

KHẢO SÁT TIÊU CHUẨN DÙNG CỦA THUẬT TOÁN TIẾN HÓA

Trần Văn Lăng, Đào Văn Tuyết

Phân viện Công nghệ Thông tin tại Tp. Hồ Chí Minh

(Bài nhận ngày 19 tháng 2 năm 2002, hoàn chỉnh sửa chữa ngày 02 tháng 4 năm 2002)

TÓM TẮT: Gần đây, lý thuyết giới hạn của thuật toán tiến hóa (Evolutionary Algorithms - EA) cho bài toán tối ưu hóa một mục tiêu đã được phát triển khá tốt. Kết quả trở nên khác hẳn đối với các lãnh vực tối ưu hóa tiến hóa các hàm đa mục tiêu. Do lớp các bài toán này có thể được xem như là trường hợp đặc biệt của bài toán xác định tập các phần tử tối thiểu (hay tối đại) trong các tập hợp sắp thứ tự riêng phần. Lý thuyết giới hạn của thuật toán tiến hóa có thể đáp ứng cho loại vấn đề này, nó cho phép chuyển tất cả các tính chất và kết quả vào trường hợp đặc biệt kể trên. Một vấn đề khác liên quan đến hiệu quả của thuật toán, đó là thời gian thực thi của thuật toán, sau khi phát triển mô hình động của thuật toán, nhiều công trình đã thử nghiệm tiêu chuẩn dùng với giá trị tốt nhất nhận được trong thế hệ trước đó làm giá trị so sánh và phát triển các phương pháp để nhận được các tiêu chuẩn thích hợp. Bài báo này sẽ đề cập đến một phương pháp nổi bật nhất, trong đó thời gian chờ mong đợi (Expected Waiting Time - EWT) sẽ được tính toán dựa trên cơ sở mô hình Markov của Nix và Vose đã phát triển cho thuật toán di truyền cơ bản (Simple Genetic Algorithm - SGA). Các kết quả được trình bày trong hai phần: phần 1, giới thiệu các khái niệm cơ bản; phần 2, trình bày các áp dụng.

1. MỞ ĐẦU

Lý thuyết giới hạn của thuật toán tiến hóa cho trường hợp tối ưu hóa các hàm đa mục tiêu hiện vẫn còn non trẻ, chỉ một số ít các kết quả đã được đề cập đến trong [1], phần lớn các kết quả lý thuyết liên quan đến giải thuật tiến hóa cho đến nay vẫn chưa được khảo sát một cách có hệ thống. Mặt khác, nhiều bài toán trong thực tế có thể được xem như là các trường hợp đặc biệt của bài toán đi tìm tập các phần tử tối thiểu (hay tối đại) trong tập hợp được sắp thứ tự không toàn phần (xem [2]). Để có thể làm thay đổi tình trạng trên, G.Rudolph ở đại học Dortmund (Germany) đã đề xướng một cách tiếp cận mà trong đó thay vì phát triển lý thuyết riêng cho từng bài toán, cần phát triển một cơ sở lý thuyết cho EA sao cho có thể cải biến thích ứng với sự đa dạng của các tập giá trị thích nghi (fitness) có thứ tự riêng phần. Trong bài báo này chúng tôi chỉ trình bày các kết quả chính của lý thuyết tổng quát và áp dụng của chúng vào một số lớp các bài toán đặc biệt, chẳng hạn như tối ưu hóa đa mục tiêu, các hàm mục tiêu với giá trị khoảng và bị nhiễu.

2. TẬP GIÁ TRỊ THÍCH NGHI CÓ THỨ TỰ RIÊNG PHẦN

2.1. Định nghĩa và khái niệm

Trong phần này chúng tôi trình bày một số những định nghĩa và khái niệm của sự hội tụ ngẫu nhiên đến tập các phần tử tối thiểu.

