

Bartosz WALESKA

ZASTOSOWANIE ALGORYTMÓW GENETYCZNYCH DO ROZWIĄZANIA ZAGADNIENIA ODWROTNEGO W METODZIE ELEMENTÓW BRZEGOWYCH

STRESZCZENIE *Niniejszy artykuł opisuje metodę elementów brzegowych w analizie pola w strukturze niejednorodnej. Zaprezentowano algorytm rozwiązywania problemu odwrotnego w oparciu o algorytmy genetyczne. Pokazano kilka modyfikacji metody w celu wydajniejszego rozwiązania określonego zadania.*

Słowa kluczowe: *metoda elementów brzegowych, algorytm genetyczny, zagadnienie odwrotne metody elementów brzegowych, analiza pola, tomografia impedancyjna*

1. WSTĘP

Wykorzystanie algorytmów genetycznych do rozwiązania zagadnienia odwrotnego w metodzie elementów brzegowych zostanie zaprezentowane na wybranym przykładzie. Ogólnie badanie pola podzielić można zasadniczo

mgr inż. Bartosz WALESKA
e-mail: bartosz.waleska@onet.pl

na dwa zagadnienia. Pierwsze obejmuje analizę pola i występuje wtedy, gdy poszukujemy informacji o rozkładzie pola w danym obszarze. W tym przypadku uwzględnia się takie informacje jak kształt obszaru (obszarów), warunki graniczne, własności materiałowe, ewentualne źródła pola. Drugie związane jest z zagadnieniem zadania odwrotnego. Polega ono na wyznaczeniu np. kształtu obiektu przy znanym współczynniku materiałowym. W zasadzie powyższe zadanie stanowi etap wstępny do rozwiązywania zagadnień tomografii. Zgodnie z definicją tomografia – jest to otrzymywanie obrazu wnętrza obiektu na podstawie pomiarów z zewnątrz (na brzegu) i to zagadnienie w sposób bardziej szczegółowy zostanie omówione w tym opracowaniu.

Przejdźcie do zadania odwrotnego wymaga jednak krótkiego wprowadzenia (przypomnienia) dotyczącego zadania prostego (zagadnienia analizy). Jeżeli jest to zagadnienie bezźródłowe, wówczas opisane jest równaniem Laplace'a:

$$\nabla^2 u = 0 \quad (1)$$

Jeżeli występuje źródło wewnętrzne, zagadnienie jest opisane równaniem Poissona:

$$\nabla^2 u = -f \quad (2)$$

W obu przypadkach u oznacza funkcję opisującą zagadnienie, f oznacza znaną funkcję.

Istnieją również inne równania pola, ale w tej pracy nie będą one poruszone.

Wśród warunków brzegowych wyróżnić możemy warunek pierwszego rodzaju (Dirichleta), który występuje wówczas, gdy określona jest wartość funkcji pola na brzegu obszaru. Jeżeli podajemy wartość pochodnej normalnej (wartość pochodnej funkcji pola w kierunku normalnym), wówczas określamy warunek drugiego rodzaju (Neumana). Można wyróżnić jeszcze warunek trzeciego rodzaju (Hankela lub Robina).

