

## ОБЗОР ГЕНЕТИЧЕСКИХ АЛГОРИТМОВ ОБРАЗОВАНИЯ НИШ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ЗАДАЧ МНОГОЭКСТРЕМАЛЬНОЙ ОПТИМИЗАЦИИ

**Ключевые слова:** *генетический алгоритм, задача многоэкстремальной оптимизации, методы образования ниш.*

### ВВЕДЕНИЕ

Генетические алгоритмы, основанные на идеях эволюционной теории, эффективны при решении широкого круга оптимизационных задач. Как правило, с помощью традиционных генетических алгоритмов находят только один оптимум заданной целевой функции. В то же время существуют задачи, в которых требуется найти не один, а  $k$  оптимумов многоэкстремальной функции, что, во-первых, повышает вероятность нахождения глобального оптимума, и, во-вторых, дает возможность лицу, принимающему решение, делать выбор из множества альтернативных решений [1].

Наиболее простой подход к нахождению множества оптимумов многоэкстремальной функции с помощью генетических алгоритмов заключается в проведении многократных независимых прогонов традиционного генетического алгоритма с сохранением результатов очередного прогона в случае получения нового решения при следующем прогоне. Аналогом такого подхода является осуществление одновременных прогонов традиционного генетического алгоритма на разных процессорах, при этом каждый из них работает со своей субпопуляцией и они не взаимодействуют. Описанные подходы называются секционированными генетическими алгоритмами (partitioned genetic algorithms). Их недостаток — повторный поиск на одних и тех же участках пространства.

Более эффективными алгоритмами являются генетические алгоритмы образования ниш (niching genetic algorithms), способствующие формированию стабильных субпопуляций в пространстве поиска таким образом, что каждая субпопуляция формируется вокруг одного из искомым оптимумов. В связи с тем, что информация об этих алгоритмах содержится во многих публикациях и не собрана воедино, представим обзор известных в настоящее время методов образования ниш.

### ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ АЛГОРИТМОВ ОБРАЗОВАНИЯ НИШ

В основу генетических алгоритмов образования ниш положено явление видообразования и специализации в природных экосистемах. В экологии под нишей понимают комплекс специфических условий проживания, подмножество ресурсов окружающей среды, а под видом — множество особей, потребляющих ресурсы конкретной ниши. Таким образом, ниши являются частью окружающей среды, а виды — частью множества всех возможных особей. По аналогии в генетическом алгоритме нишей (niche) называется область пространства поиска, а видом (species) — множество особей с похожими характеристиками.

В генетических алгоритмах образования ниш особи популяции делятся на несколько субпопуляций — видов, каждый из которых занимает свою нишу, связан с нею во время работы алгоритма и специализируется на решении определенной подзадачи исходной проблемы (выполняет поиск оптимума в своей нише). Такой подход способствует сохранению разнообразия особей

в популяции, позволяя генетическому алгоритму одновременно исследовать несколько оптимумов. В большинстве алгоритмов указанный эффект достигается за счет модификации процесса отбора особей, при котором учитывается не только значение функции приспособленности, но и распределение особей в пространстве генотипов или фенотипов. Отметим, что в алгоритмах образования ниш важно и найти необходимые оптимумы, и не потерять их в процессе работы алгоритма, т.е. нужно не только сформировать ниши, но и сохранять их длительное время. Такое требование объясняется необходимостью различать случаи, когда найденное решение представляет новую, а также ранее локализованную нишу.

Наиболее распространенная классификация методов образования ниш — пространственно-временная, согласно которой эти методы разделены на два класса:

- пространственные (spatial) или параллельные (parallel), создающие и поддерживающие множество субпопуляций (видов) одновременно в пространстве единой популяции (в таких алгоритмах результат достигается благодаря широкому разбросу популяции в пространстве поиска);

- временные (temporal) или последовательные (sequential), которые находят множество субпопуляций (видов) итеративно, с течением времени.

Отметим, что приведенная классификация не связана с количеством задействованных процессоров.

Рассмотрим пространственно-временную классификацию известных в настоящее время методов образования ниш:

- временные, включающие метод последовательного образования ниш и методы образования иерархических ниш;

- пространственные, включающие методы на основе разделения уровня приспособленности, методы очистки, кластеризации, вытеснения, ограничений на формирование родительской пары, а также методы образования иерархических ниш.