Cho F là một tập hợp, một quan hệ phản xạ, phản xứng, và bắc cầu " \preceq " trên F được gọi là một quan hệ thứ tự riêng phần, trong khi đó một quan hệ thứ tự riêng phần nghiêm ngặt

“ \prec ” phải thỏa tính chất không phản xạ, không đối xứng, và bắc cầu. Quan hệ sau có thể có được từ quan hệ hình thức hơn bằng cách đặt $u \prec v := (u \preceq v) \wedge (u \neq v)$.

Định nghĩa 1

Nếu quan hệ thứ tự riêng phần “ \preceq ” có hiệu lực trên F thì cặp (F, \preceq) được gọi là tập có thứ tự riêng phần (partially ordered set, viết tắt là poset).

Định nghĩa 2

Nếu $u \preceq v$ với u, v bất kỳ thuộc về F , thì v được gọi là trội của u hay u được trội bởi v . Các điểm phân biệt $u, v \in F$ được gọi là so sánh được khi tồn tại $u \preceq v$ hoặc $v \preceq u$. Ngược lại u và v là không so sánh được, trong trường hợp này ta dùng ký hiệu $u \parallel v$. Nếu mỗi cặp điểm phân biệt của một poset (F, \preceq) là so sánh được với nhau thì (F, \preceq) được gọi là một tập có thứ tự toàn phần hay một dãy chuyền.

Định nghĩa 3 (Trường hợp đối ngẫu)

Nếu mỗi cặp điểm phân biệt của một poset (F, \preceq) là không thể so sánh được thì poset (F, \preceq) được gọi là một đối chuyền (antichain).

Định nghĩa 4

Phần tử $u^* \in F$ được gọi là phần tử tối thiểu của poset (F, \preceq) nếu không tồn tại $u \in F$ sao cho $u \prec u^*$. Gọi $M(F, \preceq)$ hay F^* là tập tất cả các phần tử tối thiểu, $M(F, \preceq)$ được gọi là đầy đủ nếu với mỗi $u \in F$ tồn tại ít nhất một phần tử $u^* \in M(F, \preceq)$ sao cho $u^* \preceq u$.

Trong trường hợp tập poset hữu hạn hoặc không quá đếm được, khi đó tính đầy đủ của $M(F, \preceq)$ được đảm bảo (xem [3] trang 98).

Giả sử $f : X \rightarrow F$ là một ánh xạ từ tập X nào đó vào poset (F, \preceq) . Cho tập $A \subseteq X$, tập $M_f(A, \preceq) = \{a \in A : f(a) \in M(f(A), \preceq)\}$ chứa những phần tử trong A mà ảnh của nó là những phần tử tối thiểu trong không gian ảnh $f(A) = \{f(a) : a \in A\} \subseteq F$.

Để làm rõ khái niệm “hội tụ ngẫu nhiên đến tập các phần tử tối thiểu”. Chúng ta cần các độ đo khoảng cách giữa những tập điểm hữu hạn.

Định nghĩa 5

Nếu A và B là các tập con của một tập nền hữu hạn X thì $d(A, B) = |A \cup B| - |A \cap B|$ là một metric trên tập lũy thừa của X .

Độ đo thứ hai dùng đại lượng $\partial_B(A) = |A| - |A \cap B|$ đếm số các phần tử mà nó thuộc về A nhưng không thuộc về B .

Định nghĩa 6

Giả sử A_t là quần thể của một thuật toán tiến hóa nào đó tại bước lặp $t \geq 0$ và $F_t = f(A_t)$ là tập ảnh được liên kết của nó. Thuật toán tiến hóa được gọi là hội tụ với xác suất 1 đến toàn bộ tập các phần tử tối thiểu nếu:

$$d(F_t, F^*) \rightarrow 0 \text{ với xác suất 1 khi } t \rightarrow \infty.$$

Thuật toán được gọi là hội tụ với xác suất 1 đến **tập các phần tử tối thiểu** nếu:

$$\partial_{F^*}(F_t) \rightarrow 0 \text{ với xác suất } 1 \text{ khi } t \rightarrow \infty.$$

Nhận xét: $d(F_t, F^*) \rightarrow 0$ kéo theo $\partial_{F^*}(F_t) \rightarrow 0$.

