

VILNIAUS UNIVERSITETAS
MATEMATIKOS IR INFORMATIKOS FAKULTETAS
INFORMATIKOS INSTITUTAS
INFORMATIKOS KATEDRA

Kursinis darbas

Rikiavimo tobulinimas genetiniais algoritmais
(Improving sorting with genetic algorithms)

Atliko: 3 kurso 2 grupės studentas

Deividas Zaleskis (parašas)

Darbo vadovas:

Irmantas Radavičius (parašas)

Vilnius
2021

Turinys

Įvadas	2
1. Šelo rikiavimo algoritmas	5
1.1. Šelo rikiavimo algoritmo veikimo sparta	5
1.1.1. Veikimo greitis priklausomai nuo duomenų dydžio	5
1.1.2. Veikimo greitis priklausomai nuo duomenų specifikos	5
1.2. Šelo rikiavimo algoritmo versijos	6
1.2.1. Vadovėlinis Šelo rikiavimo algoritmas	6
1.2.2. Patobulintas Šelo rikiavimo algoritmas	7
2. Genetiniai algoritmai	8
2.1. Chromosomų populiacija	8
2.2. Genetiniai operatoriai	8
2.3. Genetinių algoritmų veikimo principai	9
3. Tarpų sekų efektyvumo kriterijų nustatymas	11
4. Tarpų sekų generavimas	13
4.1. Trumpų tarpų sekų generavimas	13
4.2. Vidutinio ilgio tarpų sekų generavimas	13
5. Eksperimentų vykdymo aplinkos paruošimas	15
6. Tarpų sekų efektyvumo įvertinimas	16
6.1. Trumpų tarpų sekų efektyvumo įvertinimas	16
6.1.1. Efektyvumo tyrimas naudojant vadovėlinį Šelo algoritmą	17
6.1.2. Efektyvumo tyrimas naudojant patobulintą Šelo algoritmą	18
6.1.3. Gautų rezultatų apibendrinimas	19
6.2. Vidutinio ilgio tarpų sekų efektyvumo įvertinimas	20
6.2.1. Efektyvumo tyrimas naudojant vadovėlinį Šelo algoritmą	20
6.2.2. Efektyvumo tyrimas naudojant patobulintą Šelo algoritmą	21
6.2.3. Gautų rezultatų apibendrinimas	22
Išvados	24
Literatūra	25

Įvadas

Viena pagrindinių informatikos sąvokų yra algoritmas. Formaliai algoritmą galima apibūdinti kaip baigtinę seką instrukcijų, nurodančių kaip rasti nagrinėjamo uždavinio sprendinį. Algoritmo koncepcija egzistuoja nuo senovės laikų [Knu72], tačiau atsiradus kompiuteriams, tapo įmanoma algoritmų vykdymą automatizuoti, paverčiant juos mašininio kodu suprantamu kompiuteriams [WWG51]. Taip informatikos mokslas nuo teorinių šaknų [Tur37] įgavo ir taikomąją pusę. Beveik visus algoritmus galima suskirstyti į dvi klases: kombinatorinius algoritmus ir skaitinius algoritmus. Skaitiniai algoritmai sprendžia tolydžius uždavinius: optimizuoti realaus argumento funkciją, išspręsti tiesinių lygčių sistemą su realiais koeficientais, etc. Kombinatoriniai algoritmai sprendžia diskrečius uždavinius ir operuoja diskrečiais objektais: skaičiais, sąrašais, grafais, etc. Apibendrinant, sunku įsivaizduoti informatikos mokslą be algoritmo sąvokos.

Vienas žinomiausių diskrečiaus uždavinio pavyzdžių yra duomenų rikiavimas. Matematiškai jis formuluojamas taip: duotai baigtinei palyginamų elementų sekai $S = (s_1, s_2, \dots, s_n)$ pateikti tokį kėlinį, kad pradinės sekos elementai būtų išdėstyti didėjančia (mažėjančia) tvarka [RB13]. Rikiavimo uždavinys yra aktualus nuo pat kompiuterių atsiradimo ir buvo laikomas vienu pagrindinių diskrečių uždavinių, kuriuos turėtų gebėti spręsti kompiuteris [Knu70]. Rikiavimo uždavinio sprendimas dažnai padeda pagrindą efektyviam kito uždavinio sprendimui, pavyzdžiui, atliekant paiešką sąrašė, galima taikyti dvejetainės paieškos algoritmą tik tada, kai sąrašas yra išrikiuotas. Taigi rikiavimas yra vienas pamatinių informatikos uždavinių.

Rikiavimo algoritmų yra įvairių: paremtų palyginimu (elementų tvarką nustato naudojant palyginimo operatorius), stabilių (nekeičia lygių elementų tvarkos), nenaudojančių papildomos atminties (atminties sudėtingumas yra $O(1)$), etc. Asimptotiškai optimalūs palyginimu paremti algoritmai blogiausiu atveju turi $O(n \log n)$ laiko sudėtingumą, o ne palyginimu paremti algoritmai gali veikti dar greičiau, tačiau nėra tokie universalūs, kadangi rikiuojama remiantis duomenų specifika. Tiesa, rikiuojant remtis vien algoritmo asimptotika nepakanka: rikiavimas įterpimu (angl. insertion sort) blogiausiu atveju turi $O(n^2)$ laiko sudėtingumą [BFM06], tačiau mažesnius elementų kiekius rikiuoja daug greičiau, nei asimptotiškai optimalūs algoritmai, pavyzdžiui, rikiavimas krūva (angl. heapsort) [For64]. Todėl pastaruoju metu plačiai naudojami hibridiniai rikiavimo algoritmai, kurie sujungia keletą rikiavimo algoritmų į vieną ir panaudoja jų geriausias savybes. Nepaisant įvairovės ir naujų algoritmų gausos, klasikiniai rikiavimo algoritmai išlieka aktualūs.

Šelo rikiavimo algoritmas (angl. Shellsort, toliau - Šelo algoritmas) [She59a] yra paremtas palyginimu, nenaudojantis papildomos atminties ir nestabilus. Šelo algoritmą galima laikyti rikiavimo įterpimu modifikacija, kuri lygina ne gretimius, o toliau vienas nuo kito esančius elementus, taip paspartindama jų perkėlimą į galutinę poziciją. Pagrindinė algoritmo idėja - išskaidyti rikiuojamą seką S į posekius S_1, S_2, \dots, S_n , kur kiekvienas posekis $S_i = (s_i, s_{i+h}, s_{i+2h}, \dots)$ yra sekos S elementai, kurių pozicija skiriasi h . Išrikiavus visus sekos S posekius S_i su tarpu h , seka tampa h -išrikiuota. Remiantis tuo, jog sekai S esant h -išrikiuota ir ją k -išrikiavus, ji lieka h -išrikiuota [GK72], galima kiekvieną algoritmo iteraciją mažinti tarpą, taip vis didinant sekos S išrikiuotumą.

Pritaikant šias idėjas ir rikiavimui naudojant mažėjančią tarpų seką su paskutiniu nariu 1, kuris garantuoja rikiavimą įterpimu paskutinėje iteracijoje, galima užtikrinti, jog algoritmo darbo pabaigoje seka S bus pilnai išrikiuota. Įvertinant Šelo algoritmo idėjas, nesunku pastebėti tarpų sekų įtaką jo veikimui.

Šelo algoritmo efektyvumas tiesiogiai priklauso nuo pasirinktos tarpų sekos. Weiss atlikto tyrimo [Wei91] rezultatai rodo, jog su Sedgewick pasiūlyta seka šis algoritmas veikia beveik dvigubai greičiau nei Šelo pradinis variantas, kai $n = 1000000$. Yra įrodyta, kad Šelo algoritmo laiko sudėtingumo blogiausiu atveju apatinė riba yra $\Omega(\frac{n \log^2 n}{\log \log n^2})$ [PPS92], taigi jis nėra asimptotiškai optimalus. Tiesa, kol kas nėra rasta seka, su kuria Šelo algoritmas pasiektų šią apatinę ribą. Kiek žinoma autoriui, asimptotiškai geriausia tarpų seka yra rasta Pratt, kuri yra formos $2^p 3^p$ ir turi $\Theta(n \log^2 n)$ laiko sudėtingumą blogiausiu atveju [Pra72], tačiau praktikoje ji veikia lėčiau už Ciura [Ciu01] ar Tokuda [Tok92] pasiūlytas sekas. Daugelio praktikoje efektyvių sekų asimptotinis sudėtingumas laiko atžvilgiu lieka atvira problema, nes jos yra rastos eksperimentiškai. Todėl ir dabar yra tikslinga ieškoti naujų ir efektyvesnių Šelo algoritmo tarpų sekų.

Vienas iš metodų, kuriuos galima taikyti efektyvių tarpų sekų radimui, yra genetinis algoritmas. Genetinis algoritmas (GA) yra metodas rasti euristikas, paremtas biologijos žiniomis apie natūralios atrankos procesą. Kartu su genetiniu programavimu, evoliuciniais algoritmais ir kitais metodais, genetiniai algoritmai sudaro evoliucinių skaičiavimų šeimą. Visi šios šeimos atstovai yra paremti pradinės populiacijos generavimu ir iteraciniu populiacijos atnaujinimu naudojant biologijos įkvėptas strategijas. J.H. Holland, GA pradininkas, savo knygoje [Hol92] apibrėžė genetinio algoritmo sąvoką ir su ja glaudžiai susijusias chromosomų (potencialių uždavinio sprendinių, išreikštų genų rinkiniu), bei rekombinacijos (tėvinių chromosomų genų perdavimo palikuonims), atrankos (tinkamiausių chromosomų atrinkimo) ir mutacijos (savaiminio chromosomos genų kiti-mo) operatorių koncepcijas. Genetinių algoritmų veikimo strategija pagrįsta pradinės chromosomų populiacijos evoliucija, kiekvienos naujos chromosomų kartos gavimui naudojant rekombinacijos, atrankos ir mutacijos operatorius. Nesunku pastebėti, jog genetiniai algoritmai gali palengvinti tam tikrų rūšių uždavinių sprendimą.