#### МЕТОД ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОГО ОБРАЗОВАНИЯ НИШ

Многочисленные последовательные запуски традиционного генетического алгоритма выполняет метод последовательного образования ниш (sequential niching, sequential location of niches, SN) [2]. После каждого прогона этого алгоритма найденное им наилучшее решение заносится в глобальный банк решений; в последующих прогонах уровень приспособленности всех особей, находящихся в окрестности этого решения, снижается. Такая модификация уровня приспособленности при последующих прогонах генетического алгоритма предотвращает повторное рассмотрение той же области поискового пространства и, следовательно, сходимость алгоритма к уже известным оптимумам. Модифицированную функцию приспособленности  $f_m$  часто определяют итеративно:

$$f_{m,0}(X) \equiv f(X);$$

$$f_{m,i+1}(X) = f_{m,i}(X) * g(X, S_i);$$

$$f_m(X) \equiv f_{m,n}(X).$$

Здесь  $f(X)$  — исходная немодифицированная функция приспособленности,  $S_i$  — наилучшая особь, найденная в результате  $i$ -го прогона алгоритма,  $n$  — номер текущего прогона алгоритма. Функцию  $g(X, S_i)$  называют функцией понижения уровня приспособленности (fitness derating function); в качестве этой функции часто используют степенную или экспоненциальную функцию.

Одной из модификаций метода последовательного образования ниш является сохранение после каждого прогона не одного, а всех найденных

генетическим алгоритмом уникальных решений [3]. Другая представляющая интерес модификация — распространение эффекта понижения уровня приспособленности за пределы радиуса ниши и применение процедуры очистки для устранения решений в пределах радиуса [4].

#### МЕТОДЫ НА ОСНОВЕ РАЗДЕЛЕНИЯ УРОВНЯ ПРИСПОСОБЛЕННОСТИ

Идея построения методов на основе разделения основана на том факте, что в каждой экологической нише доступно только ограниченное количество того или иного возобновляемого ресурса (вода, пища, солнечный свет), следовательно, особи, занимающие эту нишу, соревнуются за возможность использовать одни и те же ресурсы и должны делить их между собой. В контексте генетического алгоритма решения задач оптимизации ресурсом, выделенным нише, является значение целевой функции — уровень приспособленности особей.

Основная идея метода разделения уровня приспособленности (fitness sharing, FS) [5] заключается в разделении коэффициента приспособления между похожими особями популяции. Для этого в генетическом алгоритме перед этапом отбора проводится переоценка уровня приспособленности каждой особи в зависимости от количества особей, расположенных с данной особью в одной нише: чем больше особей в одной нише, тем сильнее создаваемое ими одна на другую давление.

Обозначим  $d_{ij}$  меру расстояния (distance metric) или меру несхожести (dissimilarity measure) между хромосомами  $X_i$  и  $X_j$  в пространстве генотипов (например, расстояние Хемминга) или фенотипов (например, евклидово расстояние). Функцией соучастия или функцией разделения (sharing function)  $S(d_{ij})$  называется функция, определяющая степень близости (соучастия) хромосом в популяции. Она должна удовлетворять следующим свойствам:  $\forall d_{ij}: 0 \leq S(d_{ij}) \leq 1$ ;  $S$  — убывающая;  $S(0) = 1$  (возвращает 1, если элементы одинаковы);

$\lim_{d_{ij} \rightarrow \infty} S(d_{ij}) = 0$ . Последнее свойство иногда записывают  $\forall d_{ij} \geq \sigma_{\text{share}}: S(d_{ij}) = 0$ .

