DOI: 10.65322/j.srd.05192026.91

GENETIK ALGORITM ASOSIDA DARS JADVALINI TUZISHDA ADAPTIV VA O‘ZGARMAS MUTATSIYA EHTIMOLLARINI TAQQOSLASH

To‘xtasinov M.T., *PhD, dotsent,*
Raqamli texnologiyalar kafedrasi,
E-mail: mumtozali@yahoo.com,
Namangan davlat texnika universiteti
Xusainov I.J., *o‘qituvchi,*
Biznes boshqaruvi kafedrasi,
E-mail: me.ilyos101@gmail.com,
Turan International University

Annotatsiya: *Maqolada genetik algoritm asosida dars jadvalini tuzish uchun taklif etilgan adaptiv mutatsiya qoidasi o‘zgarmas mutatsiya ehtimollari bilan teng hisoblash resursida (jarima funksiyasini 98 050 marta hisoblash) taqqoslanadi. 60 va 120 darsdan iborat 30 ta sun’iy test misolida beshta variant sinaldi: 0,05, 0,10 va 0,20 o‘zgarmas ehtimollar, adaptiv qoida hamda uning o‘rtacha ehtimoliga teng o‘zgarmas variant. Har bir variant har bir test misolida 10 martadan ishga tushirildi, yakuniy jarimalar Fridman testi, Xolm tuzatishi va Vilkokson mezoni yordamida taqqoslandi. Ikkala o‘lchamdagi test misollarida eng kichik jarimani 0,05 ehtimol berdi. Adaptiv qoida barcha test misollarida uchala o‘zgarmas ehtimoldan yomonroq natija ko‘rsatdi, biroq 0,20 bilan farq faqat qo‘shimcha tahlilda ahamiyatli bo‘ldi. Adaptiv qoidada mutatsiya ehtimoli avlodlarning 98 foizidan ko‘prog‘ida 0,3 dan kam bo‘lmadi. Ko‘rilgan sharoitlarda adaptiv qoida ustunlik bermadi; past o‘zgarmas ehtimol tanlash yoki qoidaning yuqori chegarasini kamaytirish tavsiya etiladi.*

Аннотация: *В статье адаптивное правило мутации, предложенное для составления расписания занятий на основе генетического алгоритма, сравнивается с фиксированными вероятностями мутации при одинаковых вычислительных затратах (98 050 вычислений функции штрафа). На 30 синтетических тестовых примерах с 60 и 120 занятиями испытаны пять вариантов: вероятности 0,05, 0,10 и 0,20, адаптивное правило и фиксированная вероятность, равная средней вероятности этого правила. Каждый вариант запускался 10 раз на каждом примере; итоговые штрафы сравнивались с помощью теста Фридмана с поправкой Холма и критерия Уилкоксона. Для обоих размеров задач наименьший штраф дала вероятность 0,05. Адаптивное правило на всех примерах уступило всем трём фиксированным вероятностям, однако отличие от 0,20 оказалось значимым лишь в дополнительном анализе. Вероятность мутации при адаптивном правиле была не ниже 0,3 более чем в 98 % поколений. В рассмотренных условиях адаптивное правило преимуществ не дало; рекомендуется низкая фиксированная вероятность или снижение верхней границы правила.*

Abstract: *The paper compares an adaptive mutation rule, previously proposed for genetic-algorithm-based university course timetabling, with fixed mutation rates under the same computational budget of 98,050 penalty evaluations. Five variants were tested on 30 synthetic test instances with 60 and 120 lessons: fixed rates of 0.05, 0.10 and 0.20, the adaptive rule, and a fixed rate equal to the rule's average rate. Each variant was run 10 times on each instance, and final penalties were compared using the Friedman test with Holm correction and the Wilcoxon signed-rank test. The rate of 0.05 gave the lowest penalty for both problem sizes. The adaptive rule performed worse than all three fixed rates on every instance, although the difference from 0.20 was significant only in the secondary analysis. The rule's mutation rate stayed at 0.3 or higher in more than 98% of generations. Under these conditions the adaptive rule offered no advantage; a low fixed rate or a lower upper bound for the rule is recommended.*

DOI: 10.65322/j.srd.05192026.91

Kalit so‘zlar: *dars jadvali, genetik algoritm, mutatsiya ehtimoli, parametrlarni adaptiv boshqarish, metaevristik usullar, qattiq cheklovlar.*