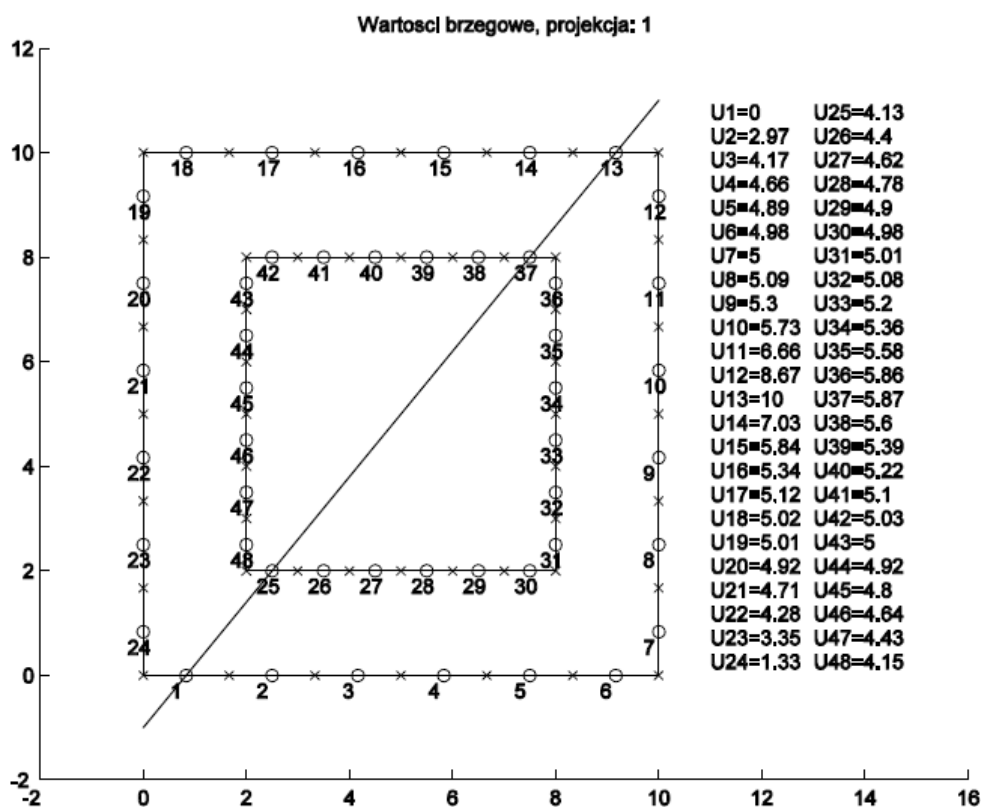
Równanie całkowo-brzegowe opisujące wartość pola z uwzględnieniem warunków brzegowych określa się mianem równania MEB (metody elementów brzegowych).

$$c_i u_i + \int_s u \frac{\partial G}{\partial n} dS = \int_s G \frac{\partial u}{\partial n} dS + \iint_{\Omega} f G d\Omega \quad (3)$$

2. ZADANIE ODWROTNE

Wspomniano już, że zadanie odwrotne stanowi jakby wstęp do tomografii, czyli ustalenia wyglądu wnętrza obiektu na podstawie pomiarów na brzegu. Projekcja pola odbywa się po linii, istnieją więc dwie elektrody zasilane (prądowe) oraz wiele elektrod pomiarowych (napięciowych).

Symulacja takiej projekcji wygląda tak jak przedstawiono na rysunku 1. Dodatkowo podano wartości poszczególnych elektrod.



Rys. 1. Kąt projekcji wraz z informacją o wartościach brzegowych

Aby móc rozwiązać zagadnienie odwrotne musimy posiadać wektor pomiarowy. Uzyskujemy go ze złożenia pomiarów na brzegu ze wszystkich unikalnych kątów projekcji. Jedynie taki wektor dostępny jest jako dane wejściowe (nie wiadomo w jaki sposób powstał tzn. nieznaną jest struktura wewnętrzną, jest on wynikiem pomiarów rzeczywistego obiektu). Dla dyskretyzacji

32 elementowej (na każdy brzeg) możemy uzyskać 16 kątów projekcji, 17 kąt projekcji jest odwróconą pierwszą projekcją tzn. zasilanie elektrod zostało zamienione i tak w naszym przypadku zamiast $U_1 = 0$ i $U_{16} = 10$ jest to $U_1 = 10$ i $U_{16} = 0$.

Zwróćmy uwagę na wymiar wektora pomiarowego – wynosi on 512 elementów (16 kątów projekcji * 32 elementy w każdej projekcji).

Poznanie struktury wewnętrznej polega na zbudowaniu zadania prostego: znamy wartości zasilania elektrod prądowych oraz wymiary geometryczne zewnętrznego brzegu. Zakładamy również, że znamy współczynnik materiałowy, nieznany jest natomiast kształt brzegu wewnętrznego – budujemy go więc losowo. Dokonujemy obliczeń wartości pola na brzegu zewnętrznym obiektu przy symulacji wszystkich 16 kątów projekcji, tak jak to miało miejsce w przypadku obiektu pomiarowego. Uzyskujemy wektor symulacyjny o tym samym wymiarze.