Параметр  $\sigma_{\text{share}}$  называют размером, радиусом либо отсчетом ниши, радиусом соучастия, порогом несхожести (niche size, niche radius, share radius, sharing radius, threshold of dissimilarity, distance cutoff). Особи  $X_i$  и  $X_j$ , находящиеся на расстоянии  $d_{ij}$  одна от другой, считаются похожими и должны разделять уровень приспособленности, если  $d_{ij} < \sigma_{\text{share}}$  ( $S(d_{ij}) > 0$ ). Часто функция соучастия  $S(d_{ij})$  задается так:

$$S(d_{ij}) = \begin{cases} 1 - \left( \frac{d_{ij}}{\sigma_{\text{share}}} \right)^\alpha, & \text{если } d_{ij} < \sigma_{\text{share}}, \\ 0 & \text{в противном случае,} \end{cases} \quad (1)$$

где  $\alpha$  — константа, определяющая форму функции соучастия. Отметим, что влияние параметра  $\alpha$  на работу алгоритма основательно не исследовалось, а выбор значения параметра  $\sigma_{\text{share}}$  является принципиальным для успешной работы алгоритма. Рекомендации относительно определения значения параметра  $\sigma_{\text{share}}$  приведены в [6–8].

Определив функцию соучастия по формуле (1), переоценку уровня приспособленности особей можно провести следующим образом:

$$f_s(X_j) = \begin{cases} f(X_j), & \text{если } \forall i: S(d_{ij}) = 0, \\ \frac{f(X_j)}{m_j}, & \text{если } \exists i: S(d_{ij}) \neq 0, \end{cases}$$

где  $m_j = \sum_{i=1}^N S(d_{ij})$  — число ниши (niche count),  $N$  — количество особей

в популяции. При этом оригинальную функцию приспособленности  $f$  называют предварительной (prior fitness, raw fitness) или целевой (objective fitness), а функцию переоценки уровня приспособленности  $f_s$  — эффективной (effective fitness) или разделяемой (shared fitness).

Среди основных недостатков метода разделения уровня приспособленности принято выделять высокую вычислительную сложность алгоритма и трудности при выборе значения параметра  $\sigma_{\text{share}}$ . Из множества модификаций алгоритма разделения уровня приспособленности отметим следующие:

- использование выборки размера  $\rho \ll N$  для оценки числа ниши [5];
- проведение предварительного распределения особей по нишам с помощью алгоритма кластеризации [9, 10];
- масштабирование функции приспособленности [11, 12];
- введение ограничений на формирование родительской пары [7, 13, 14];
- наделение особей популяции собственными энергетическими ресурсами [15];
- комбинирование метода разделения уровня приспособленности с другими оптимизационными методами [3, 16].

Перспективной является разработка техники адаптивного задания размера ниши. Здесь отметим метод создания ниш коэволюцией (coevolutionary shared niching, CSN) [17], в котором адаптация расположения и размера ниш достигается за счет совместной эволюции двух популяций, а также многонациональный генетический алгоритм (multinational genetic algorithm, MGA) [18], в котором распределение особей по субпопуляциям проводится без использования понятия радиуса ниши на основе имеющейся информации о топологии ландшафта функции приспособленности.

#### МЕТОД ОЧИСТКИ

Как и метод разделения уровня приспособленности, метод очистки (clearing) [19] основан на концепции ограниченности ресурсов в окружающей среде и необходимости разделять их между похожими особями. Однако в отличие от метода разделения уровня приспособленности метод очистки не делит ресурсы поровну между всеми особями данной субпопуляции, а предоставляет их только лучшим ее представителям. Для этого в каждой субпопуляции определяется особь с наилучшим уровнем приспособленности, называемая доминирующей (dominant individual), остальные особи этой субпопуляции называются доминируемыми (dominated individuals). После определения всех доминирующих особей непосредственно перед отбором применяется процедура очистки, присваивающая значение нуль здоровью всех доминируемых особей субпопуляций.

Популярной модификацией метода очистки является использование не одной, а  $k$  доминирующих особей. Существует также модификация — сдвиг доминируемых особей за пределы окрестности особи-победителя для нахождения новых перспективных областей поискового пространства [20].

#### МЕТОДЫ КЛАСТЕРИЗАЦИИ

Для распределения элементов популяции по нишам также используются известные методы кластеризации часто в сочетании с такими методами образования ниш, как метод разделения уровня приспособленности или метод очистки. Например, в схеме Yin и Germaу (Yin and Germaу's scheme) [10] распределение особей по нишам (кластерам) проводится на основе алгоритма  $k$ -средних, после чего уровень приспособленности особей перевычисляется по формуле

$$f_s(X_i) = \frac{f(X_i)}{n_c \cdot \left( 1 - \left( \frac{d_{ic}}{2d_{\max}} \right)^\alpha \right)},$$

где  $n_c$  — количество особей в нише с центроидом  $c$ ;  $d_{ic}$  — расстояние между особью  $X_i$  и центроидом  $c$ ;  $d_{\max}$  — наибольшее допустимое расстояние между особью и центроидом кластера, которому она принадлежит;  $\alpha$  — константа (предполагается, что особь  $X_i$  принадлежит кластеру с центроидом  $c$ ).

