

А. И. Имамутдинов, Н. В. Слепцов

ОСНОВАНИЯ ПРИМЕНЕНИЯ КВАЗИБИОЛОГИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ К РЕШЕНИЮ ОПТИМИЗАЦИОННЫХ ЗАДАЧ

A. I. Imamutdinov, N. V. Sleptsov

BASES OF APPLICATION OF QUASI-BIOLOGICAL APPROACHES ON SOLVING OPTIMIZATION PROBLEMS

Аннотация. *Актуальность и цели.* К постановке проблемы возможности целевого использования базовых принципов функционирования и развития биологических систем в естественном окружении для решения сложных и практически важных задач, таких как задачи оптимизации систем, приводят эффективность и согласованность действия элементов биологических объектов всех уровней, существующих в условиях непрерывной биологической эволюции, равно как и функциональность строения объектов, сформировавшихся под влиянием естественного отбора. *Материалы и методы.* Рассмотрены процессы эволюционного возникновения и развития носителей кодирования информации об объектах и системах. Проанализированы модели эволюционного развития как средства исследования и построения сложных систем. *Результаты.* Даны оценки и обоснована применимость квазибиологических методов для решения сложных многопараметрических задач. *Выводы.* Модели генетико-молекулярных информационных систем могут служить основанием для развития систем представления, генерации и оптимизации сложных структур. Рассмотрение моделей эволюции информационных последовательностей позволяет сделать вывод о возможности формального обоснования базовых характеристик методов – получении единого решения, средней скорости получения решения, характеристик связности для генетических систем управления клеточными организмами.

Ключевые слова: моделирование, система, эволюционное развитие, информационные последовательности, автоматы, модели эволюции.

Abstract. *Background.* The formulation of the problem of the possibility of the targeted use of basic principles of functioning and development of biological systems in a natural environment for solving complex and practically important tasks, such as the problems of optimizing systems, lead to the effectiveness and consistency of the action of elements of biological objects of all levels that exist in continuous biological evolution, as well as the functionality of the structure of objects formed under the influence of natural selection. *Materials and methods.* The processes of evolutionary emergence and development of media coding information about objects and systems are considered. Analyzed models of evolutionary development as a means of research and construction of complex systems. *Results.* Estimates are given and the applicability of quasi-biological methods for solving complex multiparameter problems is justified. *Conclusions.* Models of genetic and molecular information systems can serve as the basis for the development of systems of representation, generation and optimization of complex structures. Consideration of the models of evolution of information sequences allows us to conclude that it is possible to formally substantiate the basic characteristics of the methods – obtaining a single solution, the average speed of obtaining a solution, and connectivity characteristics for genetic control systems of cellular organism.

Keywords: modeling, system, evolutionary development, informational sequences, automata, models of evolution.

Введение

Большинство практически значимых задач в таких областях, как управление сложными объектами, генерация и выбор оптимального решения, поиск оптимального пути, размещения распределенных ресурсов с учетом временной составляющей, характеризуются зависимостью от большого числа составляющих, что делает проблематичным в общем случае получение точного формального решения и вынуждает обращаться к приближенным методам. Однако с ростом числа параметров

сложность вычислений также резко растет и это обстоятельство вызывает интенсификацию поиска приемлемых с точки зрения вычислительной сложности методов решения задач такого рода.

Идеи, на которых данные методы основываются, упрощенно могут быть сведены либо к некоторой структуризации параметров (объектов) связей задачи (метод анализа иерархий, МАИ, метод группового учета аргументов, МГУА), либо к последовательному улучшению начального многопараметрического решения, представляющего в общем случае достаточно сложный объект способами, имеющими аналоги в естественной биологической среде, такими как обучение, имитация механизмов биологического воспроизведения максимально приспособленных особей, имитация механизмов поведения высокоорганизованных биологических сообществ (нейронные сети, эволюционно-генетические методы, метод муравьиных колоний и т.д.).