Genetiniai algoritmai taikomi sprendžiant įvairius paieškos ir optimizavimo uždavinius, kuomet nesunku nustatyti, ar sprendinys tinkamas, tačiau tinkamo sprendinio radimas reikalauja daug resursų ar net pilno perrinkimo. Tokiu atveju apytikslio sprendinio radimas (euristika) gali būti daug patrauklesnis sprendimo būdas, kadangi tikslaus sprendinio radimas dažnai yra NP-sunkus uždavinys. Todėl GA yra pritaikomi sudarant grafikus ir tvarkaraščius, sprendžiant globalaus optimizavimo uždavinius ir net projektuojant NASA mikrosatelitų antenas [HGL⁺06]. Nesunku pastebėti, jog efektyvių Šelo algoritmo tarpų sekų radimas yra sunkus uždavinys atliekamų skaičiavimų prasme, tikėtina reikalaujantis pilno potencialių sprendinių perrinkimo, tad šio uždavinio sprendimui taikyti GA yra prasminga. Kiek žinoma autoriui, kol kas yra buvę du bandymai taikyti genetinius algoritmus efektyvių Šelo algoritmo tarpų sekų radimui [RBH⁺02; SY99]. Abiejuose darbuose teigiama, jog genetiniais algoritmais gautos tarpų sekos veikia greičiau už Sedgewick seką, kuri literatūroje laikoma viena efektyviausių.

Darbo **tikslas**: pritaikyti genetinius algoritmus Šelo algoritmo tarpų sekoms generuoti.

Darbo uždaviniai:

- Atlikti Šelo rikiavimo algoritmo literatūros analizę.
- Atlikti genetinių algoritmų literatūros analizę.
- Nustatyti kriterijus tarpų sekų efektyvumui įvertinti.
- Naudojant genetinius algoritmus sugeneruoti tarpų sekas.
- Paruošti aplinką eksperimentų vykdymui.
- Atliekant eksperimentus įvertinti sugeneruotų ir pateiktų literatūroje tarpų sekų efektyvumą.

Šis darbas sudarytas iš 5 skyrių. Pirmame skyriuje atliekama Šelo rikiavimo algoritmo literatūros analizė. Antrame skyriuje atliekama genetinių algoritmų literatūros analizė. Trečiame skyriuje nustatomi kriterijai tarpų sekų efektyvumui įvertinti. Ketvirtame skyriuje naudojant genetinius algoritmus generuojamos tarpų sekos. Penktame skyriuje paruošiama eksperimentų vykdymo aplinka. Šeštame skyriuje atliekant eksperimentus įvertinamas sugeneruotų ir pateiktų literatūroje tarpų sekų efektyvumas.

1. Šelo rikiavimo algoritmas

Šis skyrius sudarytas iš 2 poskyrių. Pirmame poskyryje nagrinėjama Šelo algoritmo veikimo sparta. Antrame poskyryje analizuojamos Šelo algoritmo versijos.

1.1. Šelo rikiavimo algoritmo veikimo sparta

Šiame poskyryje nagrinėjamas Šelo algoritmo veikimo greitis priklausomai nuo duomenų dydžio ir duomenų specifikos.

1.1.1. Veikimo greitis priklausomai nuo duomenų dydžio

Renkantis kokį algoritmą naudoti, labai svarbu įvertinti tikėtiną duomenų dydį. Šelo rikiavimo algoritmas veikia greičiausiai, kai duomenų dydis yra ganėtinai mažas [Ciu01]. Kaip teigiama [SY99], ši savybė galioja, kai $N \leq 106$. Tokiu atveju, Šelo algoritmas lenkia net ir vienu greičiausių laikomą greitojo rikiavimo algoritmą. Todėl Šelo rikiavimo algoritmas dažnai naudojamas hibridiniuose rikiavimo algoritmuose, kai pasiekus tam tikrą rekursijos lygį rikiuojamų duomenų dalis tampa pakankamai maža ir tolimesnė rekursija asimptotiškai optimaliu algoritmu nebeturi prasmės, kadangi jos tęsimas reikalautų per daug mašinos resursų. Tokių šio algoritmo naudojimo pavyzdžių galima rasti Go programavimo kalbos standartinėje bibliotekoje [Aut09] bei bzip2 failų glaudinimo programoje [Sew10]. Tiesa, net ir rikiuojant didesnius duomenų dydžius, Šelo algoritmas nėra labai lėtas [Ciu01]. Todėl jis yra vertingas įrankis įgyvendinant operacinės sistemos branduolį ar programuojant įterptinėms sistemoms, kadangi dėl ribotų atminties išteklių asimptotiškai optimalūs algoritmai, kurie dažniausia yra rekursyvūs ir naudoja daugiau atminties, tokiais atvejais netinka. Taigi, nors Šelo rikiavimo algoritmas nėra labai greitas, kai uždavinys didelis, yra scenarijų, kuriais jį rinktis tikrai verta.

1.1.2. Veikimo greitis priklausomai nuo duomenų specifikos

Viena palankiausių Šelo algoritmo savybių yra jo adaptyvumas. Adaptyvumas rikiavimo algoritmų kontekste reiškia, jog algoritmas atlieka mažiau operacijų, jei duomenys dalinai išrikiuoti. Adaptyvumą Šelo algoritmas paveldi iš rikiavimo įterpimu, nes yra jo optimizacija. Moksliniuose tyrimuose ši savybė retai turi įtakos, kadangi dažniausia siekiama iširti algoritmo veikimą, kai duomenys nėra tvarkingai išdėstyti ir tipiškai renkamasi atsitiktinai generuoti pradinius duomenis šiam tikslui pasiekti. Savaime aišku, jog praktikoje retai pavyks sutikti visiškai atsitiktinai išsidėsčiusius duomenis, neturinčius nei vieno išrikiuoto posekio ilgesnio nei 1. Kaip parodo [CK80], Šelo algoritmas veikia net keletą kartų greičiau, kai duomenys yra pilnai išrikiuoti ir veikimo sparta nusileidžia tik rikiavimui įterpimu su visais duomenų dydžiais. Kai duomenų dydis nedidelis (iki 200 elementų) ir 20% elementų nėra teisingose pozicijose, Šelo algoritmas veikimo sparta nusileidžia tik greitojo rikiavimo algoritmui. Palankūs rezultatai pateikiami ir [FG15] - su dalinai išrikiuotais duomenimis Šelo algoritmas veikia apytiksliai 1.5 karto greičiau, o su išrikiuotais duomenimis

pasiekiamas apie 3.8 karto mažesnis veikimo greitis. Taigi rikiuojant bent dalinai išrikiuotus duomenis Šelo algoritmas veikia žymiai greičiau.

1.2. Šelo rikiavimo algoritmo versijos

Šiame poskyryje analizuojami du Šelo algoritmo variantai: vadovėlinis Šelo algoritmas ir patobulintas Šelo algoritmas.

1.2.1. Vadovėlinis Šelo rikiavimo algoritmas

Algorithm 1 Vadovėlinis Šelo rikiavimo algoritmas

```

1: foreach  $gap$  in  $H$  do
2:   for  $i \leftarrow gap + 1$  to  $N$  do
3:      $j \leftarrow i$ 
4:      $temp \leftarrow S[i]$ 
5:     while  $j > gap$  and  $S[j - gap] > S[j]$  do
6:        $S[j] \leftarrow S[j - gap]$ 
7:        $j \leftarrow j - gap$ 
8:     end while
9:      $S[j] \leftarrow temp$ 
10:  end for
11: end for

```

Kaip ir daugelis algoritmų, Šelo rikiavimo algoritmas turi keletą galimų implementacijų. Žinomiausia iš jų, be abejo, yra vadovėlinė šio algoritmo versija (toliau - VŠA), kurią D. L. Shell paskelbė dar 1959 metais [She59b]. Jos pseudokodas pateikiamas 1 algoritme.

Įdėmiau įsižiūrėjus, nesunku pastebėti Šelo algoritmo panašumą į paprastą rikiavimą įterpimu - pašalinus išorinį ciklą, iteruojantį tarpų sekos narius bei pakeitus kintamąjį gap į 1, gaunamas būtent šio algoritmo kodas. Paties rikiavimo įterpimu idėja yra gana paprasta: pradžioje rikiuojama seka yra suskaidoma į du posekius, kur kairysis (susidedantis iš kairiausio sekos elemento) yra išrikiuotas, o dešinysis (susidedantis iš visų likusių sekos elementų) - ne. Tada kiekvieną iteraciją išrikiuotas posekis yra plečiamas, imant kairiausią neišrikiuoto posekio elementą ir įterpiant jį į išrikiuotą posekį. Naujų elementų įterpimas į išrikiuotą posekį vyksta iteratyviai sukeičiant įterpiamą elementą su elementu, esančiu jam iš kairės, jei šis yra didesnis už įterpiamą elementą. Algoritmas baigia darbą, kai neišrikiuoto posekio ilgis yra 0.

Verta pastebėti, jog Šelo algoritmas tėra rikiavimo įterpimu generalizacija, kur įterpimas gali vykti atstumu, didesniu nei 1. Būtent didesnis įterpimo atstumas ir suteikia Šelo algoritmui pranašumą, kadangi labiausiai nuo galutinės pozicijos nutolę elementai gali greičiau patekti į reikiamą poziciją. Šelo algoritmo idėjos turi tvirtą matematinį pagrindą: rikiavimas įterpimu turi $O(n^2)$ laiko sudėtingumą blogiausiu atveju (pavyzdžiui, kai rikiuojama seka yra išrikiuota atgaline tvarka),

tačiau kai didžiausias atstumas tarp dviejų neišrikiuotų elementų yra k , rikiavimo įterpimu laiko sudėtingumas yra $O(kn)$. Taigi seką h -išrikiavus, paskutinė iteracija turės $O(hn)$ laiko sudėtingumą. Iteracijos su dideliais tarpais taip pat yra gana greitos, kadangi dirbama su daug mažesniais elementų kiekiais, o šiuo atveju rikiavimas įterpimu yra vienas greičiausių.