Среди других методов указанного типа отметим методы коллективного разделения уровня приспособленности (collective sharing) [21], динамического разделения уровня приспособленности (dynamic fitness sharing, DFS) [22], разделения уровня приспособленности в динамических нишах (dynamic niche sharing) [9], кластеризации динамических ниш (dynamic niche clustering, DNC) [23, 24], технику иерархической кластеризации (hierarchical clustering technique) [25]. Представляет интерес также генетический алгоритм сохранения видов (species conserving genetic algorithm, SCGA) [26], в котором после разделения популяции на субпопуляции лучшие особи каждого вида, названные семенами вида (species seeds), сохраняются для их переноса в следующее поколение. Такой подход предотвращает исчезновение видов. Среди модификаций данного метода отметим эволюционный алгоритм с видоспецифическим взрывом (evolutionary algorithm with species-specific explosion, EASE) [27] и топологический алгоритм сохранения видов TSC и TSC2 (topological species conservation algorithm) [28, 29].

#### МЕТОДЫ ВЫТЕСНЕНИЯ

Под методами вытеснения (crowding) или методами ограниченного замещения (restricted replacement) понимают генетические алгоритмы с частичной заменой популяции, в которых при добавлении нового элемента в популяцию из последней вытесняется элемент, похожий на добавляемый. В основе такого подхода лежит соответствующее экологическое явление — соревнование между похожими особями популяции за использование ограниченных ресурсов: похожие особи популяции, пытаясь занять одну и ту же нишу, вынуждены соревноваться за обладание ресурсами этой ниши, следовательно, при достижении потенциальной емкости ниши слабые особи будут вытеснены из популяции более сильными ее членами.

В методе стандартного вытеснения (standard crowding) или методе вытесняющего множителя (crowding factor model) [30] на каждой итерации работы алгоритма для порождения потомков из популяции отбираются особи (пропорциональный отбор), количество которых определяется параметром GG — разрывом поколения (generation gap). Потомок вытесняет из популяции наиболее похожую на него особь из случайным образом выбранной группы особей текущей популяции; размер этой группы определяется параметром  $c_f$  — вытесняющим множителем (crowding factor).

Недостаток метода стандартного вытеснения — ошибки замещения, которые характеризуются вытеснением особью из одной ниши особи из другой ниши и являются причиной потери популяцией части оптимумов. Для преодоления указанной проблемы был разработан ряд модификаций метода стандартного вытеснения. В частности, в [31, 32] предложено использовать стратегии замещения с дополнительным давлением отбора. В методе детерминированного вытеснения (deterministic crowding, DC) [3, 33] к порождению потомков допускаются все особи популяции, а для решения вопроса об изъятии особей из популяции проводятся бинарные турниры между родителями и потомками, причем потомок ставится в пару с тем родителем, на которого он больше похож. Метод вероятностного вытеснения (probabilistic crowding, PC) [34] — модификация метода детерминированного вытеснения, в которой результаты турниров между родителями и потомками определяются вероятностным правилом: каждый участник турнира может выиграть с вероятностью, пропорциональной его уровню приспособленности. Метод

ограниченного турнирного отбора (restricted tournament selection, RTS) [35] является модификацией метода стандартного вытеснения, в которой разрыв поколения (параметр GG) составляет две особи, а для решения об изъятии особи из популяции используется адаптация стандартного турнирного отбора. В методе многонишевого вытеснения (multi-niche crowding, MNC) [36, 37] при формировании родительской пары и определении особей на вытеснение потомком предпочтение отдается особям из одной ниши.