Уже перечисление аналогов биологических механизмов показывает их принципиальную неоднородность, реализацию на разных уровнях иерархии биологических структур, эффективность работы в рамках некоторой популяции (аналог – множество особей, статистический эксперимент), сильная зависимость результата как от условий внешней среды, что естественно, так и от последовательности достаточно сложных механизмов формирования очередной популяции, являющейся носителем нового, как правило, улучшенного решения. При этом отмеченные механизмы показывают очень высокую эффективность по критерию результат/затраты. В силу сказанного представляется актуальным рассмотрение моделей информационных систем и систем информационных преобразований, основанных на генетико-молекулярном базисе.

Модели генетико-молекулярных информационных систем и методы эволюционной кибернетики

К постановке проблемы возможности целевого использования базовых принципов существования и развития биологических систем в естественном окружении для решения сложных и практически важных задач для человека, например, задач оптимизации систем, приводят эффективность и согласованность действия элементов биологических объектов всех уровней (клеток, организмов, популяций), существующих в условиях непрерывной биологической эволюции, равно как и функциональность строения организмов, сформировавшихся под влиянием естественного отбора. Исходной базой для современных исследований по моделированию информационных систем на молекулярно-генетических принципах являются общие модели эволюции.

Основные механизмы эволюционной оптимизации биообъектов к условиям окружающей среды могут быть представлены следующим образом: на каждой из своих ступеней эволюция непрерывно формирует существенно новые формы генотипов – компактного кодированного представления параметров биообъекта, на которые постоянно действуют процессы как передачи и распространения наследуемых признаков, так и их изменения. Закрепление генотипических признаков в последующих поколениях биообъектов, дающее максимально приспособленный к конкретной внешней среде фенотип, проводится естественным отбором. Являясь, как и процессы наследования и изменчивости, хорошо формализуемым фактором, отбор в то же время по существу может интерпретироваться как творческий процесс создания естественных систем (ЕС), равно как и искусственных систем (ИС). Рассматриваемые в неразрывном единстве наследственность, изменчивость и естественный отбор являются движущими факторами эволюционного развития.

Исторически первоначальные эволюционные концепции преимущественно монистичны и подчеркивают какой-либо один, реже больше факторов эволюции, в то же время такая ограниченность может быть принята только в качестве первоначального приближения. Реальные механизмы эволюционного процесса достаточно сложны во всех проявлениях, поскольку он решает элементарными по сути средствами задачи различных системных уровней – например, одновременно с адаптацией особей популяции к условиям текущего окружения (главным образом – внутривидовая конкуренция) нарабатываются свойства популяции, обеспечивающей ей выживание в конкуренции с другими видами и во времени.

В настоящее время базовые положения эволюционной теории формируются в рамках синтетической теории эволюции (СТЭ), исторически являющейся синтезом дарвинизма, теории популяций и классической генетики [1]. Основанием для перехода к СТЭ послужило в первую очередь изменение в понимании механизмов изменчивости и принципов наследования.

Базовые положения эволюционной теории могут быть сведены к следующим:

– эволюция обеспечивается естественным отбором, использующим случайные мутации и рекомбинации для формирования приспособленности строения и функций организмов условиям внешней среды;

– наследственная изменчивость в популяциях носит массовый характер, специальные мутационные изменения носят характер индивидуальный, присущий только отдельным представителям популяций;

– максимально благоприятные сочетания свойств закрепляются механизмом максимального преимущества при размножении – наибольшее число потомков наблюдается у особей с максимальной адаптацией к окружению;

– естественный отбор идет по фенотипическим признакам.

Существенным моментом является то обстоятельство, что конкретные условия внешней среды одновременно являются как факторами формирования оптимальных популяций, так и факторами формирования параметров самого эволюционного процесса. Объединение всех видов и форм эволюции в СТЭ, рассмотрение их с единых позиций и точки зрения единого описания и управления, описание их адекватным формальным аппаратом может дать мощный инструмент для генерации, анализа и исследования ЕС и ИС.