1.2.2. Patobulintas Šelo rikiavimo algoritmas

Verta pastebėti, jog vadovėlinė Šelo algoritmo implementacija nėra pilnai efektyvi [RB13]. Vykdamas vidinį vadovėlinio Šelo algoritmo ciklą (1 algoritmo 5-8 eilutės), 5 eilutėje yra tikrinama, ar $S[j]$ jau yra tinkamoje pozicijoje. Jei $S[j]$ jau yra tinkamoje pozicijoje, vidinis ciklas nėra vykdomas ir jokių elementų pozicijos nėra keičiamos. Tačiau 4 ir 9 eilutėse vis tiek yra vykdomi du priskyrimai, kurie šiuo atveju nueina veltui (o taip nutinka pakankamai dažnai). Siekiant tai ištaisyti, [RB13] pateikė patobulintą Šelo algoritmo versiją (toliau - PŠA), kurią galima rasti 2 algoritme.

PŠA prieš vykdydamas bet kokius kitus žingsnius patikrina, ar elementas $S[j]$ jau yra tinkamoje pozicijoje (žr. 2 algoritmo 3 eil.), kas leidžia sumažinti atliekamų priskyrimų skaičių, kai su $S[j]$ pagrindinės rikiavimo logikos (2 algoritmo 4-10 eil.) nėra reikalo vykdyti. Taip pat, kadangi iš pat pradžių yra užtikrinama, jog galima atlikti nors vieną sukeitimą, vadovėlinio Šelo algoritmo *while* ciklą (1 algoritmo 5-8 eil.) galima pakeisti *repeat ... until* tipo ciklu, kas ir yra atliekama 2 algoritmo 6-9 eilutėse.

Reikia pastebėti, jog patobulintas Šelo algoritmas nuo vadovėlinės versijos atliekamų operacijų prasme skiriasi tik atliekamais priskyrimais. Tačiau šios optimizacijos svarba pasirodo pakankamai didelė - autorių teigimu [RB13], PŠA vidutiniškai atlieka 40-80% mažiau priskyrimų ir veikia 20% greičiau, nei VŠA. Tiesa, PŠA nėra plačiai naudojamas, o jo veikimas vidutiniu atveju originaliame darbe ištirtas tik režyje $500 \leq N \leq 2000$.

Algorithm 2 Patobulintas Šelo rikiavimo algoritmas

```

1: foreach  $gap$  in  $H$  do
2:   for  $i \leftarrow gap + 1$  to  $N$  do
3:     if  $S[i - gap] > S[i]$  then
4:        $j \leftarrow i$ 
5:        $temp \leftarrow S[i]$ 
6:       repeat
7:          $S[j] \leftarrow S[j - gap]$ 
8:          $j \leftarrow j - gap$ 
9:       until  $j \leq gap$  or  $S[j - gap] \leq S[j]$ 
10:       $S[j] \leftarrow temp$ 
11:     end if
12:   end for
13: end for

```

2. Genetiniai algoritmai

Paprasčiausias genetinis algoritmas susideda iš chromosomų populiacijos bei atrankos, mutacijos ir rekombinacijos operatorių [SY99]. Šiame skyriuje bus nagrinėjamos šių terminų reikšmės ir genetinių algoritmų veikimo principai.

2.1. Chromosomų populiacija

Chromosoma GA kontekste vadiname potencialų uždavinio sprendinį. Projektuojant genetinį algoritmą tam tikro uždavinio sprendimui, svarbu tinkamai pasirinkti, kaip kompiuteriu modeliuoti galimus sprendinius (chromosomas). Chromosomos kompiuterio atmintyje standartiškai išreiškiamos bitų eilutėmis [Whi94], kadangi tai palengvina tiek mutaciją (pakanka apversti kurio nors atsitiktinio bito reikšmę), tiek rekombinaciją (pakanka perkopijuoti pasirinktus tėvinių chromosomų bitus į vaikinę chromosomą). Tiesa, tai nėra vienintelis įmanomas būdas, ir kai kurių uždavinių sprendiniai modeliuojami pvz. grafu ar simbolių eilute.

Sprendinio kokybę įvardijame kaip jo tinkamumą, kuris apibrėžiamas tinkamumo funkcijos reikšme, pateikus sprendinį kaip parametą. Nesunku pastebėti, jog tinkamumo funkcija tėra tikslo funkcijos specializacija, kuri naudojama chromosomų vertinimui. Tinkamumo funkcija yra viena svarbiausių genetinio algoritmo dalių, kadangi kai ji netinkamai parinkta, algoritmas nekonverguos į tinkamą sprendinį arba užtruks labai ilgai.

Chromosomų rinkinys, literatūroje dažnai vadinamas populiacija, atspindi uždavinio sprendinių aibę, kuri kinta kiekvieną genetinio algoritmo iteraciją. Populiaciją dažnu atveju sudaro šimtai ar net tūkstančiai individų. Tiesa, populiacijos dydį būtina nustatyti priklausomai nuo sprendžiamo uždavinio, kadangi per didelės populiacijos pasirinkimas chromosomų kokybės gali nepadidinti ir privesti prie resursų švaistymo. Jei GA suprojektuotas tinkamai, dažnu atveju vidutinis populiacijos tinkamumas gerės kiekvieną iteraciją [SY99].

2.2. Genetiniai operatoriai

Esminė GA dalis yra populiacijos genetinės įvairovės užtikrinimas, geriausių individų atranka ir kryžminimasis. Šiems procesams nesunku rasti atitikmenis nagrinėjant gamtoje vykstančius evoliucinius reiškinius. Siekiant užtikrinti šių procesų išpildymą, genetinis algoritmas vykdymo metu iteratyviai atnauja esamą populiaciją ir kuria naujas kartas taikydamas biologijos žiniomis paremtus atrankos, rekombinacijos ir mutacijos operatorius.

Atrankos operatorius grąžina tinkamiausius populiacijos individus, kuriems yra leidžiama susilaukti palikuonių taikant rekombinacijos operatorių. Dažniausiai atranka vykdoma atsižvelgiant į populiacijos individų tinkamumą, atrenkant ir pateikiant rekombinacijai tuos, kurių tinkamumas yra geriausias. Verta pastebėti, jog įprastai rekombinacijai yra pasirenkama tam tikra fiksuota einaamosios populiacijos dalis ir daugelyje GA implementacijų šis dydis yra nurodomas kaip veikimo parametras. Įprastai populiacijos dalis, kuri nebuvo atrinkta rekombinacijai, būna mažesnė. Daž-

niausiai ir jai priklausančios chromosomos yra perkeliamos į kitą GA iteraciją, siekiant užtikrinti naujos populiacijos genetinę įvairovę. Tinkamas rekombinacijai atrenkamos populiacijos dalies pasirinkimas yra svarbus, kadangi kai šis parametras per didelis, populiacija pradeda konverguoti per anksti ir nėra atliekama pakankamai plati galimų sprendinių paieška.

Rekombinacijos operatorius įprastai veikia iš dviejų tėvinių chromosomų sukurdamas naują vaikinę chromosomą, kas dažniausiai pasiekama tam tikru būdu perkopijuojant tėvų genų atkarpas į vaikinę chromosomą. Tiesa, kai kurie tyrimai [ERR94; Tin05] rodo, jog rekombinacijai naudojant daugiau nei du tėvus, gautų vaikinių chromosomų kokybė yra geresnė. Šiame darbe paprastumo dėlei bus laikoma, jog rekombinacija vyksta naudojant tik du tėvus. Rekombinacijos strategijų yra įvairių, tačiau ne kiekvienam uždaviniui visos jos tinka, kadangi kai kuriais atvejais netinkamai parinkta rekombinacijos strategija pagamina neatitinkančią uždavinio apribojimų vaikinę chromosomą. Pavyzdžiui, jei modeliuojama chromosoma yra sąrašas, turintis susidėti iš tam tikrų elementų, neįmanoma garantuoti, jog atsitiktinai perkopijavus tėvinių chromosomų genus į vaikinę chromosomą šis apribojimas bus išlaikytas. Šiai problemai spręsti yra pasitelkiamos specializuotos rekombinacijos strategijos [LKM⁺96] arba įvedama chromosomų normalizacija.

Galiausiai tam tikrai populiacijos daliai yra pritaikomas mutacijos operatorius. Jo veikimo principas yra gana paprastas: pasirinktos chromosomos vienas ar keli genai yra modifikuojami, nežymiai pakeičiant jų reikšmes ar sukeičiant kelių genų reikšmes vietomis. Mutacijos operatorius praplečia vykdomos paieškos erdvę, o tai labai svarbu, kadangi kitaip algoritmas gali konverguoti į lokaliajo minimumo taškus, taip ir nepasiekdamas globaliojo minimumo. Atsižvelgiant į tai, yra laikoma, jog mutacijos operatorius yra kertinė genetinio algoritmo dalis, kuri palaiko genetinę individų įvairovę ir padeda rasti tinkamiausius sprendinius. Įprastai mutacija kiekvienai chromosomai taikoma su tam tikra tikimybe, kuri nurodoma kaip vienas iš GA veikimo parametrų. Tinkamas chromosomos mutacijos tikimybės parinkimas yra vienas iš svarbiausių sprendimų projektuojant GA, kadangi nuo mutacijos tikimybės dažnu atveju priklauso gaunamų sprendinių kokybė. Jei mutacijos tikimybė yra per didelė, GA išsigimsta į primityvią atsitiktinę paiešką [HAA⁺19] ir rizikuojama prarasti geriausius sprendinius. Jei mutacijos tikimybė per maža, tai gali vesti prie genetinio dreifo [Mas11], kas reiškia, jog populiacijos genetinė įvairovė palaipsniui mažės.