#### **МЕТОДЫ ОГРАНИЧЕНИЙ НА ФОРМИРОВАНИЕ РОДИТЕЛЬСКОЙ ПАРЫ**

Ограничения на порождение потомков родителями, принадлежащими разным нишам, налагают методы ограничений на формирование родительской пары (mating restriction methods). Введение этих ограничений оправдано, поскольку скрещивание таких родителей может привести к порождению очень слабых потомков. Биологическим обоснованием таких ограничений является географическая изоляция видов, создающая барьер для обмена генами. Для применения ограничений на формирование родительской пары первый родитель часто выбирается случайно, а второй — с учетом механизма ограничений (например, расстояние второго родителя от первого не должно превышать заранее заданной величины  $\theta$ ). Иногда реализация ограничений на формирование родительской пары проводится с помощью маркировки (tagging) особей, что позволяет определять принадлежность особи к той или иной нише не на основании вычисления расстояний, а путем учета информации о ее наследственности [14]. Отметим метод ограниченного соревнования (restricted competition) [3], в котором при турнирном отборе родителей налагаются ограничения на соревнования между непохожими особями.

#### **ГИБРИДНЫЕ АЛГОРИТМЫ ОБРАЗОВАНИЯ НИШ**

Завершая обзор существующих алгоритмов образования ниш, отметим эффективность гибридизации различных алгоритмов, а именно алгоритма сохранения видов с многонациональным генетическим алгоритмом [28, 29], метода детерминированного вытеснения с генно-инвариантным генетическим алгоритмом [3], методов ограничений на формирование родительской пары с методами разделения уровня приспособленности и методами кластеризации [7, 9, 10] и др. Эффективный способ комбинирования различных алгоритмов образования ниш для формирования ансамбля алгоритмов образования ниш (ensemble of niching algorithms, ENA) предложен в [38]. В модели иерархического справедливого соревнования (Hierarchical fair competition, HFC) [39] создана иерархическая структура из субпопуляций на основе уровня приспособленности особей. В случае использования на каждом уровне иерархии пространственных алгоритмов образования ниш говорят о методе образования иерархических ниш (hierarchical niching) [40]. Одним из уточнений этого метода является алгоритм быстрого иерархического справедливого соревнования (quick hierarchical fair competition, QHFC) [40], использующий алгоритмы детерминированного вытеснения.

#### **ЗАКЛЮЧЕНИЕ**

Проблемы реального мира обуславливают постоянный рост интереса к методам решения задач многоэкстремальной оптимизации, в частности все более широкому использованию генетических алгоритмов образования ниш. В статье представлен обзор основных генетических алгоритмов образования ниш и их модификаций.

К сожалению, вопрос о систематическом сравнительном анализе алгоритмов образования ниш пока не решен. В работах, посвященных сравнительному