Формально эволюционный алгоритм представляет оптимизационный метод, рассматривающий развитие множества – популяции – объектов или особей, для каждой из которых формируется оценивающая функция – многомерная $f(S)$ – параметров или «генов» особи $S = (S_1, S_2, \dots, S_N)$. Задача традиционно заключается в максимизации $f(S)$. Процесс основан на последовательной генерации новых популяций, включающих особей с новым набором параметров и поиск в них особей с наиболее оптимальным уровнем приспособленности. Он реализуется за счет рекомбинаций, мутаций и отбора геномов особей. Механизмы эволюционного поиска обеспечивают квазипараллелизм поиска в пространстве решений, генерацию последовательных приближений к оптимальным решениям за счет рекомбинации полученных ранее решений с повышенным уровнем оценки. Это дает серьезные преимущества при использовании их для оптимизации многомерных, плохо определенных функций.

Простейшая модель эволюции информационных последовательностей. Рассматривая развитие моделей эволюционных вычислений, можно отметить определенные этапы своеобразной эволюции, в том числе и такого процесса. Начиная от простейших, такие модели несли общие черты, присущие реализации эволюционных механизмов и в то же время старались обеспечивать предельный уровень минимализма в соответствии с уровнем решаемых задач. Так, относящаяся к простейшим модель квазивидов [2] предназначена для анализа эволюции информационных последовательностей, представленных векторами $S = (S_1, S_2, \dots, S_N)$. Эти последовательности способны к самовоспроизведению, соответственно, популяция в процессе эволюционного развития представляет множество $\{S_k\}$, из n последовательностей $S_k, k = 1, \dots, n$, каждая последовательность – это цепочка N символов, $S_{ki}, i = 1, \dots, N$. Длина N и численность популяции n велики: $N, n \gg 1$.

Функционирование модели:

A0. *Создание исходной популяции $\{S_k(0)\}$.* Случайно выбираем символ S_{ki} , для каждого $k = 1, \dots, n$, и для каждого $i = 1, \dots, N$. Полагаем его равным произвольному символу алфавита.

A1. *Оценка.* Для каждого $k = 1, \dots, n$, определяем $f(S_k)$.

A2. *Генерация популяции $\{S_k(t+1)\}$.* Генерируем очередную популяцию $\{S_k(t+1)\}$ отбором n особей по результатам проведения $f(S_k)$.

A3. *Мутации в новой популяции.* Замена $S_{ki}(t+1)$ на произвольный символ для каждого $k = 1, \dots, n$, и для каждого $i = 1, \dots, N$, с вероятностью P , характеризующей интенсивность мутаций.

A4. *Смена поколений.* Для $t = 0, 1, 2, \dots$, пока выполняется $t \leq t_{\text{пр}}$ повторяем блок A1, A2, иначе A4.

A5. *Конец*

Модель не накладывает ограничений на характер представления времени и позволяет получить интересные результаты как для непрерывного, так и дискретного времени, в частности, показывает особенности сходимости процесса.

Пусть x_k – численность особей k -го вида; W_k – селективная ценность особей k -го вида; ϕ_{kl} – параметры, характеризующие мутационные потоки, E – параметр, характеризующий ограничения, например, на численность популяции:

$$\sum_l x_l = n = \text{const}.$$

В случае мутаций очень низкой интенсивности ($\phi_{kl} = 0$) и для частот $p_k = x_k/n$, характеризующих вероятности нахождения в популяции особей разных видов, динамика популяции определяется уравнением Эйгена – Фишера:

$$\frac{dp_k}{dt} = (W_k - \langle W \rangle) p_k, \quad (1)$$

где $\langle W \rangle = \sum_k W_k p_k$ – средняя селективная ценность в популяции.

Отсюда скорость изменения $\langle W \rangle$:

$$\begin{aligned} \frac{d\langle W \rangle}{dt} &= \sum_k W_k (W_k - \langle W \rangle) p_k = \sum_k p_k (W_k^2 - 2W_k \langle W \rangle + W_k \langle W \rangle) = \\ &= \sum_k p_k (W_k^2 - 2W_k \langle W \rangle + \langle W \rangle^2) = \sum_k p_k (W_k - \langle W \rangle)^2. \end{aligned} \quad (2)$$

Отсюда следует, средняя селективная ценность в популяции растет и в состоянии равновесия системы достигает некоторого значения. При достижении состояния равновесия скорость изменения средней селективной ценности падает до нуля.

Поскольку лишь для одного вида, обладающего максимальным W_k , выполняется условие $p_k(t) \rightarrow 1$ при $t \rightarrow \infty$, решение системы (1) показывает, что выживает только один вид.