2.3. Genetinių algoritmų veikimo principai

Apjungiant visas aukščiau aptartas genetinio algoritmo dalis, galima suformuluoti paprasto genetinio algoritmo pseudokodą. Jis pateikiamas 3 algoritme. Kintamieji N (populiacijos dydis), $mutation_rate$ (mutacijos tikimybė) bei $recombination_frac$ (rekombinacijai pateikiamų chromosomų dalis) tipiskai būtų nustatomi vartotojo ir perduodami kaip parametrai, tačiau paprastumo dėlei pakanka laikyti, jog jie nustatomi paties GA. Algoritmui pradedant darbą yra inicializuojama pradinė chromosomų populiacija (žr. 1 eil.). Vykdam pagrindinį GA ciklą, pirmiausia yra įvertinamas einamosios populiacijos tinkamumas (žr. 3 eil.). Tada iš tinkamiausių populiacijos individų yra atsitiktinai atrenkamos dvi tėvinės chromosomos, kurioms taikant rekombinacijos operatorių

yra kuriami nauji individai (žr. 7-8 eil.). Naujam individui su tam tikra tikimybe taip pat yra taikomas mutacijos operatorius (žr. 9-11 eil.). Naujų individų generavimas yra kartojamas, kol naujos populiacijos dydis siekia N (žr. 13 eil.). Galiausiai einamajai populiacijai yra priskiriama naujai sugeneruota populiacija (žr. 14 eil.), kas užtikrina, jog kitą ciklo iteraciją bus dirbama su naujais individais. Prieš pradedant kitą ciklo iteraciją (žr. 15 eil.), GA patikrina, ar kažkuri iš sustojimo sąlygų yra patenkinta, ir jei taip - baigia darbą. Praktikoje dažnai siekiama, jog GA sustotų, kai yra pasiektas maksimalus kartų skaičius ar vidutinio tinkamumo pokytis tarp paskutinių dviejų populiacijos kartų yra pakankamai mažas. Tokie sustojimo kriterijai nurodomi, jog GA nenaudotų per daug resursų, ypač jei galima nuspėti, jog tolesnis veikimas neduos geresnių rezultatų. Žinoma, pateiktas GA yra pakankamai paprastas ir praleidžia daugelį detalių, tačiau autorius mano, jog jis tinkamai iliustruoja pagrindinius genetinių algoritimų veikimo principus.

Algorithm 3 Paprastas GA

- 1: Let *current_population* be a random population of chromosomes.
 - 2: **repeat**
 - 3: Apply the fitness function to each chromosome in *current_population*.
 - 4: Sort the chromosomes in *current_population* based on their fitness in descending order.
 - 5: Let *new_population* be an empty set.
 - 6: **repeat**
 - 7: Let (*parent1*, *parent2*) be a pair of parent chromosomes selected randomly from the first $[N * recombination_frac]$ elements of *current_population*.
 - 8: Let *child_chromosome* be the result of applying the recombination operator to *parent1* and *parent2*.
 - 9: **if** $rand01() \leq mutation_rate$ **then**
 - 10: Apply the mutation operator to *child_chromosome*
 - 11: **end if**
 - 12: Add *child_chromosome* to *new_population*
 - 13: **until** N offspring have been created.
 - 14: Assign *new_population* to *current_population*.
 - 15: **until** Some termination criterion is satisfied.
-

3. Tarpų sekų efektyvumo kriterijų nustatymas

Šelo algoritmo tarpų sekų efektyvumo įvertinimas nėra trivialus. Rikiavimo algoritmai dažniausiai yra vertinami pagal atliekamų priskyrimų skaičių, kadangi daugelyje algoritmų priskyrimų skaičius uždaviniui augant greitai artėja prie palyginimų skaičiaus ir tokiu metodu gautas įvertis būna pakankamai tikslus. Tačiau Šelo algoritmo atveju, atliekamų palyginimų ir priskyrimų skaičiaus santykis augant N nebūtinai artėja prie 1 [RB13]. Taigi, vien priskyrimų skaičius nėra pakankamai tikslus kriterijus tarpų sekų efektyvumui įvertinti, kadangi juo remiantis gautas įvertis pilnai neatspindi praktinio sekos efektyvumo. Kaip parodo [Ciu01], šiame algoritme dominuojanti operacija yra palyginimas ir efektyvios sekos turėtų jų atlikti kuo įmanoma mažiau. Apibendrinant, atliekamų palyginimų skaičius yra tinkamesnis kriterijus Šelo algoritmo tarpų sekų efektyvumui įvertinti.

Matuojant rikiavimo algoritmo efektyvumą tik naudojant sveikaskaitinius pradinis duomenis, gauti rezultatai gali būti netikslūs, kadangi palyginimo ir priskyrimo operacijų sparta priklauso nuo rikiuojamų duomenų tipo. Rikiuojant simbolių eilutes, priskyrimas atliekamas naudojant rodykles, kas yra $O(1)$ operacija, tačiau palyginimas yra $O(n)$ blogiausiu atveju. Ir atvirkščiai, rikiuojant įrašus, priskyrimas reikalauja perkopijuoti visą įrašą, tad šios operacijos sudėtingumas yra $O(n)$, o palyginimas gali būti atliekamas naudojant tam tikrą raktą, taigi tik $O(1)$. Todėl apsiriboti vien palyginimų ar priskyrimų skaičiumi nepakanka, kadangi tiksliausia praktinio algoritmo veikimo laiko aproksimacija (tai, kam ir skaičiuojamos operacijos), bus gauta tik įvertinant abu šiuos rodiklius.

Algoritmo veikimo laikas, nors ir priklausomas nuo platformos, kurioje vykdomas tyrimas, detalių, taip pat gali duoti tinkamų įžvalgų įvertinant praktinį efektyvumą. Kadangi algoritmo atliekamos operacijos skaičiuojamos tam, jog gauti veikimo laiko aproksimaciją, tai realus veikimo laikas yra konkretus įvertis, leidžiantis praktiškai įvertinti duotos sekos efektyvumą. Taigi, įvertinant tarpų sekų efektyvumą bus remiamasi visomis atliekamomis operacijomis bei realiais veikimo laikais.

Autoriaus nuomone, atliktų palyginimų skaičius yra svarbiausias kriterijus tarpų sekų efektyvumui įvertinti ir didžiausias svoris atliekant bendrą visų kriterijų vertinimą turėtų būti teikiamas būtent jam. Vertinant kitus du kriterijus, didesnis svoris turėtų atitekti atliekamų palyginimų skaičiui, kadangi veikimo laiko įvertis nėra universalus. Verta pastebėti, jog atliktų priskyrimų skaičių reikia vertinti, atsižvelgiant į kontekstą, kadangi seka, kuri atlieka daug priskyrimų, nebūtinai yra neefektyvi - daug svarbesnis yra atliekamų palyginimų ir priskyrimų santykis. Tai galima paaiškinti paprastu pavyzdžiu: jei su tam tikra tarpų seka Šelo algoritmas atlieka santykinai mažai palyginimų ir daug priskyrimų, galima laikyti, jog su ja algoritmas dirba pakankamai efektyviai, kadangi atlikti palyginimai nenuveina veltui ir rikiuojamos sekos S elementai greitai artėja link galutinės pozicijos. Reikia atsižvelgti ir į tai, jog vadovėlinė Šelo algoritmo implementacija dažnai atlieka nereikalingus priskyrimus [RB13], tad atliekant sekų vertinimą, gali būti tikslinga įvertinti sekas naudojant ir VŠA, ir PŠA. Savaiame suprantama, jog į veikimo laiką verta žvelgti kritiškai, kadangi jis priklauso nuo algoritmo implementacijos, eksperimentams naudojamos mašinos techninių parametrų, ope-

racinės sistemos, pasirinktos programavimo kalbos ar net kompiliatoriaus versijos. Todėl vertinant veikimo laiką, svarbiausia atsižvelgti į santykinius gautų rezultatų skirtumus naudojant skirtingas tarpų sekas.

4. Tarpų sekų generavimas

Šį skyrių sudaro 2 poskyriai. Pirmame poskyryje naudojant genetinius algoritmus generuojamos trumpos tarpų sekos. Antrame poskyryje naudojant genetinius algoritmus generuojamos vidutinio ilgio tarpų sekos.

4.1. Trumpų tarpų sekų generavimas

Pirmame etape buvo generuojamos tarpų sekos, kurios efektyvios kai $N = 1000$. Trumpų sekų generavimui buvo paruoštas vienkriterinis genetinis algoritmas. GA implementacijai buvo pasirinkta OpenGA biblioteka [MAM⁺17] dėl suteikiamos laisvės pasirinkti, kaip įgyvendinti genetinius operatorius bei modernių kalbos konstruktų ir lygiagretaus vykdymo palaikymo. Remiantis [SY99], trumpos sekos chromosoma buvo modeliuojama kaip septynių sveikų skaičių masyvas. Chromosomos buvo vertinamos jas naudojant 20 atsitiktinai sugeneruotų sveikų skaičių masyvų, turinčių po 1000 elementų, rikiavimui vadovėline Šelo rikiavimo algoritmo versija ir skaičiuojant atliktas palyginimo operacijas. Chromosomos tinkamumo funkcija buvo apibrėžta kaip atliktų palyginimų skaičiaus aritmetinis vidurkis. Rekombinacijos operatorius buvo įgyvendintas tolygia strategija, kur abiejų tėvų genai turi vienodą tikimybę būti perduoti vaikinei chromosomai. GA sustojimo kriterijumi buvo pasirinkta laikyti tinkamiausio individo nepakitimą 25 iteracijas. Mutacijos operatorius buvo įgyvendintas su $\frac{1}{5}$ tikimybe keičiant tam tikrą chromosomą, pridėdant prie atsitiktinai pasirinkto geno reikšmės skaičių $\left[(rand01() - rand01()) * \frac{25}{\sqrt{karta}} \right]$ su apribojimu, jog pakeistas genas turi priklausyti intervalui $[1, 1000]$. Siekiant išvengti netinkamų sprendinių, kiekviena seka po rekombinacijos ar mutacijos operatorių taikymo buvo išrikiuojama ir užtikrinama, jog paskutinis sekos narys yra 1.