Ключевые слова: *расписание занятий, генетический алгоритм, вероятность мутации, адаптивное управление параметрами, метаэвристики, жёсткие ограничения.*

Keywords: *university course timetabling, genetic algorithm, mutation rate, adaptive parameter control, metaheuristics, hard constraints.*

Kirish. Oliy ta’lim muassasalarida dars jadvalini tuzishda bir guruh, bir o‘qituvchi yoki bir xonaga tegishli darslar bir vaqtga to‘g‘ri kelmasligi shart, o‘qituvchilarning bo‘sh paralari («oynalar») va kechki darslar esa imkon qadar kam bo‘lishi lozim. Dars jadvalini tuzish murakkab kombinator optimallashtirish masalasi bo‘lib, umumiy holda NP-to‘liq masalalar sinfiga kiradi [1], shuning uchun amaliyotda genetik algoritmlar (GA) va boshqa metaevristik usullar keng qo‘llaniladi [2, 3]. GA samaradorligi uning parametrlariga, xususan, mutatsiya ehtimoliga bog‘liq. Parametrlarni algoritm ishlashi davomida boshqarish usullari deterministik, adaptiv va o‘z-o‘zini moslashtiruvchi (self-adaptive) turlarga ajratiladi [4]; bu yo‘nalishdagi ishlar va ularning metodologik muammolari [5] da sharhlangan. Masalan, [6] da krossover va mutatsiya ehtimollari yechimlarning fitnes qiymatlariga qarab o‘zgartiriladi.

[7–10] ishlarda dars jadvalini avtomatik tuzish masalasi genetik algoritm asosida o‘rganilgan, [11] da esa o‘quv xonasini tanlash modeli taklif etilgan. Ulardan birida mutatsiya darajasini yaxshilanishsiz o‘tgan avlodlar soniga qarab oshiradigan adaptiv qoida berilgan [7,9], biroq uning samaradorligi hisoblash tajribasida baholanmagan. Ishning maqsadi – ushbu qoida teng hisoblash resursida o‘zgarmas mutatsiya ehtimollariga nisbatan kichikroq yakuniy jarima berishini sun’iy test misollarida tekshirishdan iborat. Tajriba rejasi asosiy hisoblashlardan oldin yozib qo‘yilgan, keyingi o‘zgarishlar esa sanasi bilan alohida qayd etilgan.

Usullar. *Test misollari.* Tasodifiy sonlar generatori yordamida har bir o‘lcham uchun 15 tadan sun’iy test misoli yaratildi; haqiqiy universitet jadvalidan foydalanilmadi. Kichik test misolida 60 dars, 6 guruh, 8 o‘qituvchi va 4 xona, katta test misolida esa 120 dars, 12 guruh, 16 o‘qituvchi va 8 xona mavjud. Haftada 20 ta vaqt oralig‘i (5 kun × 4 para) bor. Har bir guruhda beshta fan bo‘lib, har bir fan bo‘yicha bittadan ma’ruza va amaliy mashg‘ulot o‘tiladi. Har bir darsga guruh, o‘qituvchi va xona oldindan biriktirilgan (xona tanlash bu ishda ko‘rilmaydi), algoritm faqat dars vaqtini tanlaydi. Har bir test misoli uchun avval konfliktsiz jadval tuziladi; u algoritmga berilmaydi, lekin konfliktsiz yechim mavjudligini kafolatlaydi.

Jarima funksiyasi. [7] dagi $F = \text{Base} - (w_1C_1 + \ldots + w_5C_5)$ ko‘rinishdagi fitnes funksiyasi o‘rniga unga teng kuchli bo‘lgan jarima funksiyasini minimallashtirish qo‘llanildi:

$$F = 1\,000 \cdot C_1 + C_2 + C_3 + C_5 \qquad (1)$$

bu yerda C_1 – qattiq cheklovlar buzilishi, ya’ni konfliktlar soni: bir vaqt oralig‘iga qo‘yilgan har ikki dars uchun ularning guruhi umumiy bo‘lsa 1, o‘qituvchisi umumiy bo‘lsa 1 va xonasi umumiy bo‘lsa 1 jarima qo‘shiladi [7, 5-bo‘lim, 140-bet]; demak, ikki dars bir yo‘la bir nechta konflikt hosil qilishi mumkin. Qolgan ko‘rsatkichlar yumshoq cheklovlarga tegishli: C_2 – o‘qituvchilarning kunlik birinchi va oxirgi darslari orasidagi bo‘sh paralar («oynalar») soni; C_3 – kunning oxirgi (4-) parasiga qo‘yilgan darslar soni; C_5 – bir guruhning bir fani bo‘yicha amaliy mashg‘ulot o‘sha kunning o‘zida ma’ruzadan oldin qo‘yilgan holatlar soni. [7] da C_2, C_3, C_5 ning aniq ta’riflari va vazn koeffitsiyentlari berilmagani uchun ular mualliflar tomonidan belgilandi. Har bir test misolida $C_2 + C_3 + C_5$ ning yuqori chegarasi 1 000 dan kichikligi tekshirildi, shu sababli bitta konflikt barcha yumshoq jarimalar yig‘indisidan og‘irroq. O‘qituvchi ish yuki nomuvozanati C_4 faqat dars vaqtlari o‘zgaradigan modelda o‘zgarmas bo‘lgani uchun hisobga olinmadi.

DOI: 10.65322/j.srd.05192026.91

Genetik algoritm. Xromosoma dars jadvalining bitta variantini ifodalaydi [7]; uning har bir geni bitta darsning vaqt oralig‘ini bildiradi. Populyatsiya 50 ta xromosomadan iborat; dastlabki populyatsiyada har bir gen 20 ta vaqt oralig‘idan teng ehtimol bilan tanlanadi. Ota-ona xromosomalar 3 ishtirokchili turnir tanlovi orqali aniqlanadi (qaytarib tanlashga ruxsat beriladi; jarimalar teng bo‘lsa, birinchi tanlangan xromosoma yutadi). Bir tekis (uniform) krossover har doim qo‘llaniladi: farzand xromosomaning har bir geni teng ehtimol bilan ota-onalardan biridan olinadi. Mutatsiyada har bir gen r ehtimol bilan tasodifiy tanlangan yangi vaqt oralig‘iga almashtiriladi (yangi vaqt avvalgisi bilan bir xil chiqishi mumkin). Eng yaxshi xromosoma keyingi avlodga o‘zgarishsiz o‘tadi (elitizm), qolgan 49 tasi yangidan hosil qilinadi. Shunday qilib, bitta ishga tushirishda jarima funksiyasi $50 + 49 \times 2\,000 = 98\,050$ marta hisoblanadi; konfliktsiz jadval topilgandan keyin ham hisoblash to‘xtatilmaydi. Bir test misoli va tasodifiy sonlar generatorining bir boshlang‘ich qiymati (seed) uchun barcha variantlarda dastlabki populyatsiya va tasodifiy sonlar ketma-ketligi bir xil, ya’ni variantlar faqat mutatsiya ehtimoli bilan farq qiladi.

Tajriba variantlari. F05, F10 va F20 variantlarida mutatsiya ehtimoli butun ishga tushirish davomida mos ravishda 0,05, 0,10 va 0,20 ga teng. ADV (adaptiv) variantida [7] dagi qoida qo‘llaniladi:

$$r_t = \max(0{,}05;\ 0{,}9 \cdot r_{t-1} + 0{,}1 \cdot m_t), \quad m_t = \min(0{,}5;\ 0{,}1 + 0{,}02 \cdot s_t) \tag{2}$$

bu yerda s_t – turg‘unlik hisoblagichi, ya’ni eng yaxshi jarima kamaymagan ketma-ket avlodlar soni: t-avlodda eng yaxshi jarima qat’iy kamaygan bo‘lsa $s_t = 0$, aks holda $s_t = s_{t-1} + 1$. Boshlanishda $s_0 = 0$ va $r_0 = 0{,}10$; 1-avlodda r_0, t-avlod oxirida hisoblangan r_t esa $(t + 1)$-avlodda ishlatiladi. Turg‘unlik ta’rifi, r_0 qiymati va indekslash tartibi [7] da ko‘rsatilmagani uchun mualliflar tomonidan belgilandi. (2) formulaga ko‘ra turg‘unlik uzluksiz davom etsa, ehtimol 10, 20 va 50 avloddan keyin mos ravishda 0,18, 0,34 va 0,49 ga yetadi. MATCH variantida mutatsiya ehtimoli o‘zgarmas bo‘lib, ADV ishga tushirishlaridagi o‘rtacha ehtimolga teng olinadi. Bu variant natijaga adaptatsiyaning o‘zi yoki faqat ehtimolning o‘rtacha qiymati ta’sir qilishini ajratib ko‘rsatish uchun kiritildi. Mazkur qiymat ADV hisoblashlari tugagach, MATCH hisoblashlaridan oldin aniqlandi: 60 darsda 0,4905, 120 darsda 0,4907. Har bir test misoli va variant uchun 10 tadan ishga tushirish bajarildi, jami $30 \times 5 \times 10 = 1\,500$ ta.

