Долженко А.М., Рыбалко К.К.
*Технологический институт (филиал) ДГТУ в г. Азове
Азов, Россия*

doi: 10.18411/lj2016-8-1-06

idsp 000001:lj2016-17-1-06

Уточнение стохастических решений обыкновенных дифференциальных уравнений методом генетических преобразований

Традиционно генетические алгоритмы в качестве входных параметров получают набор случайных величин – хромосому. Это обеспечивает сравнительно медленную сходимость алгоритма[1], а так же возможность попадания в локальный экстремум. Ряд работ авторов[2-5] посвящен анализу возможности применения генетических алгоритмов на конкретном наборе входных параметров – результатах численного решения поставленной задачи классическим алгоритмом. Такой подход позволяет улучшить имеющиеся решения, затратив меньше вычислительных ресурсов по сравнению с чисто генетическим алгоритмом. Данная статья посвящена описанию алгоритма улучшения стохастических решений обыкновенных дифференциальных уравнений методом генетических преобразований.

В качестве входных параметров генетического алгоритма возьмем вектора $\vec{Y}$ и $\vec{Z}$ стохастических решений, полученных соответственно методами Эйлера с уточнениями и Рунге-Кутты 4 порядка [6]. Координаты векторов $\vec{Y}(y_1, y_2 \dots y_n)$ и $\vec{Z}(z_1, z_2 \dots z_n)$ представляют собой хромосомы, каждый ген которой – это решение в соответствующей точке.

Над хромосомами будем выполнять следующие операции.

1. Скрещивание – получение новой хромосомы, каждый ген которой наследуется от соответствующего гена одного из родителей, выбранных случайным образом из популяции.

2. Мутация – случайное изменение одного из генов хромосомы. Так как ген – действительное число, то под мутацией гена будем понимать его приращение на величину Δ . В проведенных экспериментах Δ будет меняться от ничтожно малой до соизмеримой со значением гена.

Входные данные.

Кроме начальных хромосом $\vec{Y}$ и $\vec{Z}$ (которые входят в популяцию на протяжении всего хода вычислений), на ход выполнения алгоритма влияют следующие параметры.

1. Размер популяции N – максимальное число хромосом, которое должно быть получено для выбора «наилучшего» решения. Каждая сгенерированная на очередном шаге хромосома может попасть или не попасть в популяцию для дальнейшего скрещивания.

2. Параметр d – задает максимально допустимое отклонение (в %) от «лучшего» на текущем шаге решения, при котором хромосома будет добавлена в популяцию для дальнейшего скрещивания. Для сравнения решений будем использовать суммы квадратов разностей значений генов хромосомы и соответствующих аналитических значений.

3. Максимально допустимое число итераций – M . Так как при малых значениях d может потребоваться бесконечно большое число генетических операций для создания гена, удовлетворяющего критерию включения в популяцию, можно задать параметр M , который ограничит вычислительный цикл максимально допустимым числом шагов (а, следовательно, и временем). M должно быть больше или равно N .

4. Диапазон значений, которые может принимать параметр – Δ .

5. Шаг вычислений в стохастических решениях – h .

6. Вероятность появления мутаций – Ω (в %).

Предлагаемый алгоритм состоит из 9 шагов. Приведем его описание.

Шаг 1.

Добавим в популяцию две хромосомы – вектора $\vec{Y}$ и $\vec{Z}$.

Присвоим текущему размеру популяции R значение 2.

Выберем в качестве «лучшего» значение хромосомы $\vec{Z}$ (так как метод Рунге-Кутты 4 порядка точнее метода Эйлера с уточнением), присвоим номеру «лучшего» решения t значение 2.

Счетчику шагов k присвоим значение 1

Шаг 2. Пока $R < N$ и $k \leq M$ выполняем шаги 3-8, иначе переходим на шаг 9.

Шаг 3. Генерируем случайным образом два номера хромосом h_1 и h_2 из популяции для скрещивания.

Шаг 4. Создаем новую хромосому.

Для каждого гена вновь создаваемой хромосомы генерируем случайное число из набора $\{1, 2\}$, которое определяет, ген какого родителя (первого – h_1 или второго – h_2) попадет на место соответствующего гена в новой хромосоме.

Шаг 5.

