвоєння: $h_{ij} = h_{ik}$, де $i = \overline{1, m-2}$, $j = \overline{i+1, m-1}$, $k = \overline{j+1, m}$.

На практиці було реалізовано наведений алгоритм, для задачі максимізації суми квадратів відстаней від полюсів об'єктів до заданої точки

$$\sum_{i=1}^m (x - \xi_1^i)^2 + (y - \xi_2^i)^2 \rightarrow \max, \quad Z = (\xi_1^1, \xi_2^1, \dots, \xi_1^m, \xi_2^m) \in G,$$

де m – кількість прямокутників; x, y – координати деякої точки, яка належить множині Ω . Отже, для знаходження оцінки хромосоми необхідно розв'язати підзадачу (5), функція цілі якої – диференційована, а система обмежень – лінійна. Для цього застосовано метод умовного градієнта.

Початкова точка для роботи алгоритму визначається завдяки розв'язанню симплекс-методом задачі, яка має систему обмежень підзадачі (5), та певним чином побудовану лінійну функцію цілі. Неможливість відшукання початкової точки для підзадачі (5) свідчить про недопустимість хромосоми.

В таблиці 1 наведені результати роботи програми по розміщенню 12 прямокутників. Для порівняння, в перших рядках таблиці параметри генетичного алгоритму задані так, що його робота еквівалентна застосуванню методу випадкового пошуку.

Таблиця 1

Параметри генетичного алгоритму				Результати роботи програми		
Кількість хромосом початкової популяції	Кількість популяцій	Вірогідність мутації	Кількість учасників турніру	Час роботи с	Значення функції цілі	Досягнутий процент конвергенції
500	1	-	-	31.4	234772.5	-
2000	1	-	-	122.1	235358.5	-
10000	1	-	-	836	237811.5	-
20	50	0.15	5	31.7	238095.5	60.0
25	50	0.15	10	38	241367.5	40.0
30	100	0.25	5	99.1	242324.5	43.3
60	1000	0.15	5	2025.4	244348.5	55.0

Початкові дані задачі.

Параметри прямокутної області $\Omega = (100,120)$, кількість прямокутників $m=12$, координати точки $(x, y) \in \Omega = (0,0)$, розміри прямокутників: $L^1(6,6)$, $L^2(7,6)$, $L^3(7,3)$, $L^4(8,6)$, $L^5(10,9)$, $L^6(5,9)$, $L^7(5,10)$, $L^8(6,8)$, $L^9(5,6)$, $L^{10}(3,6)$, $L^{11}(5,6)$, $L^{12}(6,4)$.

Параметри генетичного алгоритму: вірогідність схрещування 95 %, спосіб вибору хромосом для схрещування – турнірний відбір.

ЛІТЕРАТУРА:

1. *Власенко О.В., Снівак А.В., Яремчук С.І.* Метод умовного градієнта для оптимального розташування джерел фізичних полів // Вісник ЖІТІ. – 1998. – № 7 / Технічні науки. – С. 248–253.
2. *Жовновський Д.О., Снівак А.В., Яремчук С.І.* Модифікація методу умовного градієнта для розв'язання задач оптимального розміщення джерел фізичних полів // Вісник ЖІТІ. – 1999. – № 9 / Технічні науки – С. 248–253.
3. *J.H. Holland.* Adaptation in Natural and Artificial Systems. MIT Press, 1975.
4. *D. Beasley, D.R. Bull, R.R. Martin.* An Overview of Genetic Algorithms: Part I, Fundamentals. University Computing, 15 (2): 58–69, 1993.
5. *D. Beasley, D.R. Bull, R.R. Martin.* An Overview of Genetic Algorithms: Part I, Research Topics. University Computing, 15 (2): 58–69, 1993.

ШАПОВАЛОВ Юрій Олександрович – магістрант Житомирського інженерно-технологічного інституту.

Наукові інтереси:

- методи оптимізації;
- комп'ютерне моделювання.

ЯРЕМЧУК Світлана Іванівна – кандидат фізико-математичних наук, доцент кафедри програмного забезпечення обчислювальної техніки Житомирського інженерно-технологічного інституту.

Наукові інтереси:

- екстремальні задачі;
- математичне моделювання.

Подано 15.04.2002

Шаповалов Ю.О., Яремчук С.І. Застосування генетичного алгоритму до задач розміщення
Шаповалов Ю.А., Яремчук С.И. Применение генетического алгоритма к задачам размещения

Shapovalov Y.A., Yaremchuk S.I. Applying of the genetic algorithm for solving the task of distribution

Застосування генетичного алгоритму до задач розміщення / С.І. Яремчук, Ю.О.Шаповалов

Розглядається задача розміщення прямокутників в області, що має прямокутну форму. Розв'язання цієї задачі замінюється розв'язанням підзадач, що побудовані певним чином. Перебір підзадач запропоновано здійснювати за допомогою генетичного алгоритму. Розроблено механізм застосування зазначеного алгоритму до поставленої задачі.

УДК 519.67

Применение генетического алгоритма к задачам размещения / С.И. Яремчук, Ю.А. Шаповалов

Рассматривается задача размещения прямоугольников в прямоугольной области. Процесс решения поставленной задачи заменяется решением подзадач, построенных определенным образом. Для перебора подзадач используется генетический алгоритм. Разработан механизм применения предложенного алгоритма к поставленной задаче.

УДК 519.67

Applying of the genetic algorithm for solving the task of distribution / S.I. Yaremchuk, Y.A. Shapovalov

The task of rectangles distribution in rectangular area is considered. The solving of this task is replaced with the solving of the subtasks that are constructed in some way. The genetic algorithm is used. The mechanism of applying of this algorithm for the mentioned task has been developed.