GA buvo vykdomas su atsitiktinai sugeneruota 10000 individų populiacija, kiekvieną iteraciją pritaikant rekombinacijos operatorių $\frac{1}{2}$ populiacijos. Tokiu būdu buvo sugeneruota ir atrinkta 10 sekų. Po to iš visų sugeneruotų sekų buvo atrinkta tinkamiausia, sugeneruotas sekas naudojant 10000 atsitiktinai sugeneruotų masyvų, turinčių po 1000 elementų, rikiavimui ir matuojant atliktų palyginimo operacijų aritmetinį vidurkį. Atlikus matavimus, buvo pasirinkta seka 855, 264, 86, 35, 12, 5, 1 (toliau - S1).

4.2. Vidutinio ilgio tarpų sekų generavimas

Antrame etape buvo generuojamos tarpų sekos, kurios efektyvios kai $N = 100000$. Vidutinio ilgio sekų generavimui buvo pasitelktas modifikuotas genetinis algoritmas, naudotas generuojant trumpas tarpų sekas. Tarpų sekos chromosoma buvo modeliuojama kaip 12 sveikų skaičių masyvas. Buvo atsisakyta chromosomų vertinimo naudojant 20 skirtingų masyvų, kadangi tai darė neigiamą įtaką genetinio algoritmo veikimo laikui. Vietoje to, kiekvienos sekos vertinimui buvo naudojami 5 atsitiktinai sugeneruoti 100000 elementų masyvai. GA buvo nurodyta sustoti, kai kartų skaičius pasieks 100. Mutacijos operatorius buvo pakoreguotas ir su $\frac{1}{5}$ tikimybe keitė tam tikrą chromosomą,

pridedant prie atsitiktinai pasirinkto geno reikšmės skaičių $\left[(rand01() - rand01()) * \frac{75}{\sqrt{karta}} \right]$.

GA buvo vykdomas su atsitiktinai sugeneruota 1000 individų populiacija, paskutinius septynis kiekvienos chromosomos genus inicializuojant elementais 855, 264, 86, 35, 12, 5, 1, t.y. sekos, gautos pirmame etape, nariais. Siekiant išlaikyti tinkamiausius sprendinius, buvo pasitelktas elitizmas - didžiausią tinkamumą turinčios 75 chromosomos nekeistos patekdavo į kitą algoritmo iteraciją. Rekombinacijos operatorius buvo taikomas $\frac{1}{2}$ populiacijos kiekvieną algoritmo iteraciją. Tokiu būdu buvo sugeneruota ir atrinkta 10 sekų. Po to iš visų sugeneruotų sekų buvo atrinkta tinkamiausia, naudojant tokį pat metodą kaip ir praėjusio etape, tik pakeitus rikiuojamų masių dydį į 100000. Atlikus matavimus, buvo pasirinkta seka 45794, 17396, 7414, 3136, 1206, 561, 264, 86, 35, 12, 5, 1 (toliau - S2).

5. Eksperimentų vykdymo aplinkos paruošimas

Siekant išmatuoti VŠA bei PŠA atliekamų operacijų skaičių, buvo parengtos modifikuotos šių algoritmų versijos, kurios kaip rezultatą grąžina atliktus palyginimus bei priskyrimus.

Verta pastebėti, jog matuoti veikimo laiką naudojant operacijas skaičiuojančius algoritmus nėra tinkama, kadangi pats operacijų skaičiavimas reikalauja papildomų žingsnių, o tai gali iškreipti gautus rezultatus. Atsižvelgiant į tai, veikimo laiko matavimui naudoti nemodifikuoti VŠA ir PŠA algoritmai. Veikimo laiko matavimai buvo atlikti matuojant sisteminio laiko reikšmę prieš algoritmo vykdymą bei po jo. Šių įverčių skirtumo absoliuti vertė buvo laikoma algoritmo veikimo laiku. Tiesa, toks matavimo būdas nėra idealus, kadangi sisteminis laikas ne visada sutampa su laiku, kurį programa buvo vykdoma (OS bet kada gali atimti procesorių) ir geriausia būtų matuoti laiką, kurį programa naudojo procesorių. Deja, dėl techninių priežasčių to atlikti nebuvo įmanoma, tad buvo apsiribota sisteminio laiko matavimu.

Vykdant eksperimentus buvo pasirinkta naudoti sveikaskaitinius pradinius duomenis, kadangi jų generavimas yra pakankamai paprastas. Tai buvo įgyvendinta naudojant MT19937 pseudoatsitiktinių skaičių generatorių, inicializuotą sisteminio laiko reikšme. Generuojami duomenys buvo tolygiai paskirstyti nuo INT_MIN iki INT_MAX, kas leido žymiai sumažinti duomenų duplikacijos tikimybę.

Eksperimentų vykdymui buvo naudojamas kompiuteris su 2.70 GHz Intel(R) Core(TM) i7-10850H procesoriumi, 32 GB operatyviosios atminties ir Windows 10 operacine sistema. Tyrimas buvo įgyvendintas C++ kalba su MinGW g++ 8.1.0 kompiliatoriumi naudojant -O3 optimizacijos lygį.

6. Tarpų sekų efektyvumo įvertinimas

Šį skyrių sudaro 2 poskyriai. Pirmame poskyryje atliekant eksperimentus yra įvertinamas trumpų tarpų sekų efektyvumas. Antrame poskyryje atliekant eksperimentus yra įvertinamas vidutinio ilgio tarpų sekų efektyvumas.

Iš anksto verta pastebėti, jog ne visos šiame skyriuje tiriamos tarpų sekos iš tiesų yra būtent tokio ilgio, koks pateikiamas šiame darbe. Tačiau būtina atsižvelgti į faktą, jog tai galėtų sukelti nelygias sąlygas atliekamuose matavimuose, kadangi seka, turinti elementų didesnių už maksimalų tiriamą N , atliktų nereikalingas operacijas, o per trumpa seka veiktų neefektyviai. Siekiant standartizuoti tarpų sekų ilgį, buvo pasirinkta kai kurias sekas sutrumpinti (ar pratęsti, jei tam yra žinoma rekursyvi formulė) taip, jog standartizuota seka būtų ilgiausia įmanoma seka, kurios visi elementai mažesni už maksimalų tiriamą N .

Atliekamų matavimų skaičius buvo pasirinktas atsižvelgiant į tame etape tiriamo N dydį: jei N labai mažas, egzistuoja didelė tikimybė jog gautas vidutinis įvertis bus netikslus, matuojant, pavyzdžiui, tik 1000 kartų. Todėl tiriant trumpesnes sekas buvo stengtasi atlikti daugiau matavimų.

Siekiant tiksliau įvertinti sekų efektyvumą, eksperimentai buvo atlikti naudojant ir VŠA, ir PŠA.

6.1. Trumpų tarpų sekų efektyvumo įvertinimas

Trumpų tarpų sekų efektyvumo tyrimui buvo pasirinktos šios tarpų sekos:

- Tokuda: 525, 233, 103, 46, 20, 9, 4, 1 [Tok92]
- Ciura: 701, 301, 132, 57, 23, 10, 4, 1 [Ciu01]
- Simpson-Yachavaram: 893, 219, 83, 36, 13, 4, 1 [SY99]
- Sedgewick: 929, 505, 209, 109, 41, 19, 5, 1 [Sed86]
- Incerpi-Sedgewick: 861, 336, 112, 48, 21, 7, 3, 1 [IS85]
- S1: 855, 264, 86, 35, 12, 5, 1

Atsižvelgiant į santykinai nedidelį duomenų dydį, matavimai buvo atlikti 50000 kartų. Gauti duomenys pateikiami suapvalinus iki šimtosios dalies, 3 geriausi rezultatai su tam tikru N pateikiami pajuodintu šriftu.

6.1.1. Efektyvumo tyrimas naudojant vadovėlinį Šelo algoritmą

1 lentelė. Vidutinis VŠA atliktų palyginimų skaičius naudojant trumpas tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	Sedgewick	I/S	S1
50	289.90	287.76	287.70	293.41	296.37	289.21
100	735.82	733.35	731.49	752.13	759.57	731.87
200	1812.59	1797.92	1798.5	1840.15	1870.94	1793.19
400	4315.6	4276.38	4284.94	4405.07	4464.59	4273.84
800	10061.3	9946.54	9987.18	10260.5	10528.2	9999.9
1000	13128.9	13044.4	13075.4	13395.4	13807.4	13054.4

Kaip galima pastebėti iš 1 lentelės, mažiausiai palyginimų bendru atveju atliko Ciura seka, šiek tiek daugiau - S1 ir Simpson-Yachavaram sekos. Vidutiniški rezultatai gauti su Tokuda seka. Daugiausiai palyginimų atliko Sedgewick ir Incerpi-Sedgewick sekos.

2 lentelė. Vidutinis VŠA atliktų priskyrimų skaičius naudojant trumpas tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	Sedgewick	I/S	S1
50	482.37	473.17	453.48	447.69	487.44	456.58
100	1204.5	1186.33	1137.21	1130.61	1227.55	1135.35
200	2933.02	2862.17	2752.73	2761.21	2977.03	2745.81
400	6898.23	6733.29	6522.93	6629.27	6903.13	6444.15
800	15899.2	15487.9	14758.6	15354.8	15950	14745.8
1000	20707.8	20273.4	19200.7	20089.7	20841.4	19193.6

Mažiausiai priskyrimų, remiantis 2 lentele, atliko S1 seka. Nežymiai daugiau - Simpson-Yachavaram ir Sedgewick sekos. Vidutiniški rezultatai gauti su Tokuda seka. Daugiausiai priskyrimų atliko Tokuda ir Incerpi-Sedgewick sekos.