Porównujemy wektor symulacyjny z pomiarowym, sprawdzając jak odległe są założenia od celu. Do oceny wykorzystując funkcję celu.

$$f_{cel} = (U_{pom} - U_{sym})^T (U_{pom} - U_{sym}) \quad (4)$$

Należy wykonać optymalizację uzyskania funkcji celu, co pozwoli na odtworzenie w symulacji obiektu i uzyskanie zbliżonych (takich samych) wartości jak wartości wejściowe (pomiarowe). Rozwiązanie takie pozwala na uzyskanie informacji o położeniu brzegu wewnątrz obiektu.

3. ALGORYTMY GENETYCZNE

Algorytmy genetyczne zostały opisane w latach 60 przez biologa Johna Hollanda, bazują one na zjawiskach genetyki i ewolucji. W podstawowej formie, algorytmy genetyczne nie wykorzystują w żaden sposób wiedzy o zadanym problemie. Rozwiązanie uzyskuje się z przestrzeni możliwych rozwiązań poszukując najlepszego z nich.

Klasyczny algorytm genetyczny składa się z kilku etapów. Na początku należy utworzyć grupę początkową (losowo), o ustalonej liczbie bitów. Następnie oblicza się, w jaki sposób ta losowa grupa przystosowuje się do warunków (obliczenie funkcji celu). Kolejnym etapem jest selekcja – wybranie tych osobników (wartości), które najlepiej się przystosowały (funkcja celu daje najlepsze wyniki). Dokonuje się operacji krzyżowania i mutacji, w największym stopniu uwzględniając najlepsze osobniki (wartości). Ta grupa stanowi grupę początko-

wą i proces zaczyna się ponownie. Zadanie kończy się, gdy przystosowanie jest odpowiednio wysokie (funkcja celu zwróci odpowiednie wartości).

Metody kodowania chromosomów (osobników) – wyróżniamy różne możliwości kodowania. Najprostsze - klasyczne to kodowanie binarne. Inne kodowania bazują na kodowaniu binarnym, ale wprowadzają pewne modyfikacje - np. kodowanie przy użyciu Kodu Graya.

Kod Graya, zwany jest również kodem refleksyjnym, charakteryzuje się tym, że dwa kolejne słowa kodowe różnią się tylko jednym bitem.

Konwersja z kodu binarnego do kodu Graya jest prosta i polega na wykonaniu dwóch operacji:

- Przesunięcia liczby binarnej w prawo (operacja dzielenia przez 2).
- Wykonania operacji XOR na liczbie i przesunięciu, wynik jest liczbą w kodzie Graya.

Przykład:

Liczba $(72)_{10}$ w zapisie binarnym: $(0100\ 1000)_2$, przesunięcie w prawo przyjmuje wartość: $(0010\ 0100)_2$. Operacja XOR na poszczególnych bitach obu liczb, doprowadzi do wyniku $(0110\ 1100)_2$.

Konwersja z kodu Graya na kod binarny, polega na wykonaniu następujących operacji:

- wybór najbardziej znaczącego bitu (pierwszego) w liczbie Graya;
- wykonanie operacji XOR z najbardziej znaczącym bitem i następną wartością w słowie, zapisanie wyniku;
- wykonanie operacji XOR na wyniku i następnej wartości.

Przykład:

Uzyskaną wartość $(0110\ 1100)_2$ przekonwertujemy ponownie do wartości binarnej:

Wybieramy najbardziej znaczący bit 0 dokonujemy operacji XOR z kolejnym bitem 1 zapisujemy wynik $0\ \text{XOR}\ 1 = 1$

