

文章编号: 1005-0523(2004)04-0132-04

# 改进的遗传算法在非线性方程组求解中的应用

曾毅

(华东交通大学 基础科学学院, 江西 南昌 330013)

**摘要:** 将非线性方程组的求解问题转化为函数优化问题, 利用遗传算法适应值的分布和二进制的编码特点, 通过缩小、移动搜索空间的方法, 求得非线性方程组的高精度的解. 同时, 数值模拟表明改进后的算法的提高了遗传算法在演化后期的局部寻优能力.

**关键词:** 遗传算法; 非线性方程组; 搜索空间; 函数优化

中图分类号: O242.2

文献标识码: A

## 0 引言

在科学技术和工程中常遇到求非线性方程组的解的问题, 该问题是一个很古老的问题, 但又具有十分重要意义的问题. 解决该问题的传统方法主要有迭代法、牛顿法、梯度法、共轭方向法及变尺度法. 这些方法, 无论从算法的选择, 还是算法本身的构造都与所求方程组的特性有很大关系, 在很多情况下, 算法中算子的构造及其有效性成为解决问题的巨大障碍. 而遗传算法作为一种非线性全局优化搜索算法具有较强的搜索能力, 被广泛地应用于许多领域<sup>[1]</sup>. 本文首先将非线性方程组的求解问题转化为一个约束最优化问题, 然后根据遗传算法适应值的分布和染色体(字符串)二进制编码的特点, 通过反复缩小搜索空间及移动搜索空间等方法, 提出一种改进的遗传算法. 用改进的遗传算法求非线性方程组的解, 结果表明该方法不仅可以求得高精度的解, 而且大大提高了遗传算法的局部搜索能力.

## 1 问题的描述及遗传算法的改进

### 1.1 问题的描述

设非线性方程组为

$$f_j(x_1, x_2, \dots, x_n) = 0 (j=1, 2, \dots, m)$$

其中  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in D \subset R^n$ ,  $D = \{(x_1, x_2, \dots, x_n) \mid a_i \leq x_i \leq b_i, i=1, 2, \dots, n\}$ , 不妨假定非线性方程组在区域  $D$  内有唯一解. 为便于用遗传算法求解, 构造函数

$$F(x_1, x_2, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^m |f_i(x_1, x_2, \dots, x_n)|.$$

这样, 在区域内求解非线性方程组问题就转化为函数优化问题

$$\begin{aligned} \min F(x_1, x_2, \dots, x_n) \\ s. t. (x_1, x_2, \dots, x_n) \in D. \end{aligned} \quad (1)$$

显然, 非线性方程组的解  $X^*(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$  就是函数优化问题的最优解, 且它满足  $F(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*) = 0$ .

### 1.2 遗传算法的改进

遗传算法(Genetic Algorithm)是美国密执根大学 Holland 教授提倡发展起来的, 是一种基于“适者生

收稿日期: 2004-03-25

作者简介: 曾毅(1965-), 男, 江西吉安人, 副教授.

存”的一种高度并行、随机和自适应全局优化搜索算法。遗传算法利用复制、交叉、变异等操作来模拟自然进化,完成问题寻优,并求得问题的最优解或满意的解。因为二进制编码容易确定群体的码串的相似性,且码串的每位信息可提供最多的模式数,所以将上述问题采用二进制编码,设第  $i$  个变量  $i$  的对应的二进制编码为

$$S_i = B_1^{(i)} B_2^{(i)} \cdots B_m^{(i)} \quad (i=1, 2, \dots, n) \quad (2)$$

其中  $B_j^{(i)} (j=1, 2, \dots, n_i)$  的取值为 0 或 1, 于是, 向量  $X=(x_1, x_2, \dots, x_n)$  对应的二进制编码(有时我们也称之为染色体)可表示为  $S_1, S_2 \cdots S_n$ 。当变量的  $x_i$  取值区间为  $[a_i, b_i]$  时, 二进制编码对应的变量值满足关系式

$$x_i = a_i + \frac{b_i - a_i}{2^{n_i} - 1} \sum_{j=1}^{n_i} B_j^{(i)} 2^{n_i - j} \quad (3)$$