3 lentelė. Vidutinis VŠA veikimo laikas (μ s) naudojant trumpas tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	Sedgewick	I/S	S1
50	1.00	1.02	1.10	1.01	1.14	0.90
100	3.04	2.87	2.75	2.95	2.74	3.09
200	6.35	6.25	6.32	6.00	7.20	6.37
400	16.39	15.06	14.29	14.20	14.77	14.92
800	39.93	37.60	35.41	38.60	43.22	33.30
1000	45.74	44.30	42.07	42.58	44.44	44.10

Vertinant vidutinį veikimo laiką, pateiktą 3 lentelėje, geriausi rezultatai gauti su Sedgewick ir Simpson-Yachavaram sekomis. Taip pat pakankamai geri rezultatai gauti su Ciura ir S1 sekomis.

Prasčiausi vidutinio veikimo laiko rezultatai, imant bendrai, gauti su Incerpi-Sedgewick ir Tokuda sekomis.

Įvertinant visus kriterijus, šiame etape geriausi rezultatai gauti su Ciura, S1 ir Simpson-Yachavaram sekomis.

6.1.2. Efektyvumo tyrimas naudojant patobulintą Šelo algoritmą

4 lentelė. Vidutinis PŠA atliktų palyginimų skaičius naudojant trumpas tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	Sedgewick	I/S	S1
50	289.85	287.85	287.83	293.70	296.33	289.09
100	736.17	733.32	731.70	751.94	759.47	732.01
200	1812.48	1798.04	1798.66	1840.66	1871.29	1793.03
400	4315.89	4276.20	4284.83	4405.79	4464.40	4273.78
800	10061.00	9945.74	9986.13	10259.80	10525.90	9999.26
1000	13130.80	13044.10	13077.20	13393.00	13807.50	13053.10

Analizuojant atliktų palyginimų skaičių, pateikiamą 4 lentelėje, galima pastebėti, jog mažiausiai palyginimų atliko Ciura seka. Geresni nei vidutiniški rezultatai gauti S1 ir Simpson-Yachavaram sekomis. Vidutiniški rezultatai gauti su Tokuda seka. Daugiausiai palyginimų atliko Sedgewick ir Incerpi-Sedgewick sekos.

5 lentelė. Vidutinis PŠA atliktų priskyrimų skaičius naudojant trumpas tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	Sedgewick	I/S	S1
50	312.13	319.66	322.80	335.37	322.30	323.76
100	791.06	797.73	811.35	853.82	822.16	814.18
200	1931.99	1919.31	1999.55	2061.03	1998.26	1996.21
400	4537.96	4545.12	4731.20	4855.45	4767.84	4720.75
800	10502.10	10587.70	11134.90	11121.30	11396.80	11222.50
1000	13866.10	13819.40	14510.70	14523.70	14868.70	14490.70

Kaip galima pastebėti 5 lentelėje, mažiausiai priskyrimų atliko Tokuda ir Ciura sekos. Vidutiniški rezultatai gauti su S1 ir Simpson-Yachavaram sekomis. Daugiausiai priskyrimų atliko Sedgewick ir Incerpi-Sedgewick sekos.

6 lentelė. Vidutinis PŠA veikimo laikas (μ s) naudojant trumpas tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	Sedgewick	I/S	S1
50	1.30	1.26	1.02	1.32	1.32	1.14
100	3.16	3.16	3.14	3.02	3.36	3.22
200	7.54	7.95	7.54	7.61	8.11	8.00
400	18.52	19.00	17.67	17.29	18.92	18.18
800	42.96	42.60	41.81	40.67	42.23	41.19
1000	56.69	56.88	53.39	53.45	56.38	52.84

Geriausio vidutiniai veikimo laikai, remiantis 6 lentele, gauti su Sedgewick ir Simpson-Yachavaram sekomis. Geresni nei vidutiniai rezultatai gauti su S1 seka, vidutiniškai - su Tokuda ir Ciura sekomis. Ilgiausiai bendru atveju veikė Incerpi-Sedgewick seka.

Įvertinant visus kriterijus, geriausio rezultatai gauti su Tokuda, Ciura ir S1 sekomis.

6.1.3. Gautų rezultatų apibendrinimas

Verta pastebėti, jog patobulintas Šelo algoritmas atliekamų palyginimų skaičiumi teoriškai neturėtų skirtis nuo vadovėlinės implementacijos, tad gauti įverčiai leidžia įvertinti matavimų tikslumą atspindint vidutiniu atveju atliekamų palyginimų skaičių naudojant šias tarpų sekas. Atsižvelgiant į gautus rezultatus, galima teigti, jog matavimai buvo pakankamai tikslūs, kadangi atliktų palyginimų įverčiai naudojant VŠA ir PŠA skiriasi labai nedaug. Taip pat galima pastebėti, jog Ciura seka atlieka mažiausiai palyginimų vidutiniu atveju, kai $N \leq 1000$, kaip ir teigta [Ciu01].

Gauti rezultatai rodo, jog PŠA atlieka žymiai mažiau priskyrimų, nei VŠA - kaip ir teigė [RB13] autoriai. Tirtame režyje gauti įverčiai skiriasi apie 25-40%, priklausomai nuo tarpų sekos ir duomenų dydžio. Taip pat verta pastebėti, jog su PŠA atliktų palyginimų ir priskyrimų skaičiaus santykis artėja prie 1 augant N , priešingai nei naudojant VŠA.

Remiantis šiame tyrimo etape gautais rezultatais, galima pastebėti, jog beveik visi naudojant VŠA gauti veikimo laikai yra geresni už tuos, gautus naudojant PŠA ir kai kuriais atvejais veikimo laikų skirtumai siekia net 20%. Tai yra neįprasta, kadangi lyginant su VŠA, PŠA atlieka apytiksliai tiek pat palyginimų ir žymiai mažiau priskyrimų. Reikia pabrėžti, jog veikimo laiko įverčiai, ypač su mažesniais duomenų dydžiais, nėra labai tikslūs ir priklauso nuo daugelio veiksnių. Tačiau atsižvelgiant į pastebimai prastesnius veikimo laikus, sunku rekomenduoti PŠA nesudėtingų tipų duomenų rikiavimui, kai $N \leq 1000$. Rikiuojant duomenis, kurių priskyrimas brangus, PŠA veikimo laikas tikėtinau būtų geresnis, kadangi jį naudojant atliekama mažiau priskyrimų, tačiau tuo įsitikinti reikėtų atskiro tyrimo.

Galima teigti, jog GA naudojimas trumpų tarpų sekų generavimui duoda gerus rezultatus, kadangi abi GA sugeneruotos sekos (Simpson-Yachavaram ir S1) vidutiniu atveju atliko daugiau palyginimų tik už Ciura seką ir buvo vienos geriausių vertinant atliktų priskyrimų skaičių naudojant VŠA bei vidutinį veikimo laiką. Tiesa, GA sugeneruotos sekos nėra be trūkumų: lyginant su To-

kuda ir Ciura sekomis, kurios atlieka daugiau priskyrimų naudojant VŠA, GA sugeneruotos sekos atlieka žymiai daugiau priskyrimų naudojant PŠA. Tai sukelia klausimų dėl jų efektyvumo atliekamų priskyrimų atžvilgiu, kadangi PŠA pašalina tik nereikalingai atliekamus priskyrimus.

Apibendrinant, efektyviausios šiame etape vertintos sekos yra Ciura ir S1, nes abiejose efektyvumo tyrimo dalyse jas naudojant gauti rezultatai buvo vieni geriausių. Tiesa, dėl aukščiau aptartų priežasčių, efektyvesne yra laikoma Ciura seka.

6.2. Vidutinio ilgio tarpų sekų efektyvumo įvertinimas

Vidutinio ilgio tarpų sekų efektyvumo tyrimui buvo pasirinktos šios tarpų sekos:

- Tokuda: 68178,30301,13467,5985,2660,1182,525,233,103,46,20,9,4,1 [Tok92]
- Ciura: 90927,40412,17961,7983,3548,1577,701,301,132,57,23,10,4,1 [Ciu01]
- Simpson-Yachavaram: 38291,22927,8992,3568,1488,893,219,83,36,13,4,1 [SY99]
- Incerpi-Sedgewick: 86961,33936,13776,4592,1968,861,336,112,48,21,7,3,1 [IS85]
- Sedgewick: 64769,36289,16001,8929,3905,2161,929,505,209,109,41,19,5,1 [Sed86]
- Roos et al.: 91433,72985,13229,5267,2585,877,155,149,131,23,8,1 [RBH⁺02]
- S2: 45794,17396,7414,3136,1206,561,264,86,35,12,5,1

Atsižvelgiant į duomenų dydį, matavimai buvo atlikti 10000 kartų. Gauti duomenys pateikiami suapvalinus iki sveikosios dalies, 3 geriausi rezultatai su tam tikru N pateikiami pajuodintu šriftu.

6.2.1. Efektyvumo tyrimas naudojant vadovėlinį Šelo algoritmą

7 lentelė. Vidutinis VŠA atliktų palyginimų skaičius naudojant vidutinio ilgio tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	I/S	Sedgewick	R/B/H/Z	S2
5000	86930	86490	88075	93869	89056	102065	87131
10000	192625	191703	195221	209514	197067	225459	193092
20000	423598	421301	429228	465748	433320	493530	423824
40000	922922	918490	936240	1032259	943633	1070908	923609
80000	1999095	1992131	2033327	2273358	2045446	2317061	2002290
100000	2564038	2552126	2605061	2923557	2623763	2959526	2563334

Kaip galima pastebėti 7 lentelėje, mažiausiai palyginimų bendru atveju atliko Ciura seka, šiek tiek daugiau - Tokuda ir S2 sekos. Vidutiniški rezultatai gauti su Simpson-Yachavaram ir Sedgewick sekomis. Daugiausiai palyginimų atliko Incerpi-Sedgewick ir Roos et al. sekos.