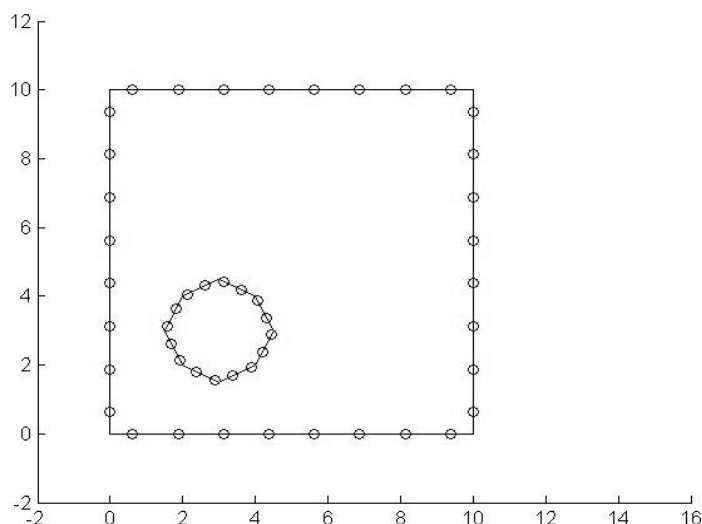
Następnie wykonujemy ponownie operację XOR wyniku 1 i następnej liczbie \$1\$, czyli $1\ \text{XOR}\ 1 = 0$, dalej postępujemy analogicznie i uzyskujemy wynik w postaci: $(01001000)_2$ czyli naszą wartość początkową.

Po wygenerowaniu osobników, dokonuje się operacji rzutowania, polega ona na zmianie zapisu bitowego i wyrażeniu go w postaci liczb rzeczywistych. Następnie przelicza się dla poszczególnych argumentów (osobników) wartość funkcji celu. Wyniki te, szereguje się od najlepszych do najgorszych. Kolejnym etapem jest wykonanie selekcji. Najbardziej popularną (najprostszą) metodą selekcji jest Metoda Koła Ruletki (Roulette Wheel Selection). Polega on na stworzeniu koła, z polami odpowiadającymi poszczególnym osobnikom. Wiel-

kość poszczególnych wycinków koła, zależy od wartości funkcji celu (określa się to również jako współczynnik prawdopodobieństwa reprodukcji). Im osobnik był lepiej przystosowany, tym pole będzie większe. Kołem kręci się tyle razy, ile potrzebnych jest osobników. Oczywiście niektóre osobniki, będą wybrane więcej niż raz, inne w ogóle nie zostaną wybrane. To tworzy pulę rozwiązań tzw. kandydatów – rodziców, którzy poddani będą jeszcze operacjom krzyżowania i mutacji. Pewną odmianą metody koła ruletki, jest metoda koła ruletki wielowskaźnikowej (stochastic universal sampling). Główną jej cechą jest to, że podczas losowania od razu wybiera się wszystkie osobniki. Zamiast jednego wskaźnika, który podczas losowania wskaże zwycięzcę, stosuje się wiele wskaźników (tyle ile ma być osobników w pokoleniu), równomiernie od siebie oddalonych. Takim kołem "kręci się" tylko raz. W odróżnieniu od klasycznej metody koła ruletki, rozmieszczenie poszczególnych sektorów (wycinków kół) jest istotna, i powinna być wybrana losowo.

Po uzyskaniu puli rozwiązań, dokonuje się operacji krzyżowania i mutacji. Operacja krzyżowania: wyróżnić możemy krzyżowanie jednopunktowe i wielopunktowe. Dla każdego osobnika losujemy liczbę i sprawdzamy, czy będzie zachodzić krzyżowanie, jeżeli tak, to dobieramy losowo w pary dwa osobniki, a następnie losujemy miejsce krzyżowania. W miejscu krzyżowania zmienia się kod i powstają dwa "nowe" osobniki. Analogicznie opisuje się krzyżowanie wielopunktowe, z tym, że zamiast jednego miejsca rozcięcia, występuje ich więcej. Mutacja w odróżnieniu od krzyżowania, tworzy nowego osobnika na podstawie jednego rodzica, w kodowaniu binarnym polega to na zmianie jednego wylosowanego bitu na przeciwny.

4. PRZYKŁADOWE ZADANIE



Zadanie polega, na ustaleniu kształtu brzegu obiektu wewnętrznego. Dyskretyzacja wynosi 32 elementy na każdy brzeg. Znały jest współczynnik materiałowy. Poszukiwana struktura została pokazana na rysunku 2.

