

ВИКОРИСТАННЯ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ В ЗАДАЧІ КЛАСТЕРИЗАЦІЇ АБОНЕНТІВ ІНТЕРНЕТ- ПРОВАЙДЕРА

**С.М. Захарченко, к.т.н., доцент,
Н.Р. Кондратенко, к.т.н., професор,
О.О. Манаєва, студент**
Вінницький національний технічний університет
`sleepy@meta.ua`

Перед будь-яким Інтернет-провайдером постає задача тарифікації власних послуг відповідно до деяких критеріїв. Розв'язання цієї та інших задач покладається, як правило, на білінгову систему. Однією з важливих її складових є розробка тарифних планів, яка вимагає формування компактних груп абонентів із подібними потребами.

Виділенням серед множини $I = \{I_1, I_2, \dots, I_n\}$ деяких об'єктів m однорідних підмножин, таких, щоб об'єкти всередині підмножин були в певному сенсі подібними, а об'єкти з різних підмножин – відмінними, займається задача кластеризації. Найбільш прямий спосіб її розв'язання полягає в повному переборі всіх можливих розбиттів на кластери та знаходженні такого розбиття, яке веде до оптимального (мінімального) значення цільової функції.

Методи повного перебору – єдина група методів, які дають змогу завжди відшукати оптимальний розв'язок, але є залежними від розмірності задачі. Роботу класичного алгоритму повного перебору можливо оптимізувати, застосовуючи прийом динамічного програмування. При

цьому значно скорочується обсяг обчислень, і в той же час така процедура завжди збігається до оптимального розв'язку. Проте проблема часу отримання розв'язку не зникає повністю. Тому для розв'язання цієї задачі доцільно використати наближені методи, зокрема генетичні алгоритми.

Запропонуємо генетичний алгоритм розв'язання задачі в даній постановці. Для формалізованого опису особини (одного з множини можливих розв'язків) будемо застосовувати неоднорідну хромосому (рис. 1), тобто таку, що містить дві складові. Перша складова являє собою лінійний масив розмірності n , що містить гени - номери об'єктів:

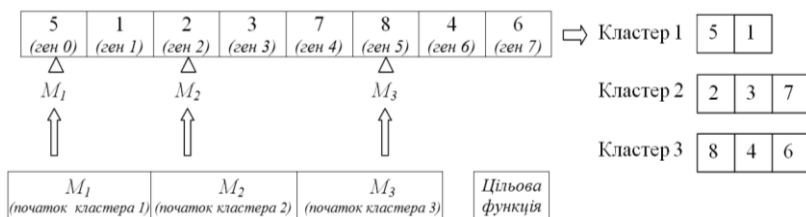


Рис. 1 – Неоднорідна хромосома

Для виділення в межах хромосоми окремих кластерів введено другу складову – набір маркерів розбиття M_1, \dots, M_m . Окрім того, кожній хромосомі з простору можливих розв'язків ставиться у відповідність значення цільової функції.

Над початковою популяцією будемо послідовно проводити операції схрещування, мутації та відбору кращих за критерієм цільової функції особин. Багатократним повторенням описаної процедури досягається мінімізація цільової функції та прийнятна точність отриманого розв'язку.