2.2. Một số kết quả

Trong phần này chúng tôi trình bày một số kết quả chính về sự hội tụ ngẫu nhiên trong thuật toán tiến hóa. Các kết quả này dựa trên các giả thiết sau đây.

Giả thiết

Tập tìm kiếm X là hữu hạn và hàm thích nghi $f : X \rightarrow F$ ánh xạ mỗi cá thể $x \in X$ vào một thành viên của tập thích nghi F có thứ tự riêng phần và không nhất thiết là một thứ tự số học.

Thuật toán 1.

$B(0)$ được trích ra ngẫu nhiên từ X^n

$A(0) = M_f(B(0), \preceq)$

$t = 0$

repeat

$B(t+1) = \text{generate}(A(t))$

$A(t+1) = M_f(A(t) \cup B(t+1), \preceq)$

$t \leftarrow t + 1$

until tiêu chuẩn dừng được thỏa

Định lý 1.

Giả sử G là một ma trận ngẫu nhiên thuần nhất mô tả hành vi truyền ứng từ $A(t)$ đến $B(t+1)$ trong thuật toán tiến hóa. Nếu ma trận G là xác định dương thì $d(f(A_t), F^*) \rightarrow 0$ với xác suất 1 và hội tụ theo trung bình khi $t \rightarrow \infty$.

Trong thuật toán trên có hai điểm đáng được quan tâm: *Thứ nhất*, kích cỡ tập $A(\cdot)$ sẽ tăng trưởng đến $|F^*|$, điều này dẫn đến hạn chế cho các áp dụng thực tiễn của thuật toán trong trường hợp tổng quát (đặc biệt khi $|F^*|$ lớn). *Thứ nhì*, nếu ma trận G là ma trận tối giản nhưng không xác định dương, khi đó sự hội tụ không thể được đảm bảo trong trường hợp tổng quát.

Để giữ quần thể ở mức kích cỡ có thể quản lý được, chúng ta cần phải cải biến một cách đáng kể thủ tục chọn lựa của thuật toán tiến hóa. Giả sử $n = |B_t|$ và $m \geq n$, trong đó m dùng để chỉ kích thước tối đa của tập A_t , hàm $\text{draw}(k, C)$ trả về một tập có tối đa k phần tử phân biệt được trích ra từ tập C bằng một phương pháp bất kỳ. Nếu $k = 0$ thì một tập rỗng sẽ được trả về.

Thuật toán 2.

$B(0)$ được trích ra ngẫu nhiên từ X^n

$A(0) = M_f(B(0), \preceq)$

$t = 1$

repeat

B(t) = generate (A(t - 1))

B*(t) = M_f(B(t), \preceq)

C(t) = \emptyset

foreach b \in B*(t) **do**

D_b = { a \in A : f(b) \prec f(a)}

if D_b $\neq \emptyset$ **then**

A(t) \leftarrow (A(t) \ D_b) \cup {b}

elseif \forall a \in A(t) : f(a) \parallel f(b) **then**

C(t) \leftarrow C(t) \cup {b} **endif**

endfor

k = min { m - |A(t)|, |C(t)| }

A(t+1) = A(t) \cup draw(k , C(t))

t \leftarrow t + 1

until tiêu chuẩn dừng được thỏa

Với chi tiết được minh họa trong thuật toán 2, ta có thể chứng minh được Định lý sau.

Định lý 2.

Giả sử G là một ma trận ngẫu nhiên thuần nhất mô tả hành vi truyền ứng từ A(t) đến B(t+1) trong thuật toán tiến hóa. Nếu ma trận G là xác định dương thì $\partial_{F^*}(F_t) \rightarrow 0$ và $|A_t| \rightarrow \min\{m, |F^*|\}$ với xác suất 1 và hội tụ theo trung bình khi $t \rightarrow \infty$.