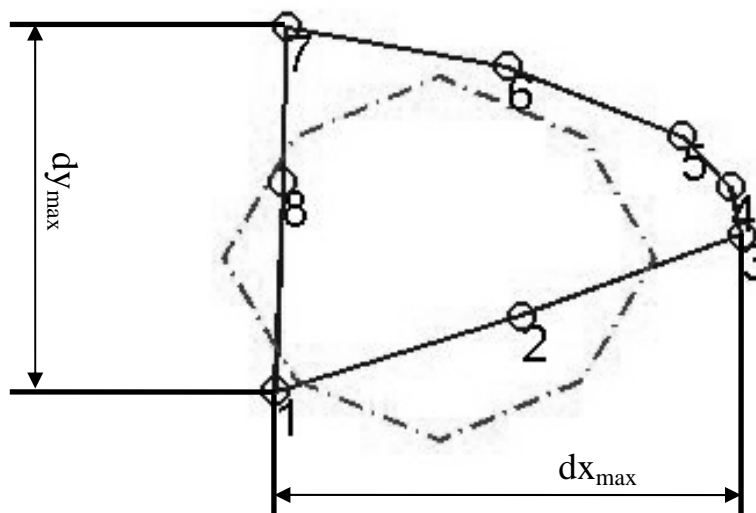
Rys. 2. Poszukiwana struktura

Trzeba zaznaczyć, że poszukiwanie rozwiązania jest czasochłonne. Każdą wartość (osobnika), należy przeliczyć jako zadanie proste. Przeliczona grupa osobników, stanowi dopiero pokolenie, z którego przeprowadza się selekcję i reprodukcję następnego.

Zadanie wymaga uwolnienia 8 węzłów szukanej struktury – oznacza to, że 8 punktów brzegu jest ruchome, natomiast pozostałe 24 węzły są nieruchome i umieszczone zostaną automatycznie, na odcinkach łączących ruchome węzły. Najprostszą interpretacją jest zbudowanie rozwiązania w sposób klasyczny – uwolnienie 8 węzłów i dobranie parametrów algorytmu genetycznego.

Intuicyjnie, można starać się budować lepszą interpretację algorytmu genetycznego. Przede wszystkim, zależy nam na szybszym uzyskaniu satysfakcjonującego wyniku.

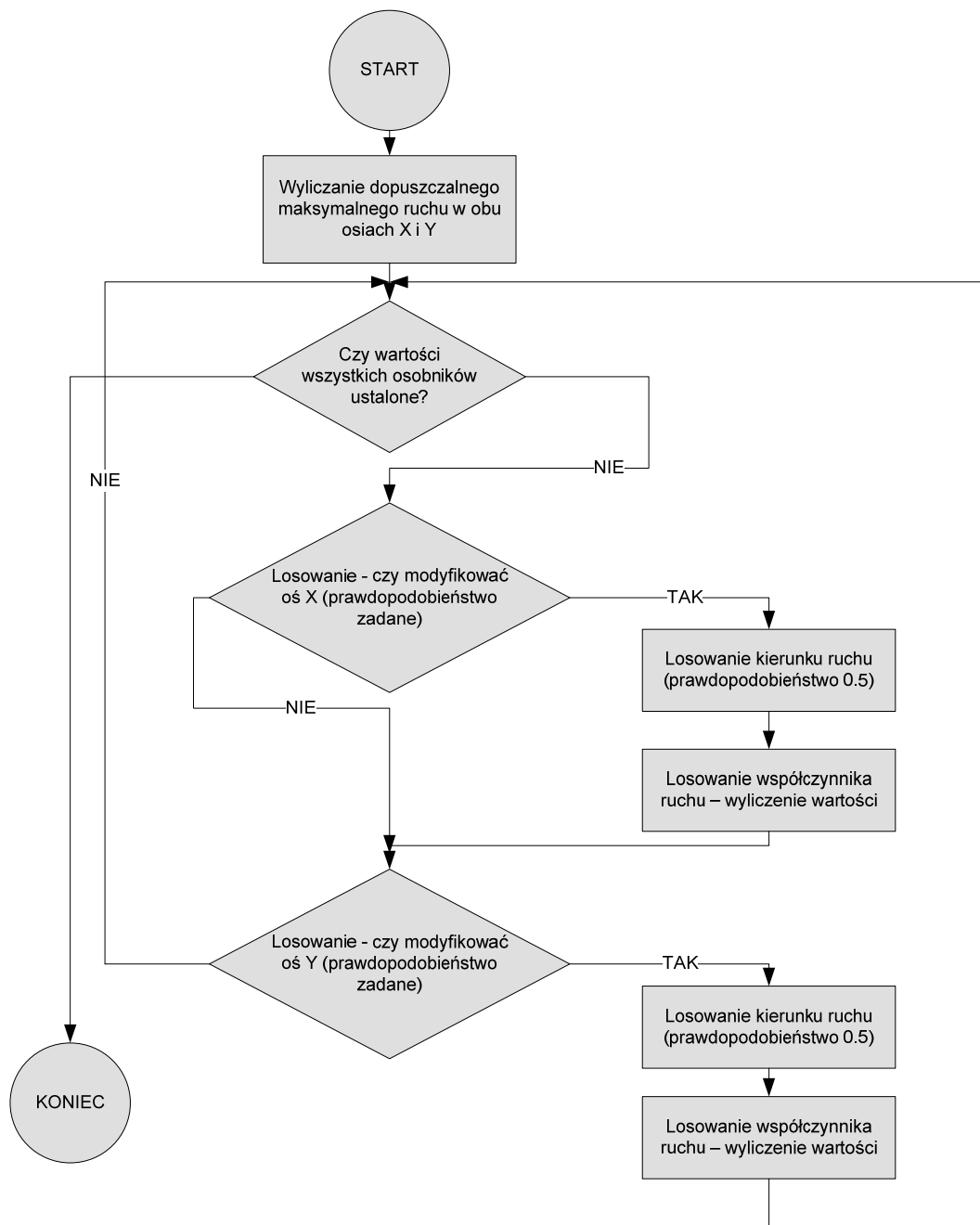
Pierwszy krok, to podzielenie działania algorytmu na dwa moduły. W pierwszym etapie, poszukujemy zgrubnie rozwiązania, poruszając się jedynie 4 ruchomymi węzłami. Po uzyskaniu satysfakcjonującego – zgrubnego wyniku, uwalniamy kolejne 4 węzły.