Анализ систем уравнений модели в общем случае показывает, что эволюционный отбор приводит к отбору квазивида – некоторого распределения видов, для которого частоты видов пропорциональны компонентам собственного вектора, соответствующего максимальному собственному значению λ_m , но не одного отдельного вида (либо особи).

Основные результаты, обеспечиваемые моделью:

- 1) процесс эволюции сходится к квазивиду, распределение особей в котором строго определены;
- 2) доступна оценка времени сходимости к квазивиду.

«Спин-стекольная» модель эволюции. Рассмотренная выше модель информационных последовательностей ограничена в том смысле, что предполагает наличие одного экстремума. Подобное ограничение отсутствует в модели спиновых стекол.

Формальное описание модели [2]:

- 1) система S образована из N спинами: $S = S_1, S_2, \dots, S_N$; $N \gg 1$, с возможными значениями $1, -1$;
- 2) спины случайным образом взаимодействуют. Энергия системы определена как

$$E(S) = -\sum_{i < j} J_{ij} S_i S_j, \quad j = 1, \dots, N \quad (3)$$

либо

$$E(S) = -\frac{1}{2} \sum_{i, j=1}^N J_{ij} S_i S_j, \quad j \neq i, \quad (4)$$

где J_{ij} – элементы матрицы взаимодействий между спинами.

Алгоритм функционирования:

A0. Генерация начальной популяции $\{S_k(0)\}$.

Для каждого $k = 1, \dots, n$ и каждого $i = 1, \dots, N$ случайно выбираем символ S_{ki} , из $\{1, -1\}$.

A1. Оценка.

Для каждого $k = 1, \dots, n$ вычисляем $f(S_k)$.

A2. Генерация очередного поколения популяции $\{S_k(t+1)\}$.

Отбор в $\{S_k(t+1)\}$ n особей с вероятностями, пропорциональными $f(S_k)$.

A3. Мутации.

Переворачиваем спин $S_{ki}(t+1)$: ($S_{ki} \rightarrow -S_{ki}$) с вероятностью P_m для каждого $k = 1, \dots, n$, для каждого $i = 1, \dots, N$. P_m – интенсивность мутаций.

А4. Смена поколений.

Для $t = 0, 1, 2, \dots, T$, пока $t \leq T$, повторяем блок А1, А2, иначе А4.

А5. Конец.

В конечном счете модель обеспечивает сходимость с некоторому локальному энергетическому минимуму E_L различному для различных реализаций. В силу этого обстоятельства ее можно рассматривать как развитие модели квазивидов.

Модель гиперциклов. Модель обеспечивает расширение предшествовавших моделей до уровня рассмотрения механизмов кооперации в процессе эволюции самовоспроизводящихся макромолекулярных систем РНК и ферментов. В данной модели информация, закодированная РНК-последовательностями, передается в структуру ферментов аналогично механизму трансляции в биологических клетках. Структурная стабильность обеспечивается циклической организацией гиперцикла.

Можно отметить также близкую к модели гиперциклов модель сайзеров, удачно воспроизводящую эволюционный процесс возникновения системы управления простого типа.

При всей ограниченности и понятной условности выделения этапов эволюции информационно-логических последовательностей их фиксация позволяет:

- 1) говорить об этапности в развитии информационно-логических моделей с постоянным усложнением на каждом из этапов и повышении уровня организации;
- 2) четко привязать к ним принципиально новые характеристики и возможности;
- 3) рассматривать указанные модели как элементы либо возможные сценарии предбиологических систем.

Общие модели эволюции и методы теоретической популяционной генетики

Молекулярная эволюция: теория нейтральности. Усложнение представлений о характере эволюционного процесса и вызванные этим усложнения моделей и характеристик эволюции в значительной степени связаны с интерпретацией ряда экспериментальных данных, позволивших уточнить степень влияния отдельных факторов эволюции на скорость ее протекания и, соответственно, на получение результата. Экспериментальные оценки касались в основном скорости замен в белках и потребовали уточнения понимания в первую очередь влияния фактора мутации. Это уточнение легло в основу теории нейтральности, интерпретирующей экспериментальные данные по эволюции белков и состоит в том, что на молекулярном уровне мутации преимущественно нейтральны либо слабо вредны. Наличие существенно вредных мутаций возможно, но селекция нейтрализует их влияние на популяцию.