Konstruktiv boshlanish tekshiruvi. [9,10] da dastlabki populyatsiya darslarni bo‘sh vaqt oraliqlariga konfliktsiz joylashtirish orqali hosil qilinadi. Shu yondashuv ta’sirini ko‘rish uchun 60 darsli 15 ta test misolida barcha variantlar konstruktiv boshlanish bilan ham sinaldi (750 ta ishga tushirish). Bunda darslar tasodifiy tartibda joylashtiriladi: konflikt hosil qilmaydigan vaqt oraliqlari bo‘lsa, ulardan biri teng ehtimol bilan tanlanadi, aks holda eng kam konflikt hosil qiladigan vaqt olinadi. MATCH uchun ehtimol shu tekshiruvdagi ADV ishga tushirishlari bo‘yicha alohida aniqlandi (0,4961).

Statistik tahlil. Bir test misolidagi 10 ta ishga tushirish bir xil ma’lumotlarga tayangani sababli mustaqil kuzatuv sifatida test misoli olindi; uning qiymati 10 ta ishga tushirishdagi yakuniy jarimaning o‘rtachasiga teng. Har bir o‘lcham (n = 15 test misoli, k = 5 variant) alohida tahlil qilindi. Oldindan belgilangan asosiy tahlil Fridman testi [12], Kendallning muvofiqlik koeffitsiyenti W [13] hamda ADV ni qolgan to‘rtta variant bilan o‘rtacha ranglar bo‘yicha taqqoslovchi ikki tomonlama z-mezondan iborat [14, 15]:

$$z = \frac{R_{\text{ADV}} - R_j}{\sqrt{\frac{k(k+1)}{6n}}} \tag{3}$$

bu yerda R_{ADV} va R_j – variantlarning o‘rtacha ranglari. Har bir o‘lchamdagi to‘rtta taqqoslashga Xolm tuzatishi qo‘llanildi [16], α = 0,05. Qo‘shimcha tahlilda ADV har bir variant bilan Vilkoksonning ishorali ranglar mezoni (aniq taqsimot bo‘yicha, alohida Xolm tuzatishi bilan) [17] yordamida taqqoslandi va konfliktsiz yakunlangan ishga tushirishlar soni hisoblandi. ADV ishga

DOI: 10.65322/j.srd.05192026.91

tushirishlarida o‘rtacha ehtimol bilan yakuniy jarima o‘rtasidagi bog‘liqlik Spirmen korrelyatsiyasi [18] orqali tavsiflandi. Hisoblashlar Python 3.14, NumPy [19] va SciPy [20] yordamida bajarildi.

Dastlabki sinov. Rejada avlodlar sonini (250, 500, 1 000 yoki 2 000) tanlash uchun F10 alohida sinov misollarida ishga tushirishlarning 20–80 foizida konfliktsiz jadval topishi mezon qilingan edi. F10 hech bir avlodlar sonida bunga erishmadi (0/25), xonalar sonini oshirish ham natijani deyarli o‘zgartirmadi (eng yaxshi holatda 1/25). Shu sababli asosiy tajribadan oldin bu mezondan voz kechilib, avlodlar soni 2 000 ta qilib belgilandi; resurslar nisbati va variantlar o‘zgartirilmadi.

