

МОДИФИКАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО АЛГОРИТМА ПОИСКА ГАМИЛЬТОНОВА ЦИКЛА НА ГРАФЕ

Прокопенков В.Ф.

*Национальный технический университет
«Харьковский политехнический институт», г. Харьков*

Для оптимальной постановки задачи поиска гамильтонова цикла нет алгоритмов P -сложности. Такие алгоритмы за раз находят только одно и неоптимальное решение. Сложность решения задачи поиска гамильтонова цикла на графе из n вершин равна $(n - 1)!$, именно столько вариантов решений нужно перебрать. Альтернативой являются генетические алгоритмы. Они используют случайный подбор, комбинирование и вариацию решений аналогично естественному отбору. Генетическая схема использует исходную популяцию хромосом, из которой на каждом цикле производятся новые хромосомы. Лучшие из них образуют новую популяцию следующего цикла. В производстве хромосом участвуют родительские пары, которые скрещиванием и мутацией производят два потомка. В итоге такая схема даёт множество решений, а качество результата зависит от размера и разнообразия начальной популяции, количества хромосом отбираемых для новой популяции и количества циклов генерации. В отличие от известных применений генетической схемы для этой задачи предлагается изменить формат представления хромосомы, и отказаться от принудительной мутации. Структуру хромосомы будем представлять последовательностью генов. Ген – это пара чисел (v, i) : v – номер вершины графа, i – индекс в списке её последователей (определяет следующую вершину в цепочке цикла). Так, в полном графе из n вершин (обозначены от 0 до 9) хромосомы c_1 и c_2 :

$$c_1 = \{(8,4), (4,2), (2,6), (7,5), (5,5), (6,8), (9,0), (0,2), (3,1), (1,7)\}$$

$$c_2 = \{(8,1), (1,0), (0,5), (6,8), (9,7), (7,2), (2,4), (5,4), (4,3), (3,7)\}$$

при «механическом» скрещивании дают новые базовые хромосомы bc_1 и bc_2 :

$$bc_1 = \{(8,4), (4,2), (2,6), (7,5), (5,5), (6,8), (2,4), (5,4), (4,3), (3,7)\}$$

$$bc_2 = \{(8,1), (1,0), (0,5), (6,8), (9,7), (7,2), (9,0), (0,2), (3,1), (1,7)\},$$

которые не являются допустимыми решениями – bc_1 и bc_2 содержат лишние вершины, соответственно, $\{2,5,4\}$ и $\{0,1,9\}$. Эта проблема обычно решалась одновариантной коррекцией. При большом n и при мощности этих множеств больше 1, для каждой хромосомы bc_1 и bc_2 имеем более одного потомка:

$$d_{12} = \{ \{(8,4), (4,2), (2,6), (7,5), (5,5), (6,0), (0,0), (1,8), (9,3), (3,7)\},$$

$$\{(8,4), (4,2), (2,6), (7,5), (5,5), (6,1), (1,8), (9,0), (0,2), (3,7)\},$$

$$\{(8,4), (4,2), (2,6), (7,5), (5,5), (6,8), (9,0), (0,0), (1,2), (3,7)\} \}$$

$$d_{21} = \{ \{(8,1), (1,0), (0,5), (6,8), (9,7), (7,2), (2,4), (5,3), (3,3), (4,7)\},$$

$$\{(8,1), (1,0), (0,5), (6,8), (9,7), (7,5), (5,4), (4,3), (3,2), (2,7)\},$$

$$\{(8,1), (1,0), (0,5), (6,8), (9,7), (7,4), (4,2), (2,2), (3,4), (5,7)\} \}.$$

Предложенным способом, без использования принудительной мутации, в графе с количеством вершин $n=10$, при случайной генерации начальной популяции размером 100 хромосом, при 50% отборе лучших хромосом для новой популяции, оптимальное решение было получено за 7 циклов за время 0.0714 сек.