

Применение генетического алгоритма для оценки объектов на основе частично противоречивых данных

Р.В. Майер

Аннотация — Рассмотрена проблема получения оптимальных оценок на основе избыточных и противоречивых данных, выданных одним или несколькими экспертами. В качестве примера обсуждается оценивание дидактической сложности физических понятий. Данные содержат: 1) оценочные суждения типа: «сложность понятия С примерно равна сумме сложностей понятий А, В, умноженной на k , и числа a » (a – целое, $k=1; 1,1; 1,3; 1,5$); 2) коэффициенты уверенности в истинности суждений из интервала $[0; 1]$. Различаются случаи, когда сложности понятий почти одинаковы ($k=1$), отличаются незначительно ($k=1,1$), заметно ($k=1,3$), значительно ($k=1,5$) и очень сильно ($k>2$). Предложена компьютерная программа на ABCPascal, которая реализует генетический алгоритм, осуществляющий моделирование процесса эволюции с помощью операторов смешивания, мутации и естественного отбора. Они применяются к хромосомам, состоящим из генов, которыми являются оценки объектов. Для решения задачи следует построить целевую функцию, вычисляющую сумму модулей или квадратов всех невязок. Программа находит такие значения оценок $x[j]$ (то есть генов, составляющих хромосомы), при которых целевая функция максимальна. Проанализированы результаты оптимизации экспертных оценок дидактической сложности учебных понятий, которые содержат противоречивые данные.

Ключевые понятия: генетический алгоритм, оптимизация, оценивание, программирование, сложность, эксперт, эволюционные вычисления.

I. ВВЕДЕНИЕ

На практике часто приходится анализировать многокритериальные проблемы, решать мягкие задачи, осуществлять нечеткую классификацию многомерных объектов. При этом под нечеткостью понимают тип неточности, обусловленный тем, что оцениваемые или классифицируемые объекты образуют расплывчатые классы или подмножества, у которых отсутствуют резкие границы [4]. Каждый из объектов может принадлежать к тому или иному классу в какой-то степени p из интервала $[0; 1]$. К нечетким задачам относится проблема определения меры некоторого качества исследуемых объектов, например, сложности или важности элементов учебного материала, красоты картин или других произведений искусства, артистизма актеров и т.д.

Нечеткие методы классификации и моделирования широко используются в педагогических исследованиях в случаях, когда необходимо оценить знания или умения обучаемых, дидактические качества учебного материала или методики преподавания [9]. Эксперты сталкиваются с трудностями количественного оценивания объектов или процессов, так как часто отсутствуют четкие представления об их характеристиках и влияющих факторах [15]. Поэтому часто используют лингвистические переменные [6], например, «сложность» или «эффективность», которые могут принимать значения «очень высокая», «высокая», «средняя», «низкая», «очень низкая».

Цель количественной оценки состоит в представлении степени наличия данного качества в объекте, то есть в определении меры оцениваемого качества [13]. При этом применяются методы классификации многомерных объектов и нечеткой квалитметрии, ориентированные на учет расплывчатости и неопределенности оцениваемых объектов [12]. Используется подход, опирающийся на теорию нечетких множеств, предложенную Л.А. Заде [6]. Он предусматривает построение шкал лингвистических переменных, введение функций принадлежности, осуществление логических операций с нечеткими множествами и отношениями.

Как правило, в результате оценок одной и той же совокупности объектов различными экспертами получаются частично противоречивые результаты. На их основе необходимо получить разумные значения оцениваемой меры качества; для этого может быть использован генетический алгоритм [1]. Он применяется для решения задач оптимизации, сводящихся к поиску экстремума функции большого числа переменных [2]. От других методов генетический алгоритм отличается тем, что поиск осуществляется параллельно, так как связан со случайными скрещиваниями (смешиваниями) и мутациями решений, найденных ранее [5].