К основным положениям теории нейтральности можно отнести:

1. Если функция и третичная структура белка остаются в основном неизменными, скорость эволюции любого белка приблизительно постоянна.
2. Для функционально менее важных частей белка накопление мутационных замен проходит быстрее, чем в для более важных. Следствием для эволюционных алгоритмов является необходимость создания некоторой избыточности генотипа, что позволяет принципиально за счет накопления изменений в неиспользуемой части генотипа обеспечивать структурные скачки.
3. Интенсивность выбраковки селекцией неблагоприятных мутаций и случайных фиксаций нейтральных мутаций (либо несущественно вредных) выше, чем положительный отбор благоприятных мутаций.

Отметим также и стохастический характер математических моделей теории нейтральности, так как существенную роль в фиксации нейтральных мутаций играет относительно малая численность популяции.

Модели блочного эволюционного отбора в своей основе имеют принцип формирования генотипов из фрагментов, оптимизированных ранее. Предлагаются блочно-иерархическая и блочно-модульная организация моделей. Эволюционирующие системы развиваются снизу вверх при сохранении основного принципа – строительными блоками выступают ранее сгенерированные и оптимальные (жизнеспособные) структуры, на базе которых формируется эволюционирующая система.

Последней из рассматриваемых моделей эволюционного отбора отметим модель эволюции автоматов или модель *NK*-автоматов Кауфмана. Модели дают возможность определить ряд характе-

ристик поведения эволюционирующих систем, не затрагивавшихся в предыдущих моделях, в основном, влияние структурных особенностей систем на эволюционное поведение.

NK -автомат (рис. 1) образован N булевыми логическими элементами, каждый элемент имеет K входов и один выход, $N \gg 1$. Сигналы на входах/выходах элементов принимают значения $\{0,1\}$. Выходы одних элементов объединены со входами других, характер связей – случайный. Число входов каждого элемента K – фиксировано.

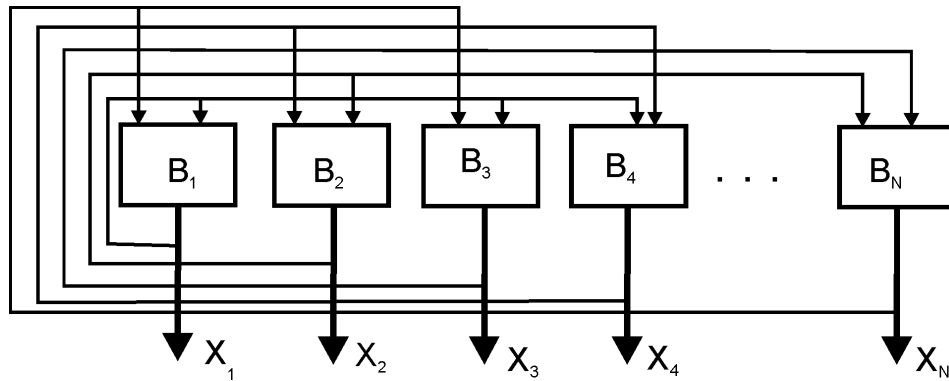


Рис. 1. NK -автомат: B_i – логические элементы; $K = 2$

Основной результат, обеспечиваемый моделью, состоит в возможности связи характера функционирования автоматов и степени связанности его элементов K . При $K \approx N$ поведение автоматов стохастично: оно резко меняется и по отношению к минимальным возмущениям и по отношению к мутациям (происходит как типа элемента так и типа связи между элементами).