若  $c_i = (a_i + b_i)/2$ , 从关系式(3)可知, 当  $B_1^{(i)} = 1$  时,  $x_i \in [c_i, b_i]$ ; 当  $B_1^{(i)} = 0$  时,  $x_i \in [a_i, c_i]$ 。于是, 可将与变量  $x_i$  对应的二进制编码  $S_i$  按其最高位为 1 或为 0 分为两类, 记最高位为 1 的一类为  $S_i^{(1)}$ , 而最高位为 0 的一类为  $S_i^{(0)}$ 。另外, 对遗传算法研究表明, 若在每一代复制操作前保留最优解, 遗传算法以概率 1 收敛到全局最优解。从遗传算法演化过程, 我们知道适应值越大的个体越接近最优解, 于是, 若将群体的适应值按大到小排列, 且位于前  $N_0$  位 ( $N_0 < N$ ,  $N$  为群体规模) 个体的某一个变量  $x_i (i=1, 2, \dots, n)$  对应的二进制编码的最高位  $B^*$  均为 1(或 0) 时, 则可以认为最优解  $X^*$  的第  $i$  个分量  $x_i^*$  对应二进制编码最高位  $B^*$  也应为 1(或 0)。此时,  $x_i^* \in [c_i, b_i]$  (或  $x_i^* \in [a_i, c_i]$ )。

基于以上分析, 我们可以对遗传算法作以下两个方面的改进:

(a) 缩小搜索区间 在遗传算法演化过程中, 将群体的适应值按大到小排列, 若位于前  $N_0$  位个体的某一个变量  $x_i (i=1, 2, \dots, n)$  对应的二进制编码的最高位  $B^*$  均为 1(或 0) 时, 则与最优解中  $x_i^*$  对应的二进制编码的最高位也应为 1(或 0), 于是, 变量  $x_i$  的搜索区间  $[a_i, b_i]$  可为缩小  $[c_i, b_i]$  (或  $[a_i, c_i]$ )。

(b) 调整变量  $x_i (i=1, 2, \dots, n)$  的二进制编码及搜索空间的移动 当变量  $x_i$  的搜索区间作了以上调整时, 为保证各基因位按模式定理解释时意义不变, 及保留当前代的各基因位的有效信息, 对变量对应的二进制编码作以下调整

1) 当前代的最优解的第  $i$  个分量  $x_i$  落在缩小后的搜索区间内时, 若个体的第  $i$  个变量的二进制编码  $S_i$  的最高位与当前代的最优解的最高位的基因相同时, 则从左边第二位开始依次向左移一位, 最后一位随机填上 1 或 0; 若个体的第  $i$  个变量的二进制编码  $S_i$  的最高位与当前代的最优解的最高位的基因不不同时, 个体的与变量  $x_i$  对应的二进制编码全部基因位随机地填上 1 或 0, 即随机地产生新的基因段。

2) 当前代的最优解的第  $i$  个分量  $x_i$  落在缩小的搜索区间端点时, 最优个体的最后一位与移动前的首位一致, 而非最优个体按(1)处理。此时, 由于问题的最优解可能会落在搜索区间以外, 我们将缩小的区间(记为  $[a'_i, b'_i]$ )作平移。当当前最优解在落在区间的左端点时, 区间  $[a'_i, b'_i]$  向左移动, 且移动的距离为  $kd_i$  (本文  $k=2$ ), 其中  $d_i = (b'_i - a'_i)/(2^{n_i} - 1)$ , 然后改变对应的二进制编码, 即将得到的二进制数作加  $k$  处理, 当有的个体的二进制编码对应的值落在区间  $[a'_i - kd_i, b'_i - kd_i]$  外时, 个体的与变量  $x_i$  对应的二进制编码全部基因位随机地填上 1 或 0, 即随机地产生新的基因段; 而当当前最优解在落在区间  $[a'_i, b'_i]$  的右端点时, 区间  $[a'_i, b'_i]$  向右移动, 且移动的距离也为  $kd_i$ , 其中,  $d_i = (b'_i - a'_i)/(2^{n_i} - 1)$  然后改变对应的二进制编码, 即将得到的二进制数作减  $k$  处理, 若有的二进制编码对应的值落在区间  $[a'_i + kd_i, b'_i + kd_i]$  外时, 个体的与变量  $x_i$  对应的二进制编码全部基因位随机地填上 1 或 0, 即随机地产生新的基因段。