Цель статьи состоит: 1) в создании компьютерной программы, которая, используя противоречивые и избыточные экспертные оценки некоторого качества множества объектов, находит его оптимальные значения для каждого объекта. **Методологической основой** являются исследования следующих ученых: М.В. Бураков [1], Л.А. Гладков, В.В. Курейчик и В.М. Курейчик [2], Б.М. Величковский [3], С.А. Егоров [4], М.В. Загинайло и В. А. Фатхи [5], Заде Л.А. [6], Г.В. Ившина и М.В. Марданов [7], Р.В. Майер [8], А.И. Митин и Т.А. Филичева [9], О.М. Полещук [10], Д.А.

Статья получена 5 марта 2025 г.

Майер Роберт Валерьевич, доктор педагогических наук, профессор кафедры физики Глазовского инженерно-педагогического университета имени В.Г. Короленко, (e-mail: robert_maier@mail.ru).

Поспелов [11], А.И. Субетто [12, 13], В.В. Сутужко [14], А.В. Флегонтов, В.А. Дюк и И.К. Фомина [15]. При этом применяются методы научного анализа и синтеза, абстрагирования и математического моделирования, а также метод программирования, с помощью которого удалось создать компьютерную программу в среде ABCPascal, реализующую генетический алгоритм и оптимизирующую оценки объектов.

II. ОБСУЖДЕНИЕ ПРОБЛЕМЫ

Сформулируем задачу: Имеется множество из M объектов, каждый из которых характеризуется некоторым качеством (например, учебные понятия характеризуются сложностью). Меру качества обозначим через s ($s > 0$). Под дидактической сложностью понятия P будем понимать минимальное количество слов, хорошо известных выпускнику пятого класса, с помощью которых можно объяснить сущность P [8]. Так как в определение одного понятия P_1 входят другие более простые понятия P_2 и P_3 , то эксперт может утверждать, что: 1) понятие P_1 на a единиц сложнее понятия P_2 (или суммы понятий P_2 и P_3); 2) понятие P_1 в k раз сложнее понятия P_2 . Будем различать случаи: 1) P_1 незначительно, но ощутимо сложнее P_2 ($k=1,1$); 2) P_1 значительно сложнее P_2 ($k=1,3$); 3) P_1 существенно сложнее P_2 ($k=1,5$); 4) P_1 очень сильно сложнее P_2 ($k=2$ и более). Последний случай рассматривать не будем, так как при больших k эксперту сложно оценить его величину. Обобщая, получаем, что все суждения экспертов имеют вид: $s_i \approx k(s_r + s_q + s_t) + a$, где $k=1,1; 1,3; 1,5$, $a \in N$.

Итак, группа экспертов, используя метод парных сравнений, сопоставляет понятия P_i ($i=1, 2, \dots, M$) и высказывает L оценочных суждений типа: 1) сложность P_i приблизительно равна a : $s_i \approx a$; 2) сложность P_i примерно в k раз больше, чем P_r ($k=1,1; 1,3; 1,5$): $s_i \approx k s_r$; 3) сложность P_i приблизительно равна сумме сложностей P_r и P_q и числа b : $s_i \approx s_r + s_q + b$. Кроме того, оценивается степень истинности каждого такого суждения путем указания коэффициента уверенности u_v из интервала $[0; 1]$. Необходимо создать компьютерную программу, определяющую значения s_i , которые бы оптимальным образом удовлетворяли всем утверждениям в соответствии с коэффициентами уверенности u_v ($v=1, 2, \dots, L$).

Сущность генетического алгоритма заключается в следующем. Программа создает множество из $N=100$ случайно сформированных **хромосом** ($x_{i,1}, x_{i,2}, \dots, x_{i,M}$), где $i=1, 2, \dots, N$ – номер хромосомы, $j=1, 2, \dots, M$ – номер гена (их количество равно числу объектов M). Начальные значения $x_{i,j}$ незначительно отличаются от исходных оценок, даваемых одним из экспертов. Каждой хромосоме соответствует живой организм. Исходя из оценок экспертов, задается **целевая функция** или **приспособленность** $P_i(x_j) = P_i(x_1, x_2, \dots, x_M)$, позволяющая определить близость хромосомы к оптимальному состоянию. Чем больше функция приспособленности $P_i(x_j)$ для данной i -ой хромосомы, тем выше вероятность ее перехода в следующее

поколение. Функция $P_i(x_j)$ выбирается так, чтобы хромосомы, соответствующие целям эволюционного процесса, имели бы самую высокую цену. С ее помощью определяется приспособленность $P_i(x_j)$ каждой хромосомы, и на следующем итерационном шаге создаются хромосомы следующего поколения.