Rys. 3. Definicja największej odległości międzyelementowej

Drugą metodą, jest zastosowanie pokolenia adaptacyjnego. Polega to, na wprowadzeniu drgań punktów węzłowych. Oprócz tradycyjnego działania algorytmu genetycznego, polegającego na powstaniu nowego pokolenia na podstawie krzyżowania i mutacji osobników z pokolenia poprzedniego, stosuje się sztucznie utworzone pokolenie adaptacyjne. Punkty najlepszego osobnika (ruchome węzły), poddawane są losowym drganiom – drgania są niezależne w osi x i osi y. Wprowadzenie drgań w danej osi, jest realizowane z określonym prawdopodobieństwem (czyli nie zawsze występuje). Amplituda drgań, wyzna-

czana jest jako iloczyn parametru udziału ruchu (definiowany) oraz największej odległości międzyelementowej, ustalonej w każdej osi niezależnie. Tak powstały wynik, jest mnożony jeszcze przez losową wartość z zakresu od 0 do 1 (oznaczony jako współczynnik ruchu). Przykładowe odległości zostały pokazane na rysunku 3. Powstanie pokolenia adaptacyjnego szczegółowo opisane jest poprzez algorytm przedstawiony na rysunku 4.



Rys. 4. Algorytm powstania pokolenia adaptacyjnego

5. ROZWIĄZANIE ZADANIA

Najlepsze rezultaty, uzyskuje się przy zastosowaniu modyfikacji algorytmu genetycznego o pokolenie adaptacyjne i podzieleniu poszukiwania, na dwa etapy – początkowo uwolnienie tylko 4 punktów, a następnie kolejnych 4.

W przeprowadzonej symulacji, próbowano rozwiązać zadanie przedstawione w punkcie 4, wspomnianą metodą. W celu uśrednienia danych przeprowadzono pięć prób. Algorytm zawsze ustawiony był w ten sam sposób. W fazie pierwszej, czyli odnalezieniu najlepszego wyniku przy czterech węzłach ruchomych założono, że algorytm przerywa działanie (fazy pierwszej) w przypadku przekroczenia dwóch godzin czasu symulacji lub też osiągnięcia wartości funkcji celu poniżej 8. Przyjęte parametry symulacji w fazie pierwszej:

- rozmiar populacji 90 osobników (w tym 10 osobników adaptacyjnych);
- rozmiar chromosomu 10 bitów;
- prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0,7;
- prawdopodobieństwo mutacji wynosi 0,2;
- dla populacji adaptacyjnej parametr udział ruchu ustalono na poziomie 0,3.