8 lentelė. Vidutinis VŠA atliktų priskyrimų skaičius naudojant vidutinio ilgio tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	I/S	Sedgewick	R/B/H/Z	S2
5000	134747	132482	129043	138209	133685	140459	129181
10000	296787	292056	284474	306461	295196	311298	284895
20000	648807	638480	623546	672463	650675	680242	622844
40000	1407318	1385991	1358871	1473610	1414589	1466640	1352658
80000	3034012	3001389	2959087	3214096	3072581	3127946	2925254
100000	3888404	3836014	3777087	4124557	3941499	4007456	3735445

Mažiausiai priskyrimų, remiantis 8 lentele, atliko Simpson-Yachavaram ir S2 sekos. Nedaug atsiliko Ciura seka. Vidutiniški rezultatai gauti su Tokuda ir Sedgewick sekomis. Daugiausiai priskyrimų atliko Incerpi-Sedgewick ir Roos et al. sekos.

9 lentelė. Vidutinis VŠA veikimo laikas (μ s) naudojant vidutinio ilgio tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	I/S	Sedgewick	R/B/H/Z	S2
5000	312	310	294	330	311	296	314
10000	707	702	671	690	695	618	688
20000	1611	1550	1515	1577	1484	1345	1477
40000	4207	4274	4067	4273	4239	3728	4135
80000	9638	9363	8541	9064	9132	8058	8745
100000	13810	12058	11077	11652	11976	9225	9314

Geriausio veikimo laikai, pateikiami 9 lentelėje, pastebimi su Roos et al. seka. S2 ir Simpson-Yachavaram sekų rezultatai taip pat geri. Vidutiniški rezultatai gauti su Incerpi-Sedgewick, Sedgewick ir Ciura sekomis. Ilgiausiai veikė Tokuda seka.

Vertinant visus kriterijus, geriausio rezultatai gauti su Ciura, Tokuda ir S2 sekomis.

6.2.2. Efektyvumo tyrimas naudojant patobulintą Šelo algoritmą

10 lentelė. Vidutinis PŠA atliktų palyginimų skaičius naudojant vidutinio ilgio tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	I/S	Sedgewick	R/B/H/Z	S2
5000	86926	86499	88071	93852	89060	102054	87125
10000	192624	191711	195229	209574	197045	225524	193106
20000	423593	421326	429232	465791	433302	493515	423825
40000	922899	918450	936191	1032317	943633	1071022	923625
80000	1998794	1992412	2033313	2272227	2045555	2317464	2002261
100000	2564388	2551823	2605193	2923248	2624057	2959855	2563352

Remiantis rezultatais, pateikiamais 10 lentelėje, mažiausiai palyginimų su visais duomenų dydžiais atliko Ciura seka. Geresni nei vidutiniai rezultatai gauti su Tokuda ir S2 sekomis. Vidutiniškai rezultatai gauti su Simpson-Yachavaram ir Sedgewick sekomis. Daugiausiai palyginimų atliko Incerpi-Sedgewick ir Roos et al. sekos.

11 lentelė. Vidutinis PŠA atliktų priskyrimų skaičius naudojant vidutinio ilgio tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	I/S	Sedgewick	R/B/H/Z	S2
5000	91607	91536	96002	101234	94353	110577	94638
10000	201994	202938	213152	226716	208567	243602	209125
20000	443461	447218	469964	503670	455367	529908	459749
40000	967300	979059	1019801	1120974	991883	1161681	1005877
80000	2099578	2125122	2209278	2479564	2137726	2521194	2179979
100000	2691737	2709969	2831031	3181857	2741611	3209010	2796455

Vertinant atliktus priskyrimus, geriausi rezultatai, pateikiami 11 lentelėje, buvo gauti su Tokuda seka. Taip pat geri rezultatai gauti su Ciura ir Sedgewick sekomis. Vidutiniškai rezultatai gauti su Simpson-Yachavaram ir S2 sekomis. Daugiausiai priskyrimų atliko Incerpi-Sedgewick ir Roos et al. sekos.

12 lentelė. Vidutinis PŠA veikimo laikas (μ s) naudojant vidutinio ilgio tarpų sekas

N	Tokuda	Ciura	S/Y	I/S	Sedgewick	R/B/H/Z	S2
5000	289	284	307	325	335	300	301
10000	758	773	732	753	666	601	716
20000	1559	1635	1594	1628	1647	1468	1523
40000	3810	3483	3426	3630	3451	3124	3441
80000	8956	8875	8077	9163	9153	7673	8767
100000	11080	11200	11228	12138	12006	10361	11283

Nagrinėjant vidutinį veikimo laiką, pateikiamą 12 lentelėje, bendru atveju greičiausiai veikė Roos et al. seka. Sekos S2 rezultatai taip pat pakankamai geri. Vidutiniškai rezultatai gauti su Simpson-Yachavaram, Tokuda ir Ciura sekomis. Lėčiausiai veikė Incerpi-Sedgewick ir Sedgewick sekos.

Vertinant visus kriterijus, geriausi rezultatai gauti su Ciura ir Tokuda sekomis.

6.2.3. Gautų rezultatų apibendrinimas

Kaip ir tiriant trumpas tarpų sekas, VŠA ir PŠA atliekamų palyginimų įverčiai beveik nesiskiria - net ir su $N = 100000$, maksimalus skirtumas yra mažesnis nei 1%, tad galima teigti, jog atlikti matavimai buvo pakankamai tikslūs.

Pagal gautus rezultatus, Ciura seka atliko mažiausiai palyginimų, kas dalinai pateisina autoriaus spėjimą [Ciu01], jog seką 701,301,132,57,23,10,4,1 pratęsus bus gauta palyginimų atžvilgiu optimali seka ir didesniems N .

Kaip ir tiriant trumpas tarpų sekas, PŠA atlieka ženkliai mažiau priskyrimų, nei VŠA. Tirtame režyje gauti įverčiai skiriasi apie 25-40%, priklausomai nuo tarpų sekos ir duomenų dydžio. Naudojant PŠA atliktų palyginimų ir priskyrimų skaičiaus santykis toliau artėja prie 1 augant N .

Kitaip nei tiriant trumpas tarpų sekas, PŠA veikimo laikai šioje tyrimo dalyje yra palankesni. Tiesa, su tam tikromis tarpų sekomis pastebimi atvejai, kuriais PŠA veikia iki 20% lėčiau, nei VŠA. Tačiau duomenų dydžiui augant, palyginimų atžvilgiu optimalios sekos (Tokuda ir Ciura) naudojant PŠA veikia 5-20% greičiau, nei naudojant VŠA. Remiantis šiais ir anksčiau pateiktais pastebėjimais, galima daryti išvadą, jog PŠA negarantuoja geresnio veikimo laiko. Pagal gautus duomenis, PŠA atliekant tą patį operacijų skaičių veikia lėčiau, nei VŠA, tad geresnis veikimo laikas pastebimas tik su sekomis, kurių atliekamas priskyrimų skaičius naudojant PŠA stipriai sumažėja.

Gauti rezultatai rodo, jog Roos et al. seka, kaip ir teigta [RBH⁺02], veikia greičiau už Sedgewick ir Simpson-Yachavaram sekas, bent jau kai $N \leq 100000$, o pradiniai duomenys - sveiki skaičiai. Iš tiesų, ši seka pagal gautus rezultatus yra absoliuti lyderė vertinant vidutinį veikimo laiką, tačiau būtina atsižvelgti į faktą, jog ji atlieka labai daug operacijų, tad yra tikėtina, jog rikiuojant duomenis, kurių priskyrimas ar palyginimas yra brangus, gauti veikimo laiko rezultatai nebūtų tokie palankūs.

Simpson-Yachavaram seka, kaip ir teigė [SY99] autoriai, su visais duomenų dydžiais atlieka mažiau palyginimų ir bendru atveju veikia greičiau, nei Sedgewick seka. Reikia pastebėti, jog naudojant VŠA Simpson-Yachavaram seka atlieka mažiau priskyrimų nei Sedgewick seka su visais duomenų dydžiais, bet naudojant PŠA situacija yra visiškai priešinga. Įvertinant gautus rezultatus, darosi aišku, jog sekos, kurios su VŠA atlieka labai mažai priskyrimų, su PŠA didelės naudos negauna, kadangi ir taip vienu ar kitu būdu atlieka mažiau nereikalingų priskyrimų. Taip pat galima daryti prielaidą, jog šios optimizacijos kaina yra didesnis priskyrimų, atliekamų iš tikrųjų sukeičiant elementus, skaičius, kurį ir galima pastebėti naudojant PŠA.

Galima teigti, jog GA naudojimas vidutinio ilgio tarpų sekų generavimui duoda pakankamai gerus rezultatus: nors nė viena iš GA sugeneruotų sekų (Simpson-Yachavaram, Roos et al. ir S2) nelenkia Tokuda ir Ciura sekų vertinant atliktus palyginimus, S2 ir Simpson-Yachavaram sekos naudojant VŠA atlieka mažiau priskyrimų, o Roos et al. seka, kaip ir minėta anksčiau, veikia labai greitai.

Apibendrinant, efektyviausios šiame etape vertintos sekos yra Ciura ir Tokuda, kadangi tiek su VŠA, tiek su PŠA naudojant jas buvo gauti geriausi rezultatai. Dėl mažesnio atliekamų palyginimų skaičiaus, efektyvesne yra laikoma Ciura seka.

Išvados

Sunku nuspręsti, ar galima rekomenduoti patobulintą Šelo algoritmą praktiniams taikymams visais atvejais. Viena vertus, gauti rezultatai rodo, jog šis algoritmas tikrai atlieka mažiau priskyrimų, nei vadovėlinė implementacija. Kita vertus, gauti vidutinio veikimo laiko įverčiai yra nenuspėjami ir kai kuriais atvejais blogesni, nei vadovėlinės implementacijos. Panašu, jog norint atsakyti į šį klausimą, reikėtų atskiro abiejų versijų veikimo laiko tyrimo, kurį taip pat derėtų atlikti sistemoje, leidžiančioje tiksliai išmatuoti panaudotą procesoriaus laiką.

Reikia pastebėti, jog tarpų sekų efektyvumo vertinimui patobulintas Šelo algoritmas yra tinkamas. Kadangi šis algoritmas pašalina nereikalingai atliekamus priskyrimus, yra daug lengviau nustatyti, kurios tarpų sekos yra efektyviausios, kadangi atliekamų priskyrimų skaičius naudojant šį algoritmą priklauso tik nuo pačios tarpų sekos. Tokiu būdu vertinant sekas galima atsiriboti nuo konkrečios implementacijos subtilybių, laikant jog efektyvi seka paprasčiausiai turi atlikti kuo mažiau palyginimų ir priskyrimų.