Новый дочерний объект обычно возникает в результате взаимодействия двух существующих объектов-родителей, которые отдают ему часть своих свойств в результате кроссинговера или смешивания генов. При скрещивании двух объектов происходит обмен частями родительских хромосом и появляется новая хромосома, которая включает в себя гены своих родителей и наследует их свойства. Эволюция невозможна без мутаций, приводящих к случайным изменениям некоторых генов. При этом «рождается новая информация», появляются хромосомы, не похожие на те, что были в первом поколении. В результате последовательности итераций, в ходе которых моделируются скрещивание, мутации и естественный отбор, образуются более приспособленные хромосомы с высокими значениями целевой функции $P_i(x_j)$.

III. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Часто определение сложного понятия P включает в себя более простые понятия $P_1, P_2, P_3, \dots$. Например, определение понятия «ускорение» содержит в себе понятия «скорость» и «время», а определение «скорости» – понятия «путь» и «время». Поэтому эксперт может высказать оценочные суждения типа: 1) понятие «скорость» сложнее понятия «путь» на 3 единицы; 2) понятие «ускорение» сложнее, чем «скорость» в 1,3 раза; 3) сложность понятия «скорость» складывается из сложностей понятий «путь», «время» и числа 2. Понятно, что: 1) эти утверждения являются нечеткими, а используемые числа приближительными; 2) другой эксперт может высказать иные оценочные суждения.

Для оптимизации экспертных оценок используется программа ПР-1 (Приложение), написанная в среде ABCPascal. С целью нахождения целевой функции $P_i(x_j)$ программа вычисляет функцию $R(a,b,k)$, где a, b, k и R принимают значения типа single. Рассмотрим два подхода: 1) метод наименьших невязок: $R(a,b,k) = |a - kb|$; 2) метод наименьших квадратов: $R(a,b,k) = (a - kb)^2$. Целевая функция, которую следует максимизировать, равна сумме всех невязок или их квадратов для i -ой хромосомы с противоположным знаком:

$$P_i(x_1, x_2, \dots, x_M) = - \sum_{v=1}^L u_v R(x_f, x_g, k_v).$$

Здесь v – номер утверждения вида $x_f = k_v x_g$, L – их общее количество, u_v – коэффициент уверенности. Например, утверждение « x_5 сложнее x_3 в 1,3 раза» приводит к тому, что функция $P_i(x_j)$ содержит слагаемое $R(x_5, x_3, 1,3)$, а факт « $x_7=10$ » кодируется так: $R(x_7, 10, 1)$. То, что « $x_{15} = x_{10} + x_{11}$ » учитывается слагаемым $R(x_{15}, x_{10} + x_{11}, 1)$.

Алгоритм оптимизации состоит в следующем. Программа для каждой i -ой хромосомы вычисляет P_i ,

находит лучшую хромосому, для которой $P_i = \max$, и выводит ее на экран (или записывает в выходной файл *vihod.txt*). После этого она вычисляет P_{cp} по всем $L=100$ хромосомам и осуществляет «естественный отбор»: хромосомы, у которых $P_i < P_{cp}$, отбрасываются (их около 0,5M). Применяется стратегия элитизма: хромосомы, у которых $P_i > P_{cp}$, переходят в следующее поколение без изменений. В результате «скрещивания» или смешивания этих «лучших» хромосом создаются новые так, чтобы их общее количество вместе с элитными оставалось неизменным ($M=100$). При этом j -ый ген $y[r,j]$ в новой r -ой хромосоме вычисляется так: $y[r,j] = \beta_r x[i_1,j] + (1 - \beta_r)x[i_2,j]$, где $x[i_1,j]$ и $x[i_2,j]$ – гены в смешиваемых хромосомах i_1 и i_2 ; $j = 1, 2, \dots, M$. Номера смешиваемых хромосом i_1 , i_2 и коэффициент $\beta_r \in [0,2; 0,8]$ выбираются случайно с помощью оператора $\text{random}(\dots)$. После этого моделируются мутации: с вероятностью 0,03 – 0,05 случайные гены в случайно выбранных хромосомах изменяются на 1 – 2 единицы. Затем все повторяется снова.