Генерируем случайное целое число в диапазоне $\{1..100\}$. Если это число меньше либо равно Ω – производим мутацию (шаг 6) иначе переходим на шаг 7.

Шаг 6. Мутация.

Генерируем случайное действительное число Δg в диапазоне $\{1..\Delta\}$ и номер мутирующего гена g . Выполняем приращение гена новой хромосомы под номером g на величину Δg .

Шаг 7. Увеличиваем счетчик шагов k на единицу.

Находим сумму квадратов разностей значений генов новой хромосомы и соответствующих аналитических значений – S . Если эта сумма не превышает «лучшее» на текущем шаге решение T более чем на d процентов, то хромосома добавляется в популяцию и выполняется переход на шаг 8, иначе – переход на шаг 2.

Шаг 8. Увеличиваем R на единицу.

Если $S < T$, то в T присваиваем S , а в t присваиваем R .

Переходим на шаг 2.

Шаг 9. Выводим в качестве результирующего значения хромосому под номером t из созданной популяции.

Описанный выше алгоритм реализован авторами в среде программирования Lazarus. Проведено тестирование алгоритма на различном наборе входных параметров. В качестве примера рассмотрено решение обыкновенного дифференциального уравнения, имеющее простое аналитическое решение: $y' = -2y$ при начальном условии $y(0)=2$. Очевидно, что решением данного уравнения является функция $y = 2e^{-2x}$. Проведено сравнение

решений: аналитического (I), методом Рунге-Кутты 4 порядка (II), методом генетической модификации (III).

Получены следующие результаты:

- разница между решениями I и III на 99% меньше разницы между решениями I и II при значениях Ω от 3 до 10, $\dot{\alpha}$ от 1 до 5 и $\Delta=10^{-6}$, при этом Nвыбиралось в диапазоне от 1000 до 3000, n – в диапазоне от 10 до 30;

- при больших значениях n (100 и выше) разница между решениями I и III была только на 15% меньше разницы между решениями I и II, при этом $\Omega=0,01$, а $d=3$;

- при значениях $n>300$ существенного улучшения стохастических решений получено не было.

Выводы.

Стохастические решения обыкновенных дифференциальных уравнений могут быть существенно улучшены методом генетических преобразований. Описанный выше алгоритм приносит качественно высокий результат при малой степени дискретизации и достаточно небольшом (до 5000) количестве итераций. Точность вычислений составляла 10^{-10} . При увеличении n и N следует увеличивать точность вычислений. Подобный метод может применяться и для уточнения решений, полученных другими стохастическими алгоритмами. Авторы планируют в ближайшее время проведение исследований на возможность уточнение решений дифференциальных и интегральных уравнений, которые не могут быть получены аналитически.

Литература:

1. Долженко А.М., Рыбалко К.К., Робченко М.Н. Сравнение скорости сходимости различных видов генетических алгоритмов / Современные тенденции развития и перспективы внедрения инновационных технологий в машиностроении, образовании и экономике: материалы III Международной научно-практической конференции (Азов, 25 мая 2016 г.). / Азов: Изд-во: ООО "АзовПечать", 2016. – 196 стр.
2. Таран В.Н., Долженко А.М., Бойко Е.Ю. Управление и прогнозирование в высшей школе / Современные проблемы многоуровневого образования: материалы X международного научно-методического симпозиума (Ростов-на-Дону / Дивноморское, 2015). – Ростов-н/Д, ДГТУ, 2015.
3. Долженко А.М. Применение генетических алгоритмов при решении задач в экономике / Информационные технологии в экономических исследованиях: материалы научно-практической конференции, Ростов-н/Д, ДГТУ, 2013 г.
4. Долженко А.М. Применение генетических алгоритмов на распределенных вычислительных системах для уточнения стохастических решений классических задач экономики / Инновационные информационные технологии: материалы международной научно-практической конференции. Том 4.: МИЭМ НИУ ВШЭ, 2013.
5. Долженко А.М., Бутрина Е.Г. Уточнение решений задачи коммивояжера генетическими мутациями / Вестник ПГУ. Сер. Математика, механика, информатика. – 2013. – Вып. 2(21).
6. Бахвалов Н.С., Жидков Н.П., Кобельков Г.М. Численные методы. 3-е изд., перераб. и доп. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. 632 с.