Įvertinant gautus rezultatus, galima teigti, jog genetiniai algoritmai yra tinkamas metodas efektyvių tarpų sekų radimui. Darbo metu sugeneruotos tarpų sekos S1 ir S2 lyginant su literatūroje pateiktomis sekomis pasirodė gerai, tačiau nėra pačios efektyviausios. Autoriaus nuomone, tai tikrai nėra geriausios sekos, kurias galima sugeneruoti naudojant genetinius algoritmus - ateityje pasitelkiant darbo metu įgytas žinias būtų galima tarpų sekų generavimo procesą patobulinti. Pavyzdžiui, siekiant rasti efektyvesnes sekas, galėtų būti parengtas genetinis algoritmas, kuris naudojant patobulintą Šelo algoritmą optimizuotų tarpų sekų atliekamus palyginimus ir priskyrimus.

Bendru atveju galima rekomenduoti Ciura tarpų seką, kadangi ji remiantis atliktu vertinimu yra efektyviausia. Tiesa, nėra visiškai aišku, kas prarandama renkantis mažiau efektyvią tarpų seką. Pavyzdžiui, Roos et al. tarpų seka yra neefektyvi (atlieka labai daug operacijų), tačiau veikia greičiau už kitas tirtas tarpų sekas. Ieškant atsakymo į šį klausimą, reikėtų ištirti Šelo algoritmo veikimo laiko priklausomybę nuo rikiuojamų duomenų tipo, kas leistų įvertinti, kokią įtaką veikimo laikui turi palyginimo ir priskyrimo operacijų kaina.

Šelo algoritmu rikiuojant nedidelius ($N \leq 1000$) duomenų dydžius, galima rekomenduoti Ciura ir S1 tarpų sekas, kadangi jos atlieka mažiausiai palyginimų ir yra efektyviausios. Atsižvelgiant į prastesnę patobulinto Šelo algoritmo veikimo laiką, rekomenduojama rinktis vadovėlinę Šelo algoritmo versiją.

Šelo algoritmu rikiuojant didesnius ($1000 \leq N \leq 100000$) duomenų dydžius, galima rekomenduoti Ciura ir Tokuda tarpų sekas, kadangi jos atlieka mažiausiai palyginimų ir yra efektyviausios. Taip pat šiuo atveju galima rekomenduoti ir patobulintą Šelo algoritmo versiją, kadangi ją pasitelkiant atliekama mažiau priskyrimų bei dažnu atveju pastebimas geresnis veikimo laikas, nei naudojant vadovėlinę versiją.

Literatūra

- [Aut09] The Go Authors. sort/sort.go. 2009. URL: <https://golang.org/src/sort/sort.go> (tikrinta 2021-05-24).
- [BFM06] Michael A Bender, Martin Farach-Colton ir Miguel A Mosteiro. Insertion sort is $O(n \log n)$. *Theory of Computing Systems*, 39(3):391–397, 2006.
- [Ciu01] Marcin Ciura. Best increments for the average case of shellsort. *International Symposium on Fundamentals of Computation Theory*, p.p. 106–117. Springer, 2001.
- [CK80] Curtis R. Cook ir Do Jin Kim. Best Sorting Algorithm for Nearly Sorted Lists. *Commun. ACM*, 23(11):620–624, 1980-11. ISSN: 0001-0782. DOI: 10.1145/359024.359026. URL: <https://doi.org/10.1145/359024.359026>.
- [ERR94] Agoston E Eiben, P-E Raue ir Zs Ruttkay. Genetic algorithms with multi-parent recombination. *International conference on parallel problem solving from nature*, p.p. 78–87. Springer, 1994.
- [FG15] Neetu Faujdar ir Satya Prakash Ghrera. Analysis and Testing of Sorting Algorithms on a Standard Dataset. *2015 Fifth International Conference on Communication Systems and Network Technologies*, p.p. 962–967, 2015. DOI: 10.1109/CSNT.2015.98.
- [For64] G. E. Forsythe. Algorithms. *Commun. ACM*, 7(6):347–349, 1964-06. ISSN: 0001-0782. DOI: 10.1145/512274.512284. URL: <https://doi.org/10.1145/512274.512284>.
- [GK72] David Gale ir Richard M. Karp. A phenomenon in the theory of sorting. *Journal of Computer and System Sciences*, 6(2):103–115, 1972. ISSN: 0022-0000. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0022-0000\(72\)80016-3](https://doi.org/10.1016/S0022-0000(72)80016-3). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022000072800163>.
- [HAA⁺19] Ahmad Hassanat, Khalid Almohammadi, Esra’ Alkafaween, Eman Abunawas, Aw-ni Hammouri ir VB Prasath. Choosing mutation and crossover ratios for genetic algorithms—a review with a new dynamic approach. *Information*, 10(12):390, 2019.
- [HGL⁺06] Gregory Hornby, Al Globus, Derek Linden ir Jason Lohn. Automated antenna design with evolutionary algorithms. *Space 2006*, p. 7242. 2006.
- [Hol92] John Henry Holland. *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. MIT press, 1992.
- [IS85] Janet Incerpi ir Robert Sedgewick. Improved upper bounds on Shellsort. *Journal of Computer and System Sciences*, 31(2):210–224, 1985.
- [Knu70] Donald E. Knuth. Von Neumann’s First Computer Program. *ACM Comput. Surv.*, 2(4):247–260, 1970-12. ISSN: 0360-0300. DOI: 10.1145/356580.356581. URL: <https://doi.org/10.1145/356580.356581>.

- [Knu72] Donald E Knuth. Ancient babylonian algorithms. *Communications of the ACM*, 15(7):671–677, 1972.
- [LKM⁺96] Pedro Larranaga, Cindy MH Kuijpers, Roberto H Murga ir Yosu Yurramendi. Learning Bayesian network structures by searching for the best ordering with genetic algorithms. *IEEE transactions on systems, man, and cybernetics-part A: systems and humans*, 26(4):487–493, 1996.
- [MAM⁺17] Arash Mohammadi, Houshyar Asadi, Shady Mohamed, Kyle Nelson ir Saeid Nahavandi. OpenGA, a C++ Genetic Algorithm Library. *Systems, Man, and Cybernetics (SMC), 2017 IEEE International Conference on*, p.p. 2051–2056. IEEE, 2017.
- [Mas11] Joanna Masel. Genetic drift. *Current Biology*, 21(20):R837–R838, 2011.
- [PPS92] C. G. Plaxton, B. Poonen ir T. Suel. Improved lower bounds for Shellsort. *Proceedings., 33rd Annual Symposium on Foundations of Computer Science*, p.p. 226–235, 1992. doi: 10.1109/SFCS.1992.267769.
- [Pra72] Vaughan R Pratt. Shellsort and sorting networks. Tech. atask., STANFORD UNIV CA DEPT OF COMPUTER SCIENCE, 1972.
- [RB13] Irmantas Radavičius ir Mykolas Baranauskas. An empirical study of the gap sequences for Shell sort. *Lietuvos matematikos rinkinys*, 54(A):61–66, 2013-12. doi: 10.15388/LMR.A.2013.14. URL: <https://www.journals.vu.lt/LMR/article/view/14899>.
- [RBH⁺02] Robert S Roos, Tiffany Bennett, Jennifer Hannon ir Elizabeth Zehner. A genetic algorithm for improved shellsort sequences. *Proceedings of the 4th Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation*, p.p. 694–694, 2002.
- [Sed86] Robert Sedgewick. A new upper bound for Shellsort. *Journal of Algorithms*, 7(2):159–173, 1986. ISSN: 0196-6774. doi: [https://doi.org/10.1016/0196-6774\(86\)90001-5](https://doi.org/10.1016/0196-6774(86)90001-5). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0196677486900015>.
- [Sew10] Julian Seward. bzip2/blocksort.c. 2010. URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/IEB/ToolBox/CPP_DOC/lxr/source/src/util/compress/bzip2/blocksort.c#L519 (tikrinta 2021-05-24).
- [She59a] D. L. Shell. A High-Speed Sorting Procedure. *Commun. ACM*, 2(7):30–32, 1959-07. ISSN: 0001-0782. doi: 10.1145/368370.368387. URL: <https://doi.org/10.1145/368370.368387>.
- [She59b] Donald L. Shell. A high-speed sorting procedure. *Communications of the ACM*, 2(7):30–32, 1959.
- [SY99] Richard Simpson ir Shashidhar Yachavaram. Faster shellsort sequences: A genetic algorithm application. *Computers and Their Applications*, p.p. 384–387, 1999.

- [Tin05] Chuan-Kang Ting. On the mean convergence time of multi-parent genetic algorithms without selection. *European Conference on Artificial Life*, p.p. 403–412. Springer, 2005.
- [Tok92] Naoyuki Tokuda. An Improved Shellsort. *Proceedings of the IFIP 12th World Computer Congress on Algorithms, Software, Architecture - Information Processing '92, Volume 1 - Volume I*, p.p. 449–457, NLD. North-Holland Publishing Co., 1992. ISBN: 044489747X.
- [Tur37] Alan Mathison Turing. On computable numbers, with an application to the Entscheidungsproblem. *Proceedings of the London mathematical society*, 2(1):230–265, 1937.
- [Wei91] Mark Allen Weiss. Short Note: Empirical study of the expected running time of Shellsort. *The Computer Journal*, 34(1):88–91, 1991.
- [Whi94] Darrell Whitley. A genetic algorithm tutorial. *Statistics and computing*, 4(2):65–85, 1994.
- [WWG51] Maurice V Wilkes, David J Wheeler ir Stanley Gill. *The Preparation of Programs for an Electronic Digital Computer: With special reference to the EDSAC and the Use of a Library of Subroutines*. Addison-Wesley, 1951.