Natijalar. Ikkala o‘lchamda ham variantlar barcha 15 ta test misolida bir xil tartibda joylashdi: F05 birinchi, F10 ikkinchi, F20 uchinchi o‘rinni egalladi, ADV va MATCH esa 4- va 5-o‘rinlarni bo‘lishdi. Shu sababli Fridman testi statistikasi ikkala o‘lchamda bir xil: $\chi^2(4) = 58{,}08$, $p < 0{,}001$, Kendall $W = 0{,}968$. Jarima qiymatini asosan konfliktlar belgilaydi (1-jadval). 60 darsli test misollarida F05 150 ta ishga tushirishning 140 tasida konfliktsiz jadval topdi (bunday jadval birinchi marta topilgan avlod medianasi – 732), qolgan variantlar esa birorta ham topmadi. 120 darsli test misollarida hech bir variant konfliktsiz jadval topmadi; eng yaxshi natija bergan F05 da ham o‘rtacha 16,4 ta konflikt qoldi. Eng yaxshi jarimaning avlodlar bo‘yicha o‘zgarishi 1-rasmda ko‘rsatilgan.

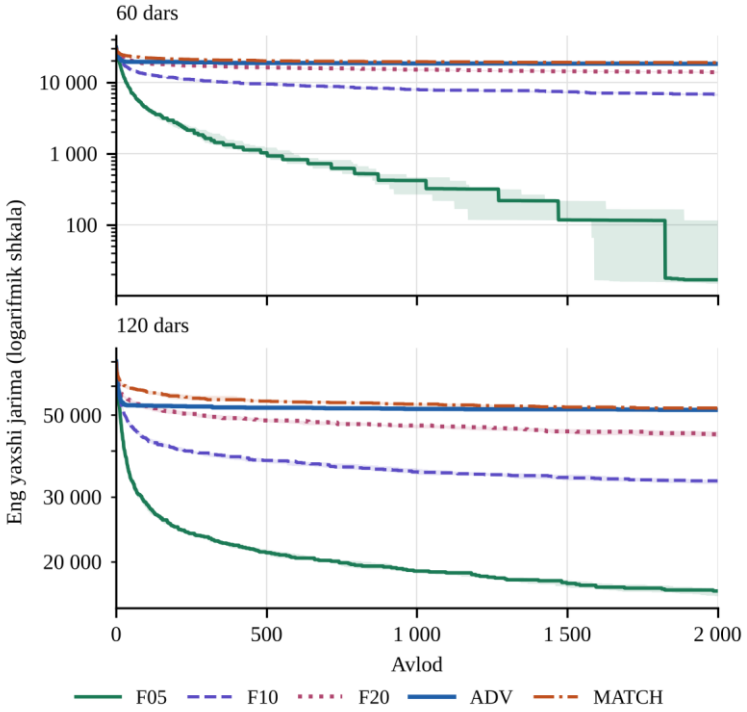
1-jadval

Variantlarning o‘rtacha rangi, o‘rtacha yakuniy jarimasi, o‘rtacha konfliktlar soni va konfliktsiz yakunlangan ishga tushirishlar soni (har bir variant va o‘lcham uchun 150 ta ishga tushirish)

Variant	60 dars				120 dars			
	o‘rtacha rang	o‘rtacha jarima	o‘rtacha C_1	$C_1 = 0$	o‘rtacha rang	o‘rtacha jarima	o‘rtacha C_1	$C_1 = 0$
F05	1,0	81,8	0,07	140	1,0	16 489,9	16,4	0
F10	2,0	6 690,2	6,7	0	2,0	33 031,8	33,0	0
F20	3,0	13 892,0	13,9	0	3,0	44 454,1	44,4	0
ADV	4,2	18 026,9	18,0	0	4,2	51 446,2	51,4	0
MATCH	4,8	18 706,3	18,7	0	4,8	52 100,0	52,0	0