Nếu F có thứ tự toàn phần thì thuật toán tiến hóa nêu trong định lý 1 và 2 được đồng nhất và chúng qui về một thuật toán tiến hóa với lược đồ chọn - (1+n). Lưu ý rằng kích thước quần thể của thuật toán tiến hóa thứ hai có thể thay đổi trong suốt quá trình tìm kiếm; tuy nhiên, cuối cùng kích thước sẽ đúng chính xác bằng $\min\{m, |F^*|\}$ và hội tụ theo trung bình khi $t \rightarrow \infty$.

Xuất phát từ việc kích thước các quần thể thay đổi không phải là điều thông thường trong lĩnh vực tính toán tiến hóa, nên chúng tôi đề nghị áp dụng một thuật tiến hóa trong đó kích thước quần thể được giữ nguyên. Nhưng lưu ý rằng quần thể A(.) có thể chứa những cá thể bị trôi bởi một số cá thể khác. Điều này tương phản với phiên bản trước, trong đó chúng ta có tính chất bất biến của quần thể là một đối称, có nghĩa là mọi cá thể không thể so sánh được với nhau.

Thuật toán 3.

B(0) được trích ra ngẫu nhiên từ Xⁿ

A(0) = M_f(B(0), \preceq)

t = 1

repeat

B(t) = generate (A(t - 1))

B*(t) = M_f(B(t), \preceq)

B(t) \leftarrow B(t) \ B*(t)

```

C(t) = ∅
foreach b ∈ B*(t) do
    Db = { a ∈ A : f(b) < f(a) }
    if Db ≠ ∅ then
        A(t) ← (A(t) \ Db) ∪ {b}
        B*(t) ← B*(t) \ {b}
    elseif ∀ a ∈ A(t) : f(a) || f(b) then
        C(t) ← C(t) ∪ {b}
        B*(t) ← B*(t) \ {b}
    endif
endfor
k = min { m - |A(t)|, |C(t)| }
A(t+1) = A(t) ∪ draw( k , C(t) )
k = min { m - |A(t+1)|, |B*(t)| }
A(t+1) = A(t+1) ∪ draw( k , B*(t) )
k = min { m - |A(t+1)|, |B(t)| }
A(t+1) = A(t+1) ∪ draw( k , B(t) )
t ← t + 1
until tiêu chuẩn dừng được thỏa

```

Định lý 3.

Giả sử G là một ma trận ngẫu nhiên thuần nhất mô tả hành vi truyền ứng từ A(t) đến B(t+1) trong thuật toán tiến hóa. Nếu ma trận G là xác định dương và $|F^*| \geq n$ khi đó $\partial_{F^*}(f(A_t)) \rightarrow 0$ (khi kích thước quần thể n không đổi) với xác suất 1 và hội tụ theo trung bình khi $t \rightarrow \infty$.

3. ÁP DỤNG**3.1. Tối ưu hóa đa mục tiêu**

Khác biệt chính giữa tối ưu hóa đơn mục tiêu và đa mục tiêu được căn cứ trên yếu tố: hai phần tử bất kỳ của bài toán đa mục tiêu không chắc có thể so sánh được với nhau. Để hiểu vấn đề một cách đầy đủ, chúng ta cần định ý là các giá trị $f_1(x), f_2(x), \dots, f_d(x)$ với $d \geq 2$ của các hàm đa mục tiêu, biểu diễn các số lượng không thể so sánh được với nhau, chúng không có thể cực tiểu hóa một cách đồng thời. Chẳng hạn, f_1 có thể dùng để đo chi phí, f_2 có thể đo mức độ ô nhiễm, f_3 để đo độ nén của một lò hơi, v.v... Chính vì thế khái niệm "tối ưu" của một lời giải cần phải có một tiêu chí tổng quát hơn, giống như trong trường hợp đơn mục tiêu. Theo nguyên lý Pareto, trong khi tiến hóa lời giải, thuật toán làm cho lời giải thỏa ràng buộc này tốt lên mà không làm cho bị xấu đi đối với ràng buộc khác. Trong ngữ cảnh này, những phần tử mang tính chất trên được gọi là phần tử tối ưu - Pareto (*pareto-optimal*). Từ đó cảm sinh một thứ tự tự nhiên:

$$u \preceq v \Leftrightarrow u \neq v \wedge \forall i = 1, 2, \dots, d: u_i \leq v_i \quad (1)$$

trong không gian mục tiêu F với $u, v \in F \subseteq \mathbb{R}^d$ và hàm thích nghi $f: X \rightarrow F$ với $u = f(x), v = f(y), \forall x, y \in X$. Hiển nhiên, các lời giải tối ưu - Pareto trong không gian mục tiêu chính là

những phần tử tối thiểu của tập thứ tự riêng phần (F, \preceq) với $F = R^d$ và quan hệ thứ tự \preceq như đã cho trong biểu thức (1). Nhận xét này dẫn đến một số kết quả sau:

Hệ quả 1.

Giả sử $f: X \rightarrow F \subseteq R^d$ là hàm mục tiêu giá trị vector của bài toán tối ưu đa mục tiêu. Quần thể của thuật toán tiến hóa liên kết với ma trận chuyển G xác định dương, sinh ra những lời giải dự tuyển mới với quan hệ thứ tự như đã cho trong biểu thức (1), sẽ hội tụ với xác xuất 1 đến tập Pareto. Khi đó, kích thước quần thể hội tụ về $\min\{m, |F^*|\}$, trong đó m là một giới hạn trên được chọn trước.

Hệ quả 2.

Giả sử $f: X \rightarrow F \subseteq R^d$ là hàm mục tiêu giá trị vector của bài toán tối ưu đa mục tiêu với $|F^*| \geq n$. Quần thể kích thước n của thuật toán tiến hóa liên kết với ma trận chuyển G xác định dương của Định lý 3, sinh ra những lời giải dự tuyển mới và quan hệ thứ tự như đã cho trong biểu thức (1), hội tụ với xác xuất 1 đến tập Pareto. Trong trường hợp này kích thước quần thể n không đổi.

3.2. Hàm thích nghi với giá trị khoảng

Nếu giá trị ước lượng của hàm thích nghi liên quan đến các giá trị khoảng, số học khoảng được khuyến cáo sử dụng, nó cho phép chúng ta ước định mức độ tin cậy về mặt số học. Trong trường hợp này chúng ta nhận được các khoảng thích nghi thay cho các giá trị thích nghi. Khi đó thủ tục chọn lọc của thuật toán tiến hóa phải đáp ứng được với một thứ tự khoảng. Do các thứ tự liên quan đến khoảng là các thứ tự riêng phần, chúng ta có thể triển khai các thuật toán tiến hóa được thiết kế cho các tập thích nghi có thứ tự riêng phần, ở đây thứ tự riêng phần nghiêm ngặt được định nghĩa như sau:

Chúng ta có thể giả thiết $u_1 \leq u_2$ không làm mất tính tổng quát, khi đó

$$[u_1, u_2] \prec [v_1, v_2] \Leftrightarrow [u_1, u_2] \cap [v_1, v_2] = \emptyset \quad (2)$$

Ngược lại các khoảng thích nghi là không so sánh được trừ phi chúng đồng nhất với nhau. Với quan hệ ưu tiên được cho ở trên tập các khoảng đóng $\Pi = \{[x_1, x_2] \subset R : x_1 \leq x_2\}$ là một tập có thứ tự.