Допустим, два эксперта высказали следующие оценочные суждения, которые частично противоречат друг другу:

1 эксперт: $x_0[1]=3$; $u[1]=0.9$; $x_0[2]=x_0[1]+3$; $u[2]=0.8$; $x_0[3]=x_0[2]+3$; $u[3]=0.8$; $x_0[4]=x_0[1]+3$; $u[4]=0.9$; $x_0[5]=x_0[4]+3$; $u[5]=0.9$; $x_0[2]=1,3x_0[1]$, $u=0.7$; $x_0[3]=1,3x_0[2]$, $u=0.7$; $x_0[5]=1,3x_0[2]$, $u=0.7$;

2 эксперт: $x_0[2]=x_0[1]+4$; $u[2]=0.6$; $x_0[5]=x_0[4]+4$; $u[5]=0.6$; $x_0[2]=1,5x_0[1]$, $u=0.5$; $x_0[3]=1,5x_0[2]$, $u=0.5$; $x_0[5]=1,5x_0[2]$, $u=0.5$.

Использование программы дает следующие результаты: 1) учитывая оценки только первого эксперта: а) метод наименьших невязок: 3.6 – 6.6 – 9.0 – 6.6 – 9.5 ($P_{\max} = -3,37$); б) метод наименьших квадратов: 3.7 – 6.3 – 8.8 – 6.3 – 8.7 ($P_{\max} = -3,15$); 2) учитывая

оценки обоих экспертов: а) метод наименьших невязок: 3,5 – 6,5 – 9,5 – 6,5 – 9,5 ($P_{\max} = -5,39$); б) метод наименьших квадратов: 3,6 – 6,3 – 9,0 – 6,1 – 9,2 ($P_{\max} = -5,74$). Видно, что: 1) увеличение числа экспертов (повышающее объективность результатов) приводит к росту доли противоречивых утверждений и к уменьшению целевой функции $P_i(x_j)$ для оптимальной хромосомы (которая должна быть максимальна); 2) если полученные оценки округлять до целых, то методы наименьших невязок и их квадратов дают примерно одинаковые результаты.

Допустим, в результате экспертной оценки сложности s_i различных физических понятий и коэффициента уверенности u_i получились следующие соотношения: $s(\text{путь})=x_0[1]=3$; $u[1]=0.9$; $s(\text{скорость})=x_0[2]=x_0[1]+3$; $u[2]=0.7$; $s(\text{ускорение})=x_0[3]=x_0[2]+3$; $u[3]=0.9$; $s(\text{угол})=x_0[4]=x_0[1]+3$; $u[4]=0.7$; $s(\text{угл. скорость})=x_0[5]=x_0[4]+3$; $u[5]=0.7$; $s(\text{импульс})=x_0[6]=x_0[2]+3$; $u[6]=0.7$; $s(\text{работа})=x_0[7]=x_0[1]+x_0[3]+5$; $u[7]=0.7$; $s(\text{энергия})=x_0[8]=x_0[7]+3$; $u[7]=0.8$; $s(\text{пот. энергия})=x_0[9]=x_0[8]+3$; $u[9]=0.7$; $s(\text{кин. энергия})=x_0[10]=x_0[8]+3$; $u[10]=0.7$; $s(\text{мощность})=x_0[11]=x_0[8]+10$; $u[11]=0.7$; $x_0[5]=1,5x_0[2]$, $u=0.7$; $x_0[7]=1,5x_0[3]$, $u=0.7$; $x_0[8]=1,1x_0[7]$, $u=0.7$; $x_0[9]=1,3x_0[8]$, $u=0.7$; $x_0[10]=1,3x_0[8]$, $u=0.7$; $x_0[11]=1,5x_0[8]$, $u=0.7$.