显然, 随着遗传算法的演化, 搜索空间的不断地缩小和移动。每个变量对应的二进制编码长度无需太长, 就可求出高精度的解。

## 2 数值模拟

为考察本文提出的改进遗传算法的性能, 选取具有代表性的实例进行数值模拟。改进的遗传算法采用二进制编码, 在每一代复制操作前保留最优解, 适应值函数取为

$$fitness(X) = 1 / (1 + \sum_{i=1}^m |f_i|) \quad \text{其中 } X = (x_1, x_2, \dots, x_n) \quad (4)$$

控制参数分别取值为: 群体规模  $N=100$ , 与每一变量对应的基因段的长度  $n_i=6 (i=1, 2, \dots, n)$  复制概率  $P_r=0.9$ , 交叉概率  $P_c=0.8$ , 变异概率  $P_m$

=0.8, 对以下两例进行模拟.

$N_0=60$ . 对以下两例进行模拟.

$$\text{例 1} \begin{cases} x_1 + x_2 - 2x_3 = 0 \\ x_1 x_2 = 1. \\ x_1^2 + x_2^2 = 2 \end{cases}$$

$$D_1 = \{x_1, x_2, x_3) | 0 \leq x_1 \leq 2, 0 \leq x_2 \leq 2, 0 \leq x_3 \leq 2\}$$

$$\text{例 2} \begin{cases} x^y + x^x - 5x_1 x_2 x_3 - 85 = 0 \\ x^3 - y^z - z^y - 60 = 0. \\ x^z + z^x - y - 2 = 0 \end{cases}$$

$$D_2 = \{x_1, x_2, x_3) | 3 \leq x_1 \leq 5, 2 \leq x_2 \leq 4, 0.5 \leq x_3 \leq 2\}$$

计算结果如下:

表 1 例 1 数值结果的比较

	$x_1$	$x_2$	$x_3$	$\sum  f_i $	备注
文献 <sup>[5]</sup> 结果	1.00533	0.9797	0.968468	0.0927	GA
本文结果	1.0175	0.9822	0.9999	$7.0186e-004$	改进 GA
精确解	1	1	1	0	
文献 <sup>[6]</sup> 结果	3.9974	3.0107	0.9987	1.8123	GA
本文结果	3.9940	3.0079	1.0079	0.5961	改进 GA
精确解	4	3	1	0	

#### 4 结束语

在不改变染色体基因位的有效信息的前提下, 本文利用遗传算法在演化过程中染色体基因位信息, 动态地调整搜索空间. 在不增加染色体长度的条件下, 通过缩小、移动搜索空间, 快速地求出非线性方程组的高精度的解, 且遗传算法在演化后期的局部寻优能力得到改善. 此外, 该算法完全可以作为判断非线性方程组在某区域有没有解的一种方法, 即通过求解正问题达到求解反问题的目的.

#### 参考文献:

[1] Man K F, Tang K S, Kwong S. Genetic algorithms: concepts and applications[J]. IEEE Trans. industrial Electronics 1996.

[2] Kuo T, Hwang S Y. Genetic algorithm with disruptive Selection [J]. IEEE Trans. systems, man and Cybernetics, 1996.

[3] Kuo T, Hwang S Y. why DGAG work well on GA-hard functions[J]. New Generation Computing 1996.

[4] Liu yong, kanglishan, Chen yuping. Non-linear Numerical Parallel algorithms - Genetic algorithm [M]. Beijing: Science Press, 1998.

[5] 张宏生, 吴拓. 遗传算法在非线方程组求解中的应用[J]. 肇庆学院学报, 2002. (2): 16~19.

[6] 胡能发. 求解多元方程组的遗传算法[J]. 荆洲师范学院学报, 2002. (2): 11~13.

[7] 周克民, 胡云昌. 遗传算法计算效率的改进[J]. 控制理论与应用, 2002. (5): 812-814.

## The Application of Improved Genetic Algorithms to Solving Non-linear Equation Group

ZENG Yi

(School of Natural Science, East China Jiaotong University, Nanchang 330013, China)

**Abstract:** This paper, We change the problem of solving non-linear equation group into the problem of function optimization. Based on the distribution of fitness and characteristics of binary coding, We improved GA by reducing and moving the search space. Numerical experiments show that the improved Algorithm has better ability to search the global result and improve the precision of searching result.

**Key words:** genetic algorithm; non-linear equation group; search space; function optimization