Tương tự, tập vô hạn đếm được (Π_ϵ, \preceq) với $\Pi_\epsilon = \{[x - \epsilon, x + \epsilon] \subset R : x \in N_0\}$, $\epsilon > 1/2$ là một tập có thứ tự riêng phần với các phần tử không so sánh được với nhau. Trong khi đó với $\epsilon < 1/2$ thì Π_ϵ là một tập có thứ tự toàn phần và do đó là một dây chuyền.

Hiển nhiên chúng ta phải đảm bảo rằng mục tiêu của việc tìm kiếm tiến hóa, đó là phần tử tối thiểu của tập các khoảng thích nghi biểu diễn lời giải “hợp lý”. Ta có thể phát biểu các kết quả sau đây:

Hệ quả 3.

Giả sử $f: X \rightarrow F \subseteq \Pi$ là hàm mục tiêu với giá trị khoảng của bài toán tối ưu hóa một mục tiêu. Quần thể của thuật toán tiến hóa liên kết với ma trận chuyển G xác định dương của Định lý 2, để sinh ra những lời giải ứng viên mới và quan hệ thứ tự như đã cho trong biểu

thức (2), hội tụ với xác suất 1 đến tập các khoảng thích nghi tối ưu. Khi đó, kích thước quần thể hội tụ về min {m, |F*|}, trong đó m là một giới hạn trên được chọn trước.

Hệ quả 4.

Giả sử $f: X \rightarrow F \subseteq \Pi$ là hàm mục tiêu với giá trị khoảng của bài toán tối ưu hóa đơn mục tiêu với $|F^*| \geq n$. Kích thước quần thể n của giải thuật tiến hóa liên kết với ma trận chuyển G xác định dương Định lý 3, để sinh ra những lời giải ứng viên mới và quan hệ thứ tự như đã cho trong biểu thức (2), hội tụ với xác suất 1 đến tập các khoảng thích nghi tối ưu. Trong trường hợp này kích thước n của quần thể được giữ không đổi.

Lý thuyết giới hạn của thuật toán tiến hóa trên các tập thích nghi có thứ tự riêng phần có thể chuyển được ngay thành lý thuyết giới hạn cho các thuật toán tiến hóa dùng để giải các bài toán tối ưu hóa đa mục tiêu, các bài toán với hàm thích nghi giá trị khoảng, và một số các bài toán khác. Trong cách tiếp cận theo hướng đối tượng của thuật toán tiến hóa này, chúng ta chỉ cần thêm vào phương thức so sánh hai phần tử để cho thuật toán tiến hóa thực sự làm việc được trên lớp bài toán mới liên quan đến các loại tập poset riêng biệt.

4. THỜI GIAN CHỜ MONG ĐỢI

Trong phần này cấu trúc lý thuyết dựa trên xích Markov cho thuật toán di truyền cơ bản sẽ được sử dụng để tìm ra một cơ sở xác định mức độ dừng của nó.

4.1. Định nghĩa

Giả sử $\{J\} \subset \{Z\}$ là tập con của toàn bộ không gian các trạng thái quần thể mà các thành phần của nó có chứa ít nhất một bản sao phần tử tối ưu toàn cục của một bài toán cho trước. Thời gian chờ mong đợi, có thể được biểu diễn như là trung bình các thành phần tham gia của đại lượng m_{ij} , nó là thời gian mong đợi được tính theo phương pháp phân tích bước đi thứ nhất [5] để quá trình Markov chuyển từ trạng thái i đến trạng thái j nào đó, với $j \in \{J\}$, với i thuộc tập con $\{Z - J\}$:

$$EWT(J) = \sum_{i \in J} P_{(i,0)} \cdot m_{ij}$$

$P_{(i,0)}$ là xác suất mà trạng thái i được tìm thấy trong quần thể khởi tạo.