На рис. 1 показаны типичные результаты оптимизации оценок объектов; по горизонтали – номер понятия (гена), по вертикали – его сложность. В начале работы программы на экране рисуются 100 ломанных, каждая из которых изображает одну хромосому (рис. 1.1). Их гены сильно отличаются друг от друга, поэтому ломанные не совпадают. Примерно через 4000 – 5000 итераций в популяции остаются самые оптимальные хромосомы; изображающие их ломанные практически совпадают друг с другом и сливаются в одну (рис. 1.2).

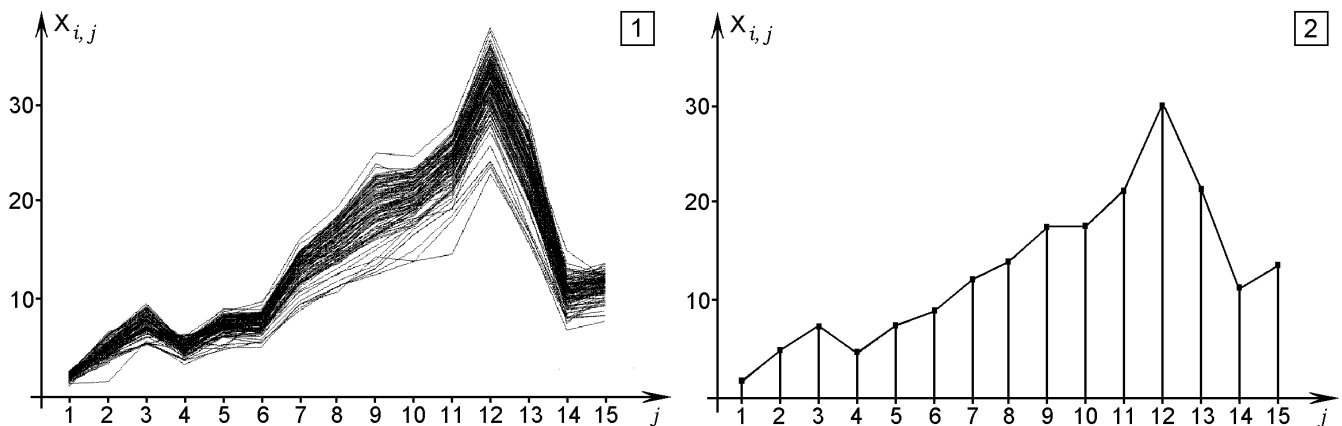


Рис. 1. Типичные результаты работы программы, оптимизирующей $x_{i,1}, x_{i,2}, \dots, x_{i,M}$.

Программа вычисляет гены самой оптимальной хромосомы (они равны сложностям понятий): 1,73; 5,11; 7,51; 4,70; 7,64; 9,0; 12,17; 14,05; 17,66; 17,64; 21,46; 30,50; 21,56; 11,55; 13,74; $P_{\max} = -17,9$. Округляя до целых, получаем: $s(\text{путь}) = 2$; $s(\text{скорость}) = 5$; $s(\text{ускорение}) = 7$; $s(\text{угол}) = 4$; $s(\text{угл. скорость}) = 7$; $s(\text{импульс}) = 9$; $s(\text{работа}) = 12$; $s(\text{энергия}) = 14$; $s(\text{пот. энергия}) = 17$; $s(\text{кин. энергия}) = 17$; $s(\text{мощность}) = 21$; $s(\text{интенсивность}) = 30$; $s(\text{внутр. энергия}) = 20$; $s(\text{угл. ускорение}) = 11$; $s(\text{момент импульса}) = 12$.

III. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате изучения проблемы получения оптимальных оценок на основе избыточных и противоречивых данных, выданных одним или несколькими экспертами, предложена простая компьютерная программа, которая, реализуя генетический алгоритм, осуществляет оптимизацию и согласование оценок экспертов. При этом учитывается коэффициент уверенности каждого оценочного утверждения. Обсуждаются результаты оптимизации экспертных оценок с помощью метода наименьших

невязок и метода наименьших квадратов. Предлагаемый подход может найти применение для согласования результатов экспертных оценок в различных областях.