В диапазоне от N до 2 тип поведения сохраняется, но принципиально меняется при $K \approx 2$. Минимальные возмущения практически не оказывают влияния на программы, стандартными становятся незначительные изменения динамики функционирования. Каскадные, радикальные изменения программ автоматов возможны вследствие крайне редких мутаций. Такое поведение достаточно близко описывает типичное поведение управления биообъектов вследствие ряда причин:

- характер поведения автомата и интерпретируемой системы одновременно обеспечивает сочетание стабильности функционирования, так и требуемую степень пластичности для эволюционного развития;
- в схемах биологической регуляции обычно присутствует незначительное количество связей между отдельными элементами, функционирование отдельных элементов в силу этого достаточно простое;
- имеются основания говорить о близости некоторых характеристик NK -автоматов и сопоставляемых им характеристик биологических организмов разного эволюционного уровня. Так, сравнение числа аттракторов NK -автомата с числом различных типов клеток у биологических объектов дает сопоставимые значения.

Формализация основных понятий ЭМ. Рассмотренные модели эволюционирующих информационных последовательностей обладают некоторыми общими свойствами, в частности, их состав, связи, входные и выходные множества, отчасти функции преобразования. Даже достаточно общее формальное описание в таких обстоятельствах даст возможность проявить сходные черты и механизмы, определить направления дальнейшего концептуального развития моделей.

Возможным аппаратом формализации в данном случае может быть формализм структурированных моделей.

Структурированная модель, образованная некоторой совокупностью элементов f_i , $i \in I$ со свойствами θ_i и отношений между ними s , осуществляет отображение входных функций $x(t) \in X$ дискретного аргумента t ($t \in T^\infty$, $t = 0, 1, \dots$) в выходные функции $y(t) \in Y$, того же аргумента с помощью набора операторов из $\{f, I\}$ в соответствии с отношением s , которое определяет порядок следования $f_i (i \in I)$.

Модель при изменении должна оставаться в условиях ограничений для некоторого класса K . Таблица либо список изменений, оставляющих модель в рамках класса, определим как список режимов изменений (РИ).

Каждая последующая C -модель в рамках эволюционного процесса, рассматриваемая в роли функционального преобразователя F , является очередным ε -приближением некоторого преобразователя F^* по заданному критерию $Q: \varepsilon = r(Q_c^*, Q_c)$. r – функция расстояния, в случае битового представления генотипа – расстояние Хемминга. Если $r(Q_{c2}^*, Q_c) < r(Q_c^*, Q_c)$, то модель C_2 локально эффективна.

Процесс эволюционной обработки образован этапами:

- эволюционного синтеза РП;
- генерации собственно решения.

Конечным результатом очередного шага в процессе эволюционного синтеза ε -приближения в заданном классе моделей является формирование с помощью РИ Γ модели C_N из модели C_{N-1} , выбранной из популяции Π (P_ε) локально-эффективных на предыдущих шагах синтеза. Режим изменения Γ выбирается списка РИ. Структурный эволюционный синтез связывает следующие друг за другом модели: $C_N = (\Gamma_i)C_{N-1}$, где Γ_i – i -й режим изменения из списка РИ. Поиск и оценка проводятся не в пространстве параметров, а в пространстве структур моделей.

Таким образом, процесс эволюционного синтеза можно описать многокомпонентным вектором:

$$P_S = (C^0; G; Q_1; I_c; \Pi_c; P_1; P_2; A),$$

где C^0 – исходная модель класса K ; $G = \langle \Gamma_i, i = \overline{1, L} \rangle$ – список РИ $\Gamma_i: \Gamma_i(C) \subset K$; L – длина РИ; $Q_1: C \rightarrow R^1$ – критерий отбора; $I_c = (X_c, Y_c)$ – обучающая выборка; $\Pi_c = \langle C_i, i = \overline{1, k} \rangle$ – популяция локально-эффективных моделей; k – размер популяции Π_c ; $P_1 = (P_{11}, \dots, P_{1k}) \in I^k, P_{1i} \in [0, 1], i = \overline{1, k}, \sum_{i=1}^k P_{1i} = 1$; P_{1i} – вероятность выбора моделей $C_i \in \Pi_c$; $P_2 = (P_{21}, \dots, P_{2L}) \in I^L, P_{2i} \in [0, 1], i = \overline{1, L}, \sum_{i=1}^L P_{2i} = 1$; P_{2i} – вероятность выбора РИ $\Gamma_i \in G$; $A: I^L \times I^K \times I^s \rightarrow P(I^K \times I^L)$ – стратегия случайного поиска.