Natijalar tahlili. Asosiy tahlilda ADV F05 dan ($z = 5{,}54$; Xolm bo‘yicha tuzatilgan $p < 0{,}001$) va F10 dan ($z = 3{,}81$; $p < 0{,}001$) yomonroq natija berdi. F20 bilan ($z = 2{,}08$; $p = 0{,}075$) va MATCH bilan ($z = -1{,}04$; $p = 0{,}299$) taqqoslashda nol gipoteza rad etilmadi. Biroq bu natijani ehtiyotkorlik bilan talqin qilish kerak: F05, F10 va F20 har bir test misolida 1–3-o‘rinlarni egallagani uchun ADV va MATCH faqat 4- va 5-o‘rinlar orasida farq qilishi mumkin edi. Bunday holda ularning o‘rtacha ranglari farqi 1 dan oshmaydi va (3) formulaga ko‘ra $|z| \le 1/\sqrt{(30/90)} \approx 1{,}73$ bo‘ladi, ya’ni asosiy mezon natijalar qanday bo‘lishidan qat’i nazar bu farqni aniqlay olmas edi. O‘rtacha ranglarga asoslangan taqqoslash natijasi tajribadagi boshqa variantlarga bog‘liq ekani [21] da ko‘rsatilgan. Shu sababli juftlab taqqoslovchi Vilkokson mezoni natijalari ham keltiriladi: ikkala o‘lchamda ADV barcha 15 ta test misolida F05, F10 va F20 dan kattaroq jarima berdi (tuzatilgan $p < 0{,}001$), MATCH dan esa 12 ta test misolida kichikroq va 3 tasida kattaroq jarima berdi (tuzatilgan $p = 0{,}0067$ va $0{,}0020$). Demak, ADV F20 dan ham izchil yomonroq, MATCH dan esa biroz yaxshiroq; lekin bu ikki xulosa oldindan belgilangan asosiy mezonga emas, qo‘shimcha tahlilga asoslanadi.

DOI: 10.65322/j.srd.05192026.91



1-rasm. Eng yaxshi jarimaning avlodlar bo‘yicha o‘zgarishi: 15 ta test misoli bo‘yicha mediana (chiziq) va kvartillararo oraliq (soya); vertikal o‘q logarifmik shkalada

ADV da mutatsiya ehtimoli avlodlarning 98 foizidan ko‘prog‘ida (60 darsda 98,24 %, 120 darsda 98,17 %) 0,3 dan kam bo‘lmadi, ishga tushirish oxirida esa o‘rtacha 0,499 ga yetdi. ADV ishga tushirishlari ichida o‘rtacha ehtimol bilan yakuniy jarima o‘rtasidagi bog‘liqlik kuchsiz (Spirmen $\rho = -0{,}137$ va $-0{,}169$; nominal $p = 0{,}096$ va $0{,}038$), o‘rtacha ehtimollar esa juda tor oraliqda (0,482–0,495) joylashgan. Bu p qiymatlari bitta test misoliga 10 ta ishga tushirish tegishli ekanini hisobga olmaydi, shu sababli bog‘liqlikni sabab-oqibat dalili deb bo‘lmaydi.

Konstruktiv boshlanishda barcha 750 ta ishga tushirish konfliktsiz yakunlandi. F20, ADV va MATCH ning barcha ishga tushirishlarida, F10 ning esa 84,7 foizida yakuniy jarima dastlabki populyatsiyadagi eng yaxshi jarimaga teng qoldi, ya’ni algoritm dastlabki yechimni yaxshilay olmadi; F05 esa barcha ishga tushirishlarda uni yaxshiladi (o‘rtacha jarima 14,4, qolgan variantlarda 20,8–21,1). Bu sharoitda ADV, F20 va MATCH natijalari bir xil bo‘lgani uchun adaptiv qoidaning ustunligini aniqlab bo‘lmaydi.

Muhokamalar. Sinovdan o‘tkazilgan o‘zgarmas ehtimollar orasida eng kichigi – 0,05 eng yaxshi natija berdi, ehtimol oshgani sari esa yakuniy jarima izchil ortdi. Bu [10] da mutatsiya ehtimoli odatda 0,01–0,1 oralig‘ida olinishi haqidagi fikrga mos keladi. ADV natijasini quyidagi o‘z-o‘zini kuchaytiruvchi jarayon bilan tushuntirish mumkin: turg‘unlik ehtimolni oshiradi; $r \approx 0{,}5$ bo‘lganda har bir farzand xromosomada genlarning taxminan yarmi (60 darsda ~30 ta) qayta tanlanadi va u tasodifiy jadvalga yaqinlashadi; natijada yaxshilanishlar kamayib, turg‘unlik davom etadi. Bu tushuntirish ADV ehtimolining deyarli doim yuqori bo‘lganiga mos keladi, lekin mazkur mexanizm alohida tekshirilmagan. ADV va MATCH ning o‘rtacha ehtimoli deyarli bir xil, natijalari ham bir-biriga yaqin (ADV qo‘shimcha tahlilda biroz yaxshiroq); demak, yakuniy jarimani asosan ehtimolning o‘rtacha qiymati belgilaydi, adaptatsiyaning o‘zi esa kichik ta’sir ko‘rsatadi. Bu holat parametrlarni adaptiv boshqarish usullarini [4, 5] yaxshi tanlangan o‘zgarmas qiymatlar bilan teng hisoblash resursida taqqoslash zarurligini ko‘rsatadi. Konstruktiv boshlanish natijalari ham amaliy ahamiyatga ega: [9, 10] dagi kabi konfliktsiz dastlabki populyatsiya ishlatilganda 0,20 va undan yuqori ehtimollarda algoritm dastlabki yechimni umuman