Приложение

Программа ПР-1.

```
uses crt, graphabc; const N=100;
var S,b,Fsr,Fm: single;
i,j,k,chr1,chr2,iter,M,im,q,w: integer;
x,y:array[0..N+1,0..200] of single;
x0,u,F:array[0..N+1] of single;
Function R(a,b,k:single):single;
begin R:=sqr(abs(a-b*k)); end;
BEGIN M:=15; MaximizeWindow; Randomize;
x0[1]:=3; u[1]:=0.9; x0[2]:=x0[1]+3;
u[2]:=0.8; x0[3]:=x0[2]+3; u[3]:=0.8;
x0[4]:=x0[1]+3; u[4]:=0.9; x0[5]:=x0[4]
+3; u[5]:=0.7; x0[6]:=x0[2]+3; u[6]:=
0.8; x0[7]:=x0[1]+x0[3]+5; u[7]:=0.7;
x0[8]:=x0[7]+3; u[8]:=0.8; x0[9]:=x0[8]
+3; u[9]:=0.7; x0[10]:=x0[8]+3; u[10]:=
0.7; x0[11]:=x0[8]+10; u[11]:=0.8;x0[12]
:=x0[8]+15; u[12]:=0.8; x0[13]:=x0[8]+8;
u[13]:=0.7; x0[14]:=x0[5]+4; u[14]:=0.7;
x0[15]:=x0[6]+5; u[15]:=0.8;
For i:=1 to N do For j:=1 to M do x[i,j]
:=0.8*x0[j]+random(round(x0[j]))/2;
Repeat inc(iter);
If iter>40000 then begin clearwindow;
Line(0,700,1000,700); Line(100,0,100,
700); For i:=1 to N do begin F[i]:=0;
Moveto(100,700);
For j:=1 to M do begin Lineto(100+j*60,
700-round(15*x[i,j])); end; end; end;
For i:=1 to N do begin
F[i]:=-u[1]*R(x[i,1],3,1)-
u[2]*R(x[i,2],x[i,1]+3,1)-
u[3]*R(x[i,3],x[i,2]+3,1)-
u[4]*R(x[i,4],x[i,1]+3,1)-
u[5]*R(x[i,5],x[i,4]+3,1)-
u[6]*R(x[i,6],x[i,2]+3,1)-
u[7]*R(x[i,7],x[i,1]+x[i,3]+5,1)-
u[8]*R(x[i,8],x[i,7]+3,1)-
u[9]*R(x[i,9],x[i,8]+3,1)-
u[10]*R(x[i,10],x[i,8]+3,1)-
u[11]*R(x[i,11],x[i,8]+10,1)-
u[12]*R(x[i,12],x[i,8]+15,1)-
u[13]*R(x[i,13],x[i,8]+8,1)-
u[14]*R(x[i,14],x[i,5]+4,1)-
u[15]*R(x[i,15],x[i,6]+5,1)-
0.7*R(x[i,5],x[i,2],1.5)-
0.7*R(x[i,7],x[i,3],1.5)-
0.7*R(x[i,8],x[i,6],1.5)-
0.7*R(x[i,9],x[i,8],1.3)-
0.7*R(x[i,10],x[i,8],1.3)-
0.7*R(x[i,11],x[i,8],1.5)-
0.7*R(x[i,12],x[i,11],1.5)-
0.7*R(x[i,13],x[i,8],1.5)-
0.7*R(x[i,14],x[i,5],1.5)-
0.7*R(x[i,15],x[i,6],1.5); end; S:=0;
```

```
For i:=1 to N do S:=S+F[i]; Fsr:=S/N;
Fm:=F[1]; im:=1;
For i:=1 to N do If F[i]>Fm then begin
Fm:=F[i]; im:=i; end;
If iter mod 1000=0 then begin For j:=1
to M do write( x[im,j], ' - ');
writeln(' Fm = ',Fm,' iter=',iter); end;
w:=0; For i:=1 to N do If F[i]>Fsr then
begin inc(w); For j:=1 to M do begin
y[w,j]:=x[i,j]; end; end; q:=0;
Repeat inc(q); chr1:=1+round(random(9*
w)/10); chr2:=1+round(random(9*w)/10);
b:=0.2+random(60)/100;
For j:=1 to M do y[w+q,j]:=b*y[chr1,j]+
(1-b)*y[chr2,j]; until w+q>N;
For i:=1 to N do For j:=1 to M do
x[i,j]:=y[i,j];
For i:=w to N do For j:=1 to M do if
random(100)<5 then x[i,j]:=x[i,j]+
random(40)/10-2; until iter>60000;
END.
```

