

УДК 004.7

ФОРМУВАННЯ ПАРАЛЕЛЬНИХ ВЕРСІЙ ГЕНЕТИЧНИХ АЛГОРИТМІВ В КОМП’ЮТЕРНИХ МЕРЕЖАХ

Погорілий С.Д., Білоус Р.В.

Київський національний університет імені Тараса Шевченка
romanrpd@gmail.com

Запропоновано підходи до створення паралельних версій генетичних алгоритмів балансування навантаження та маршрутизації в комп’ютерних мережах. Проведено аналіз та одержано асимптотичну оцінку складності паралельного генетичного алгоритму.

В роботах [1, 2] запропоновано підходи використання генетичних алгоритмів для розв’язання задач маршрутизації та розподілення навантаження в комп’ютерних мережах. Описані підходи дозволяють застосувати комплексні метрики маршрутів в мережі а їх робота базується на сучасних алгоритмах маршрутизації. Одним із найбільш доцільних і перспективних шляхів покращення часових характеристик роботи запропонованих алгоритмів є формування їх паралельних версій.

Постановка задачі

Особливістю роботи генетичних алгоритмів в мережах є їх децентралізованість за даними. Кількість обчислювальних вузлів в таких системах може співпадати з кількістю точок обміну трафіком. Обчислювальна система є розподіленою і в загальному випадку слабо-зв’язаною, оскільки ніяких додаткових умов щодо характеристик мережевих з’єднань не накладається. Розглянемо більш детально модель генетичного алгоритму та особливості його застосування в розподілених системах. Схема роботи послідовного генетичного алгоритму може бути описана як:

Початок

Формування початкової популяції;

Повторити

Випадковий вибір M особин;

Застосування операцій кросоверу та мутації;

Формування наступного покоління:

- обчислення функції пристосування особин популяції;
- визначення «найкращих особин»;
- застосування операції відбору.

Поки не досягнуто умови завершення алгоритму

Кінець

Схема 1. Послідовний генетичний алгоритм.

Задача дослідження полягає у формуванні підходу до створення паралельної версії алгоритму в гетерогенній слабко-зв’язаній обчислювальній системі, якою є комп’ютерна мережа.

Розподілена модель генетичного алгоритму

Користуючись описаними в [3] підходами до формування паралельних версій генетичних алгоритмів в роботі пропонується застосування розподіленої моделі.

В цьому випадку популяція розбивається рівномірно на n окремих частин (ареалів) між обчислювальними вузлами системи. При цьому кожен вузол використовує описаний послідовний генетичний алгоритм (схема 1), оперуючи даними відповідного ареалу. Таким чином загальна схема генетичного алгоритму на окремому вузлі системи не змінюється, забезпечуючи його збіжність.

Кожен ареал відділений від інших («географічно») і особини взаємодіють лише в його межах. Введемо додаткову операцію *міграції*, що полягає у переході (копіюванні) окремих особин різних ареалів. Оскільки обчислювальна система є гетерогенною особини можуть мігрувати між довільними ареалами.

Описана операція міграції характеризується низкою параметрів:

- топологією зв’язків між ареалами;
- розміром, що визначає кількість особин N_m , які мігрують між ареалами;
- схемою міграції, що визначає які саме особини мігрують («найкращі», «найгірші», випадкові), а також особини які вони заміщують в іншому ареалі;
- інтервалом T_m , що визначає частоту міграцій.

Важливим параметром операції міграції є також характер взаємодії ареалів: синхронний чи асинхронний. Оскільки обчислювальна система є принципово гетерогенною доцільним є використання асинхронної взаємодії – при цьому уникається залежність від найменш продуктивних обчислювальних вузлів.

Схема розподіленого генетичного алгоритму виглядає наступним чином:

Початок

- Формування початкової популяції;
- Розподіл популяції на ареали;

Повторити

Для кожного ареалу:

Випадковий вибір M особин;

Застосування операцій кросоверу та мутації;

Формування наступного покоління:

– обчислення функції пристосування особин популяції;

– визначення «найкращих особин»;

– застосування операції відбору.

Асинхронна операція міграції;

Поки не досягнуто умови завершення алгоритму

Кінець

Оцінка складності розподіленого генетичного алгоритму

Однією із найважливіших характеристик паралельного алгоритму є його ефективність в порівнянні з послідовним. Відносна ефективність алгоритму (часових характеристик його роботи) S визначається наступним чином:

$$S = \frac{T_s}{T_p}, \quad (1)$$

де T_s та T_p визначають час роботи послідовного та паралельного алгоритмів відповідно. Обчислювальні затрати паралельного генетичного алгоритму можна розподілити на такі частини:

λ – послідовні обчислення, що не підлягають розпаралелюванню (формування початкового покоління, обчислення критеріїв зупинки алгоритму);

γ – послідовні обчислення, що підлягають розпаралелюванню (генетичні операції кросоверу, мутації та відбору);

δ – додаткові часові затрати, пов’язані із взаємодією обчислювальних вузлів (міграція).

Нехай сумарний розмір популяції рівний N . Позначимо кількість обчислювальних вузлів системи як p . Введемо деякі додаткові позначення:

N_m – розмір міграції,

ω_m – частота міграції.

Користуючись описаними позначеннями рівність (1) може бути уточнена наступним чином:

$$S(N, p) = \frac{\lambda(N) + \gamma(N)}{\lambda(N) + \gamma(N) / p + \delta(N_m, \omega_m, p)}.$$

Висновки

Запропоновано підхід до формування паралельних версій генетичних алгоритмів в комп’ютерній мережі. Описано особливості взаємодії ареалів генетичного алгоритму. Введено додаткову генетичну операцію міграції, описано її параметри та запропоновано особливості використання. Описано схему розподіленого генетичного алгоритму та його зв’язок із послідовним генетичним алгоритмом.

Оцінено асимптотичну складність паралельного генетичного алгоритму та описано її залежність від параметрів генетичних операцій та кількості обчислювальних вузлів системи.

Розроблені методики доцільно використовувати при створенні нових мережевих алгоритмів маршрутизації та балансування навантаження, що базуються на генетичних алгоритмах. Збіжність алгоритму залежить від параметрів міграції та генетичних операцій послідовної схеми.

Список літератури

1. С.Д. Погорілий, Р.В.Білоус. Генетичний алгоритм розв’язання задачі маршрутизації в мережах // Проблеми програмування – 2010. – № 2-3: Спец. вип. С.171-178.
2. Girish M K, Zhou B, Hu J Q. Formulation of the load engineering problems in MPLS based IP networks [A]. The Fifth IEEEISCC[C]. Antibes, France, 2000. 214-219.
3. M. Nowostawski, R. Poli. Parallel Genetic Algorithm Taxonomy. Proceedings of the Third International conference on knowledge-based intelligent information engineering systems (KES’99), pp. 88-92, Adelaide.
4. E. Alba, A.J. Nebro, J.M. Troya, "Heterogeneous Computing and Parallel Genetic Algorithms," Journal of Parallel and Distributed Computing 62, pp. 1362-1385, 2002.
5. E. Cantu-Paz, "A Survey of Parallel Genetic Algorithms," Calculateurs Paralleles, Reseaux et Systems Repartis vol. 10 No. 2 pp. 141-171, 1998.

Отримано 05.06.2011