анализу этих алгоритмов, рассматривают, как правило, два-пять алгоритмов, применяемых к некоторым, а иногда лишь к одной функции. На основании анализа известных публикаций можно сделать вывод, что в общем случае пространственные (параллельные) методы эффективнее временных (последовательных). Многие исследователи отмечают высокую эффективность различных модификаций методов разделения уровня приспособленности, очистки, детерминированного вытеснения, ограниченного турнирного отбора, а также алгоритма быстрого иерархического справедливого соревнования.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Сергиенко И.В., Шило В.П. Проблемы дискретной оптимизации: сложные задачи, основные подходы к их решению // Кибернетика и системный анализ. — 2006. — № 4. — С. 3–25.
2. Beasley D., Bull D.R., Martin R.R. A sequential niche technique for multimodal function optimization // *Evol. Comput.* — 1993. — **1**, N 2. — P. 101–125.
3. Mahfoud S.W. Niching methods for genetic algorithms: Ph.D. dis — Univ. of Illinois at Urbana-Champaign, Illinois Genetic Algorithms Lab., 1995. — 251 p.
4. Vitela J., Castanos O. A real-coded niching memetic algorithm for continuous multimodal function optimization // *Proc. IEEE Congr. on Evol. Comput. (CEC 2008)*, 22–24 July 2008. — Washington (USA), 2008. — P. 2170–2177.
5. Goldberg D.E., Richardson J. Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization / J. J. Grefenstette (Ed.) // *Genetic Algorithms and their Applications: Proc. of the Sec. Intern. Conf. on Genetic Algorithms (ICGA-87)*. — Hillsdale (NJ): Lawrence Erlbaum, 1987. — P. 41–49.
6. Cioppa A., Stefano C., Marcelli A. On the role of population size and niche radius in fitness sharing // *IEEE Trans. Evol. Comput.* — 2004. — **8**, N 6. — P. 580–592.
7. Deb K., Goldberg D.E. An investigation of niche and species formation in genetic function optimization / J. D. Schaffer (Ed.) // *Proc. of the Third Intern. Conf. on Genetic Algorithms (ICGA-89)*. — San Mateo (CA): Morgan Kaufmann, 1989. — P. 42–50.
8. Deb K. Genetic algorithms in multimodal function optimization: Masters thesis and TGGA: (Rep.) / Univ. of Alabama. — N 89002. — Tuscaloosa, 1989. — 14 p.
9. Miller B.L., Shaw M.J. Genetic algorithms with dynamic niche sharing for multimodal function optimization // *Proc. of the 1996 IEEE Intern. Conf. on Evol. Comput. (ICEC'96)*. — New York (USA), 1996. — P. 786–791.
10. Yin X., Germary N. A fast genetic algorithm with sharing scheme using cluster analysis methods in multimodal function optimization / R.F. Albrecht, C. Reeves, and N.C. Steele (Eds) // *Proc. of the Intern. Conf. on Artificial Neural Networks and Genetic Algorithms*. — Berlin: Springer-Verlag, 1993. — P. 450–457.
11. Darwen P., Darwen P., Yao X. A dilemma for fitness sharing with a scaling function // *Proc. 1995 IEEE Conf. Evol. Comput.* — Piscataway (NJ): IEEE press, 1995. — P. 166–171.
12. Goldberg D.E., Deb K., Horn J. Massive multimodality, deception and genetic algorithms / R. Manner and B. Manderick (Eds) // *Proc. of Parallel Problem Solving from Nature*. — Amsterdam: Elsevier Sci. Publ. B.V., 1992. — **2**. — P. 37–46.
13. Sareni B., Krahenbuhl L. Fitness sharing and niching methods revisited // *IEEE Trans. On Evol. Comput.* — 1998. — **2**, N 3. — P. 97–106.
14. Spears W.M. Simple subpopulation schemes // *Proc. of the Third Annual Conf. on Evol. Progr.* — World Sci., 1994. — P. 296–307.
15. Menczer F., Belew K. Local selection // *Proc. of 7th Ann.l Conf. on Evol. Progr.* — 1998. — P. 703–712.
16. Smith R.E., Forrest S., Perelson A.S. Searching for diverse, cooperative populations with genetic algorithms // *Evol. Comput.* — 1993. — **1**, N 2. — P. 127–149.
17. Goldberg D. Adaptive niching via coevolutionary sharing / David E. Goldberg & Liwei Wang // Quagliarella D. *Genetic Algorithms and Evol. Strategy in Eng. and Comput. Sci.: Recent Adv. and Industr. Appl.* — John Wiley & Sons, Ltd. 1998. — P. 21–38.
18. Ursem R.K. Multinational Evolutionary Algorithms // *Proc. of the Congr. of Evol. Comput. (CEC-99)*. — Piscataway (NJ): IEEE press, 1999. — **3**. — P. 1633–1640.