БИБЛИОГРАФИЯ

- [1] Бураков М. В. Генетический алгоритм: теория и практика. – Санкт-Петербург: Санкт-Петербургский государственный университет аэрокосмического приборостроения, 2008. – 164 с.
- [2] Гладков Л. А. Генетические алгоритмы: учебник / Л. А. Гладков, В. В. Курейчик, В. М. Курейчик. – Москва: ООО Издательская фирма "Физико-математическая литература", 2010. – 366 с.
- [3] Величковский Б.М. Когнитивная наука: Основы психологии познания: в 2 т. Т. 1. М.: Смысл: Академия, 2006. – 448 с.
- [4] Егоров С. А. Метод применения теории нечетких множеств для оценки процесса обучения // Вестник науки и образования. 2020. 11–2 (89). – С. 27–33.
- [5] Загинайло М. В. Генетический алгоритм как эффективный инструмент эволюционных алгоритмов / М. В. Загинайло, В. А. Фатхи // Инновации. Наука. Образование. – 2020. № 22. – С. 513–518.
- [6] Заде Л.А. Размытые множества и их применения в распознавании образов и кластер-анализе. – М.: Мир, 1980. – 390 с.
- [7] Ившина Г. В., Марданов М. В. Нечеткое моделирование результатов метода экспертных оценок в педагогическом эксперименте // Образование и саморазвитие. – 2007. № 2 (4). – С. 13 – 19.
- [8] Майер Р. В. Сложность учебных понятий и текстов: монография. – Глазов: ГИПУ, 2024. – 132 с.
- [9] Митин А. И., Филичева Т. А. Оценка качества образовательных услуг: моделирование на базе теории нечетких множеств и нечеткой логики // Моделирование и анализ данных. – 2016. № 1. – С. 3–20.
- [10] Полещук О. М. О применении нечетких множеств в задачах построения уровней градаций. Лесной вестник. – 4(13). 2000. – С. 143–146.
- [11] Поспелов Д. А. Ситуационное управление: теория и практика. – М.: Наука. – Гл. ред. физ.- мат. лит., 1986. – 288 с.
- [12] Субетто А. И. Компьютерная квалиметрия в образовании. Перспективы развития (научный обзор) // Качество в обработке материалов. №1 (5). 2016.
- [13] Субетто А. И. Введение в квалиметрию высшей школы (книги I–IV). М.: Исследовательский центр Гособразования, 1991.
- [14] Сутужко В. В. Общонаучные аспекты теории оценки // Вестн. Волгогр. гос. ун-та. Сер. 7, Философия. 2009. № 1 (9). С. 42 – 46.
- [15] Флегонтов А. В. Мягкие знания и нечеткая системология гуманитарных областей / А.В. Флегонтов, В.А. Дюк, И.К. Фомина // Программные продукты и системы. 2008. № 3. – С. 97–102.

The use of genetic algorithm to evaluate objects based on partially contradictory data

Robert Mayer

Abstract — The problem of obtaining optimal estimates based on redundant and contradictory data provided by one or more experts is considered. As an example, the evaluation of the didactic complexity of physical concepts is discussed. The data contains: 1) value judgments such as: "the complexity of the concept C is approximately equal to the sum of the complexities of the concepts A, B multiplied by k, and the number b" (b is an integer, $k=1; 1.1; 1.3; 1.5$); 2) confidence coefficients in the truth of judgments from the interval [0; 1]. There are cases when the complexities of concepts are almost the same ($k = 1$), differ slightly ($k = 1.1$), noticeably ($k = 1.3$), significantly ($k = 1.5$) and very strongly ($k > 2$). A computer program based on ABCPascal is proposed that implements a genetic algorithm that simulates the evolutionary process using mixing, mutation, and natural selection operators. They are applied to chromosomes consisting of genes, which are estimates of objects. To solve the problem, we need to construct an objective function that calculates the sum of the modules or squares of all discrepancies. The program finds the values of the estimates $x[j]$ (that is, the genes that make up the chromosomes) for which the target function is maximal. The optimization results of expert assessments of the didactic complexity of educational concepts, which contain contradictory data, are analyzed.