Wyniki symulacji umieszczono w tabeli 1.

TABELA 1

Wyniki symulacji z fazy pierwszej

	Symulacja 1	Symulacja 2	Symulacja 3	Symulacja 4	Symulacja 5
Ostateczna uzyskana wartość funkcji celu	7,484	7,504	7,369	7,697	7,940
Pokolenie dla którego uzyskano ostateczną wartość funkcji celu	122	70	20	29	47
Czas symulacji	1h06m40s	0h36m14s	0h10m25s	0h15m10s	0h24m51s
Ilość przeliczonych osobników	10980	6300	1800	2610	4230

W fazie drugiej, następuje uwolnienie kolejnych punktów, co w rezultacie prowadzi do osiągnięcia 8 ruchomych węzłów. W tej symulacji, ogranicza się jedynie czas – po osiągnięciu dwóch godzin, obliczenia są przerywane. Przyjęte parametry dla wszystkich symulacji:

- rozmiar populacji 450 osobników (w tym 150 osobników adaptacyjnych);
- rozmiar chromosomu 10 bitów;
- prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0,7;
- prawdopodobieństwo mutacji wynosi 0,2;
- dla populacji adaptacyjnej parametr udział ruchu ustalono na poziomie 0,1.

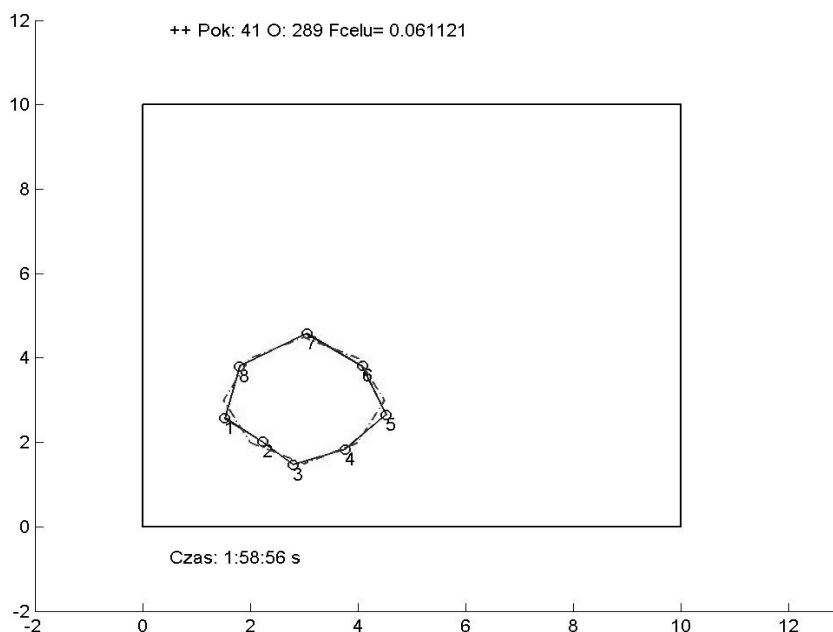
W tabeli 2 zamieszczono wyniki symulacji

TABELA 2

Wyniki symulacji z fazy drugiej

	Symulacja 1	Symulacja 2	Symulacja 3	Symulacja 4	Symulacja 5
Ostateczna uzyskana wartość funkcji celu	0,0611	0,0895	0,0967	0,1944	0,0806

Średnio po dwóch godzinach, przeliczane było 44 pokolenie. Oznacza to, że przeprowadzono obliczenia, dla średnio 19800 różnych kombinacji położenia punktów. Jak widać, wynik uzyskany w pierwszej symulacji jest najlepszy. Na