Формирование решения P_U :

$$P_U = (\Pi^0; V; P_3; Q_2; r),$$

где $\Pi^0 = \langle C_j, j = \overline{1, k} \rangle$ – популяция сгенерированных моделей; k – размер популяции Π^0 ; $V: \Pi^0 \rightarrow R$ – оператор генерации решения $r \in R$; $P_3 = (P_{31}, \dots, P_{3L}) \in I^L, P_{3i} \in [0, 1], i = \overline{1, L}, \sum_{i=1}^L P_{3i} = 1$; P_3 – вероятность выбора модели $C_j \in \Pi^0$; $Q_2: R \rightarrow R^1$ – критерий оценки $r \in R$; $r \in R$ – генерируемое решение (генотип).

Вследствие единства эволюционного процесса критерий Q_2 оценки решения и критерий отбора Q_1 образуют взаимосвязанную систему.

Заключение

Проведенный анализ современного состояния средств эволюционной информатики позволяет утверждать, что модели генетико-молекулярных информационных систем могут служить основанием для развития систем представления, генерации и оптимизации сложных структур [3].

Рассмотрение моделей эволюции информационных последовательностей позволяет сделать вывод о возможности формального обоснования результата о получении единого решения (выживания только одного вида), средней скорости получения решения, характеристик связности для генетических систем управления клеточными организмами.

Формальное описание различных классов моделей эволюции информационных процессов как структурированных моделей дает возможность однотипного описания и применения к ним однотипных методов исследования.

Эволюционный синтез структурированных моделей при выполнении набора требований придает процедурам структурного случайного поиска свойства глобальности и, как следствие, эффективности при оптимизации многоэкстремальных функций.

Решение задач развития средств и моделей эволюционной информатики, применения средств эволюционного моделирования для задач структурного синтеза может быть использовано в приложении, например, к построению проблемно-ориентированных систем представления, генерации и оптимизации сетевых структур.

Библиографический список

1. Слепцов, Н. В. Оптимизация эволюционно-генетического поиска / Н. В. Слепцов, П. П. Макарычев. – KG Saarbrücken Germany : LAP LAMBERT Academic Publishing GmbH & Co., 2012. – 337 с.
2. Редько, В. Г. Эволюционная кибернетика / В. Г. Редько. – Москва : Наука, 2001. – 274 с.
3. Chambers Practical handbook of genetic algorithms v 3 Complex coding systems 2 ed. – 2001.

References

1. Sleptsov N. V., Makarychev P. P. *Optimizatsiya evolyutsionno-geneticheskogo poiska* [Optimization of evolutionary genetic search]. KG Saarbrücken Germany: LAP LAMBERT Academic Publishing GmbH & Co., 2012, 337 p. [In Russian]
2. Red'ko V. G. *Evolutsionnaya kibernetika* [Evolutionary cybernetics]. Moscow: Nauka, 2001, 274 p. [In Russian]
3. *Chambers Practical handbook of genetic algorithms v 3 Complex coding systems 2 ed.* 2001.

Имамутдинов Антон Игоревич

аспирант,
Пензенский государственный университет
(440026, Россия, г. Пенза, ул. Красная, 40)
E-mail: antonim94@yandex.ru

Imamutdinov Anton Igorevich

postgraduate student,
Penza State University
(440026, 40 Krasnaya street, Penza, Russia)

Слепцов Николай Владимирович

кандидат технических наук, доцент,
кафедра экономической кибернетики,
Пензенский государственный университет
(440026, Россия, г. Пенза, ул. Красная, 40)
E-mail: nbs_nbs@km.ru

Sleptsov Nikolay Vladimirovich

candidate of technical sciences, associate professor,
sub-department of economic cybernetics,
Penza State University
(440026, 40 Krasnaya street, Penza, Russia)

Образец цитирования:

Имамутдинов, А. И. Основания применения квазибиологических подходов к решению оптимизационных задач / А. И. Имамутдинов, Н. В. Слепцов // Надежность и качество сложных систем. – 2019. – № 3 (27). – С. 92–99. – DOI 10.21685/2307-4205-2019-3-11.