DOI: 10.65322/j.srd.05192026.91

yaxshilamadi. 120 darsli test misollarida esa hech bir variant 98 050 ta hisoblashda konfliktsiz jadval bermadi, ya'ni bu o'lchamda algoritmning o'zini ham takomillashtirish kerak.

Cheklovlar. Natijalar sun'iy test misollari, faqat dars vaqtlari o'zgaradigan model, bitta GA sozlamasi (populyatsiya 50, turnir 3, bitta elita) va belgilangan jarima vaznlariga tegishli. Eng yaxshi natija sinalgan oraliqning chetidagi qiymatda (0,05) olindi. Klassik tavsiya $r \approx 1/L$ (L – genlar soni) [22] bo'yicha bu qiymat 60 darsda ≈ 0,017, 120 darsda ≈ 0,008 ga teng, ya'ni kichikroq ehtimollar yanada yaxshi natija berishi mumkin, lekin ular sinalmadi. Qoida koeffitsiyentlari (0,9; 0,1; 0,02; 0,5) alohida sozlanmadi. Dastlabki sinov mezoni bajarilmagani sababli bekor qilindi. Natijalarni haqiqiy universitet jadvallariga yoki boshqa GA sozlamalariga bevosita umumlashtirib bo'lmaydi.

Xulosalar. 1. Sun'iy test misollarida va ko'rilgan GA sozlamasida [7] dagi adaptiv mutatsiya qoidasi teng hisoblash resursida 0,05 va 0,10 o'zgarmas ehtimollardan yomonroq natija berdi; qo'shimcha tahlilga ko'ra u 0,20 dan ham izchil yomonroq.

2. Qoida avlodlarning deyarli barchasida yuqori (≥ 0,3) ehtimol bilan ishladi va uning natijasi o'rtacha ehtimoli teng bo'lgan o'zgarmas variant natijasiga yaqin bo'ldi.

3. Ushbu GA uchun past o'zgarmas mutatsiya ehtimolini (0,05 yoki undan kichik) tanlash yoki qoidada ehtimolning yuqori chegarasini (0,5) sezilarli kamaytirish tavsiya etiladi. Keyingi bosqichda 0,05 dan kichik ehtimollar, qoida koeffitsiyentlari va konstruktiv boshlanishni haqiqiy universitet ma'lumotlari asosida tekshirish rejalashtirilmoqda.

Tadqiqot kodi va ma'lumotlari mualliflardan so'rov asosida olinishi mumkin.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Even S., Itai A., Shamir A. On the complexity of timetable and multicommodity flow problems // SIAM Journal on Computing. 1976. Vol. 5, No. 4. P. 691–703. DOI: 10.1137/0205048.

2. Burke E.K., Petrovic S. Recent research directions in automated timetabling // European Journal of Operational Research. 2002. Vol. 140, No. 2. P. 266–280. DOI: 10.1016/S0377-2217(02)00069-3.

3. Lewis R. A survey of metaheuristic-based techniques for University Timetabling problems // OR Spectrum. 2008. Vol. 30, No. 1. P. 167–190. DOI: 10.1007/s00291-007-0097-0.

4. Eiben A.E., Hinterding R., Michalewicz Z. Parameter control in evolutionary algorithms // IEEE Transactions on Evolutionary Computation. 1999. Vol. 3, No. 2. P. 124–141. DOI: 10.1109/4235.771166.

5. Karafotias G., Hoogendoorn M., Eiben A.E. Parameter control in evolutionary algorithms: trends and challenges // IEEE Transactions on Evolutionary Computation. 2015. Vol. 19, No. 2. P. 167–187. DOI: 10.1109/TEVC.2014.2308294.

6. Srinivas M., Patnaik L.M. Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms // IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics. 1994. Vol. 24, No. 4. P. 656–667. DOI: 10.1109/21.286385.