19. Petrowski A. A clearing procedure as a niching method for genetic algorithms // Proc. of the Third IEEE Intern. Conf. on Evol. Comput (ICEC'96), Nagoya (Japan), 1996. — Piscataway (NJ): IEEE press, 1996. — P. 798–803.
20. Singh G., Deb K. Comparison of multi-modal optimization algorithms based on evolutionary algorithms // Proc. of the 8th Ann. Conf. on Genetic and Evol. Comput., GECCO 2006 (Seattle, WA, 2006). — New York, (USA): ACM press, 2006. — P. 1305–1312.
21. Genetic algorithms with collective sharing for robust optimization in financial applications / O.V. Pictet, M.M. Dacarogna, R.D. Dave et al. — Olsen & Assoc. Working Paper, 1995. — 14 p.
22. Cioppa A.D., Stefano C.D., Marcelli A. Where are the niches? Dynamic fitness sharing // IEEE Trans. on Evol. Comput. — 2007. — **11**, N 4. — P. 453–465.
23. Gan J., Warwick K. A genetic algorithm with dynamic niche clustering for multimodal function optimisation // Proc. of the 4th Intern. Conf. on Artificial Neural Networks and Genetic Algorithms. — Springer, 1998. — **3**. — P. 248–255.
24. Gan J., Warwick K. Dynamic niche clustering: a fuzzy variable radius niching technique for multimodal optimisation in Gas // Proc. of the 2001 Congr. on Evol. Comput. — IEEE, 2001. — **1**. — P. 215–222.
25. Petrowski A. An efficient hierarchical clustering technique for speciation: (Techn. rep.) / Inst. Nat. des Telecommunications. — Evry (France), 1997. — 8 p.
26. A species conserving genetic algorithm for multimodal function optimization / J.-P. Li, M.E. Balazs, G.T. Parks, P.J. Clarkson // Evol. Comput. — 2002. — **10**, N 3. — P. 207–234.
27. Wong K.C., Leung K.S., Wong M.H. An evolutionary algorithm with species-specific explosion for multimodal optimization // Proc. of the 11th Ann. Conf. on Genetic and Evol. Comput. — ACM GECCO, 2009. — P. 923–930.
28. Disburdening the species conservation evolutionary algorithm of arguing with radii / C. Stoean, M. Preuss, R. Stoean, D. Dumitrescu // Proc. Genetic Evol. Comput. Conf. (GECCO). — 2007. — P. 1420–1427.
29. Multimodal optimization by means of a topological Species conservation algorithm / C. Stoean, M. Preuss, R. Stoean, D. Dumitrescu // IEEE Trans. on Evol. Comput. — 2010. — **14**, N 6. — P. 842–864.
30. De Jong K.A. An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems: Ph.D. dis. — Ann Arbor: Univ. of Michigan, 1975. 271 p.
31. Sedbrook T.A., Wright H., Wright R. Application of a genetic classifier for patient triage // Proc. of the Fourth Intern. Conf. on Genetic Algorithms. — 1991. — P. 334–338.
32. Stadnyk I. Schema recombination in a pattern recognition problem // Genetic Algorithms and their Applications: Proc. of the Sec. Intern. Conf. on Genetic Algorithms. — 1987. — P. 27–35.
33. Mahfoud S.W. Crowding and preselection revisited / R. Manner and B. Manderick (Eds) // Proc. of Parallel Problem Solving from Nature. — Amsterdam: Elsevier Sci. Publ. B.V., 1992. — **2**. — P. 27–36.
34. Mengsheel O., Goldberg D. Probabilistic crowding: deterministic crowding with probabilistic replacement // Proc. of Genetic and Evol. Comput Conf. (GECCO 1999), Orlando (Florida, USA), 13–17 July 1999). — 1999. — P. 409–416.
35. Harik G. Finding multimodal solutions using restricted tournament selection / L.J. Eshelman (Ed.) // Proc. 6th Int. Conf. on Genetic Algorithms (ICGA-95), Pittsburgh, July 1995. — San Mateo (CA): Morgan Kaufmann, 1995. — P. 24–31.
36. Cedeno W., Vemuri V. Dynamic multimodal function optimization using genetic algorithms // Proc. of the XVIII Latin-Amer. Inform. Conf. — Las Palmas de Gran Canaria (Spain), 1992. — P. 292–301.
37. Cedeno W., Vemuri V.R., Slezak T. Multiniche crowding in genetic algorithms and its application to the assembly of DNA restriction-fragments // Evol. Comput. — 1994. — **2**, N 4. — P. 321–345.
38. Yu E.L., Suganthan P.N. Ensemble of niching algorithms // Inform. Sci. — 2010. — **180**, N 15. — P. 2815–2833.
39. [http://garage.cse.msu.edu/hfc/hierarchical\\_fair\\_competition.htm](http://garage.cse.msu.edu/hfc/hierarchical_fair_competition.htm).
40. Hu J., Goodman E.D. Robust and efficient genetic algorithms with hierarchical niching and a sustainable evolutionary computation model // Proc. of GECCO. — 2004. — **1**. — P. 1220–1232.

*Поступила 23.10.2012*