Gía trị m_{ij} thu được bằng cách quan sát trạng thái i có thể “nhảy” đến bất kỳ trạng thái j nào đó trong một bước thời gian với xác suất Q_{ij} . Như vậy vẫn còn dư lại các bước chuyển của SGA từ trạng thái i đến các trạng thái k, $k \notin \{J\}$. Xuất hiện này với xác suất Q_{ik} và cũng đòi hỏi một bước. Tuy nhiên, lúc này còn dư lại m_{kj} bước để đạt đến trạng thái j bất kỳ với $j \in \{J\}$. (xem [6])

$$m_{ij} = \sum_{j \in J} Q_{ij} + \sum_{k \notin J} Q_{ik} (1 + m_{kj})$$

Giả sử chỉ tồn tại một giá trị tối ưu toàn cục duy nhất. Ta có thể chứng minh được kết quả sau bằng hai phương pháp: tính toán m_{ij} bằng phương pháp trực tiếp, hoặc bằng phương pháp dùng mô hình ma trận hấp thụ Markov. Cả hai phương pháp đều đưa đến cùng một kết quả trong tính chất sau:

4.2. Tính chất

Giá trị m_{ij} trong mô hình Markov của Nix và Vose cho thuật toán di truyền cơ bản với trường hợp trạng thái ngẫu nhiên hoàn toàn, khi đó với

$$m_{ij} = \frac{r + n - 1}{n}$$

ta sẽ nhận được kết quả cho $EWT(J)$ đã đề cập đến trong 4.1 là

$$EWT(J) = \sum_{i \in J} P_{(i,0)} \cdot \frac{r + n - 1}{n}$$

Trong đó n là kích thước quần thể, 1 chiều dài chuỗi và $r = 2^l$.

5. KẾT LUẬN

Các kết quả lý thuyết đạt được nêu trên, cho phép chúng ta áp dụng thuật toán tiến hóa để giải một số bài toán trong các lĩnh vực kinh tế; hoặc một số bài toán trong lĩnh vực khoa học tự nhiên như: sinh học, hóa học.

INVESTIGATION OF A STOP CRITERION IN EVOLUTIONARY ALGORITHMS

Tran Van Lang, Dao Van Tuyet

(Received 19 February 2002, Revised 02 April 2002)

ABSTRACT: The limit theory of Evolutionary Algorithms for optimization problems with single objective has been developed well recently. The result will become quite difference for the domain of the evolutionary optimization of multiple objective functions. Since these problem classes can be considered as a special case for determine a set of minimal elements (maximal) in the partially order sets, the limit theory of the evolutionary algorithm can satisfy for this kind of problems, it allow to transfer all the results and properties to the above special case. Another problem concerned to the efficiency of the algorithms, that is the execution time of the algorithm, after developing of the dynamic model for the algorithm, many study had been tried to test the stop criterion with the best value which obtained in the previous generation for comparing and developing the methods for finding the responsible criterion. This paper deal with a well known method, in which the Expected Waiting Time (EWT) will be calculated clearly base upon the Markov model of Nix and Vose which developed for the Simple Genetic Algorithm (SGA).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Hane T., *On the convergence of multiobjective evolutionary algorithms*, European Journal of Operation Reserach, 117(3): 533-564 (1999).
- [2] Hoàng Kiếm, Lê Hoàng Thái. *Thuật giải di truyền cách giải tự nhiên các bài toán trên máy tính*, Nxb. Giáo dục (2000).
- [3] Nguyễn Hữu Anh. *Toán Rời Rạc*, Nxb. Giáo dục (1999).
- [4] Rudolph G.. *Evolutionary search under partially ordered fitness sets*. Proceedings of the International Symposium on Information Science Innovations in Engineering of Natural and Artificial Intelligent Systems (EN AIS 2001). ICSCS Academic Press, (2001).
- [5] Nguyễn Duy Tiến. *Các mô hình xác suất và ứng dụng*. Phần 1, Xích Markov và ứng dụng, Nxb. Đại học Quốc gia TP.HCM, (2000).
- [6] William M. Spears. *The role of Mutation and Recombination in Evolutionary Algorithms*, Summer Semetre, George Mason University Farfax, Virginia (1998).