Keywords: genetic algorithm, optimization, estimation, programming, complexity, expert, evolutionary computing.

REFERENCES

- [1] Burakov M. V. Geneticheskij algoritm: teorija i praktika. – Sankt-Peterburg: Sankt-Peterburgskij gosudarstvennyj universitet ajerokosmicheskogo priborostroenija, 2008. – 164 s.
- [2] Gladkov L. A. Geneticheskie algoritmy: uchebnik / L. A. Gladkov, V. V. Kurejchik, V. M. Kurejchik. – Moskva: OOO Izdatel'skaja firma "Fiziko-matematicheskaja literatura", 2010. – 366 s.
- [3] Velichkovskij B.M. Kognitivnaja nauka: Osnovy psihologii poznaniya: v 2 t. T. 1. M.: Smysl: Akademija, 2006. – 448 s.
- [4] Egorov S. A. Metod primeneniya teorii nechetkih mnozhestv dlja ocenki processa obuchenija // Vestnik nauki i obrazovanija. 2020. 11–2 (89). – S. 27–33.
- [5] Zaginajlo M. V. Geneticheskij algoritm kak jeffektivnyj instrument jevoljucionnyh algoritmov / M. V. Zaginajlo, V. A. Fathi // Innovacii. Nauka. Obrazovanie. – 2020. # 22. – S. 513-518.
- [6] Zade L.A. Razmytye mnozhestva i ih primeneniya v raspoznavanii obrazov i klaster-analize. – M.: Mir, 1980. – 390 s.
- [7] Ivshina G. V., Mardanov M. V. Nechetkoe modelirovanie rezul'tatov metoda jekspertnyh ocenok v pedagogicheskom jeksperimente // Obrazovanie i samorazvitie. – 2007. # 2 (4). – S. 13 – 19.
- [8] Majer R. V. Slozhnost' uchebnyh ponjatij i tekstov: monografija. – Glazov: GIPU, 2024. – 132 s.
- [9] Mitin A. I., Filicheva T. A. Ocenka kachestva obrazovatel'nyh uslug: modelirovanie na baze teorii nechetkih mnozhestv i nechetkoj logiki // Modelirovanie i analiz dannyh. – 2016. # 1. – S. 3–20.
- [10] Poleshchuk O. M. O primeneni nechetkih mnozhestv v zadachah postroeniya urovnevnyh gradacij. Lesnoj vestnik. – 4(13). 2000. – S. 143-146.
- [11] Pospelov D. A. Situacionnoe upravlenie: teorija i praktika. – M.: Nauka. – Gl. red. fiz.- mat. lit., 1986. – 288 s.
- [12] Subetto A. I. Komp'juternaja kvalimetrija v obrazovanii. Perspektivy razvitiya (nauchnyj obzor) // Kachestvo v obrabotke materialov. #1 (5). 2016.
- [13] Subetto A. I. Vvedenie v kvalimetriju vysshej shkoly (knigi I - IV). M.: Issledovatel'skij centr Gosobrazovanija, 1991.
- [14] Sutuzhko V. V. Obshhenauchnye aspekty teorii ocenki // Vestn. Volgogr. gos. un-ta. Ser. 7, Filosofija. 2009. # 1 (9). S. 42 – 46.
- [15] Flegontov A. V. Mjagkie znaniya i nechetkaja sistemologija gumanitarnykh oblastej / A.V. Flegontov, V.A. Djuk, I.K. Fomina // Programmnye produkty i sistemy. 2008. # 3. – S. 97–102.