7. To'xtasinov M.T., Sadritdinov N.X. Oliy ta'limda dars jadvalini avtomatlashtirilgan holda tuzish usullari va algoritmlari // Ilm, tadqiqot va taraqqiyot. 2025. 6(14). B. 138–142.

8. To'xtasinov M.T., Sadritdinov N.X. Oliy ta'lim tizimida dars jadvalini avtomatik tuzishni modellashtirish // Raqamli transformatsiya jarayonlarida modellashtirishning roli va istiqbollari: xalqaro konferensiya materiallari. Namangan: NamDTU, 4–5 dekabr 2025. B. 40–45.

9. To'xtasinov M.T. Oliy ta'lim tizimida dars jadvalini avtomatik tuzishda genetik algoritmlardan foydalanish // Raqamli transformatsiya: telekommunikatsiya, sun'iy intellekt va innovatsion texnologiyalar istiqbollari: respublika ilmiy-amaliy anjumani ma'ruzalar to'plami. I tom. Samarqand, 12–13 may 2026. B. 113–115.

DOI: 10.65322/j.srd.05192026.91

10. Тухтасинов М.Т. Моделирование расписания занятий на основе генетического алгоритма в системе высшего образования // Информатика: проблемы, методы, технологии: материалы XXVI Международной научно-практической конференции им. Э.К. Алгазинова. Воронеж, 12–13 февраля 2026 г. С. 859–868.

11. To‘xtasinov M.T. Oliy ta’lim tizimida dars jadvalini avtomatik tuzishda o‘quv xonalarini tanlash modeli va algoritmlari // Ilm, tadqiqot va taraqqiyot. 2025. 6(14). B. 258–262.

12. Friedman M. The use of ranks to avoid the assumption of normality implicit in the analysis of variance // Journal of the American Statistical Association. 1937. Vol. 32, No. 200. P. 675–701. DOI: 10.1080/01621459.1937.10503522.

13. Kendall M.G., Babington Smith B. The problem of *m* rankings // The Annals of Mathematical Statistics. 1939. Vol. 10, No. 3. P. 275–287. DOI: 10.1214/aoms/1177732186.

14. Demšar J. Statistical comparisons of classifiers over multiple data sets // Journal of Machine Learning Research. 2006. Vol. 7. P. 1–30. URL: https://www.jmlr.org/papers/v7/demsar06a.html (murojaat sanasi: 23.10.2026).

15. Derrac J., García S., Molina D., Herrera F. A practical tutorial on the use of nonparametric statistical tests as a methodology for comparing evolutionary and swarm intelligence algorithms // Swarm and Evolutionary Computation. 2011. Vol. 1, No. 1. P. 3–18. DOI: 10.1016/j.swevo.2011.02.002.

16. Holm S. A simple sequentially rejective multiple test procedure // Scandinavian Journal of Statistics. 1979. Vol. 6, No. 2. P. 65–70. URL: https://www.jstor.org/stable/4615733 (murojaat sanasi: 23.10.2026).

17. Wilcoxon F. Individual comparisons by ranking methods // Biometrics Bulletin. 1945. Vol. 1, No. 6. P. 80–83. DOI: 10.2307/3001968.

18. Spearman C. The proof and measurement of association between two things // The American Journal of Psychology. 1904. Vol. 15, No. 1. P. 72–101. DOI: 10.2307/1412159.

19. Harris C.R. et al. Array programming with NumPy // Nature. 2020. Vol. 585, No. 7825. P. 357–362. DOI: 10.1038/s41586-020-2649-2.

20. Virtanen P. et al. SciPy 1.0: fundamental algorithms for scientific computing in Python // Nature Methods. 2020. Vol. 17, No. 3. P. 261–272. DOI: 10.1038/s41592-019-0686-2.

21. Benavoli A., Corani G., Mangili F. Should we really use post-hoc tests based on mean-ranks? // Journal of Machine Learning Research. 2016. Vol. 17, No. 5. P. 1–10. URL: https://www.jmlr.org/papers/v17/benavoli16a.html (murojaat sanasi: 23.10.2026).

22. Bäck T. Optimal mutation rates in genetic search // Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms / ed. S. Forrest. San Mateo: Morgan Kaufmann, 1993. P. 2–8.