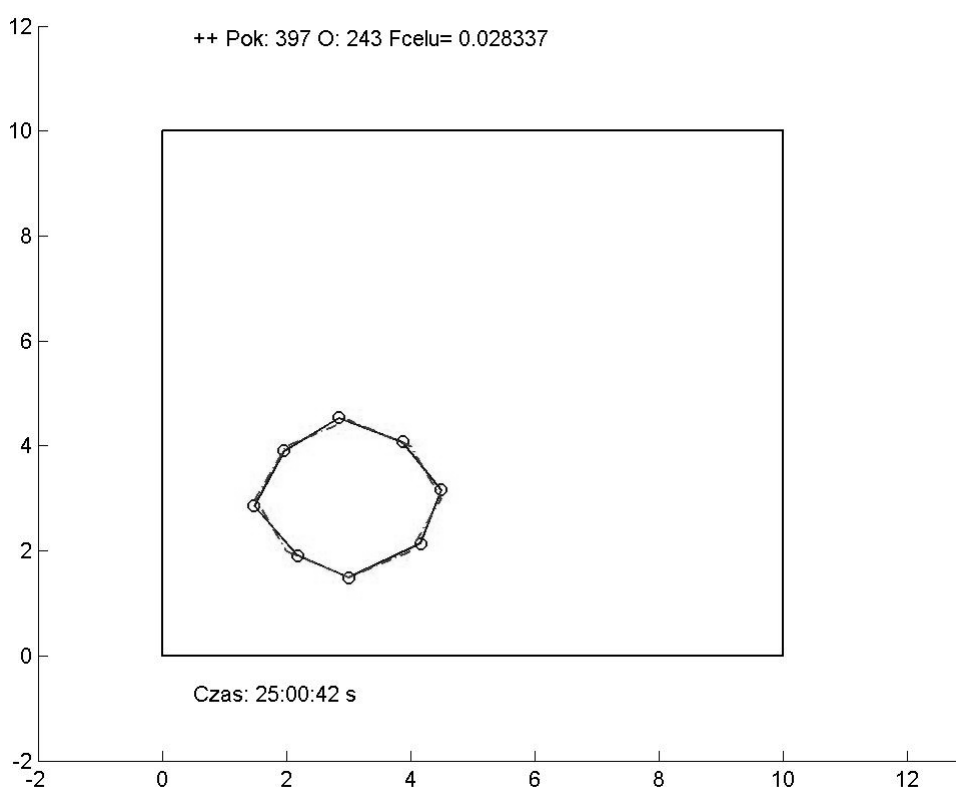
Rys. 5. Najlepszy wynik z przeprowadzonych symulacji uzyskany podczas pierwszej próby

rysunku 5 pokazano, dla jakich punktów został on uzyskany. Linia ciągłą zaznaczono końcowy układ punktów, linią przerywaną zaznaczono poszukiwaną strukturę, podano numerację punktów.

Dla tych samych parametrów, przeprowadzono również jedną próbę bez ograniczenia czasowego w celu osiągnięcia jak naj-

lepszego rezultatu. Jedyną modyfikacją, polegała na zmianie momentu przejścia z fazy pierwszej do drugiej, która w tym przypadku, następowała po

osiągnięciu wartości funkcji celu poniżej 3, lub osiągnięciu 250 pokoleń. W wykonanej symulacji, najpierw nastąpiło osiągnięcie 250 pokoleń. W ostatnim pokoleniu, najlepszy wynik funkcji celu wynosił 5,7874. Po czasie 25 godzin próbę przerwano, osiągnięta wartość celu to 0,02834 – odpowiada ona ułożeniu punktów, tak jak na rysunku 6. Wynik ten, został osiągnięty po wykonaniu 22500 kombinacji w fazie pierwszej oraz 178650 kombinacji w fazie drugiej. Łączny czas symulacji wyniósł 27 godzin i 52 minuty.



Rys. 6. Najlepszy osiągnięty rezultat

6. PORÓWNANIE METOD

Przeprowadzono również analogiczną symulację do przedstawionej w punkcie 5, dla pozostałych dwóch metod – klasycznego podejścia do algorytmu genetycznego oraz metody, w której dzielimy proces na dwie fazy: czterech i ośmiu ruchomych punktów.

W przypadku klasycznego podejścia i symulacji jednofazowej przyjęto parametry:

- rozmiar populacji 450 osobników (brak osobników adaptacyjnych);
- rozmiar chromosomu 10 bitów;
- prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0,7;
- prawdopodobieństwo mutacji wynosi 0,2.

W przypadku podzielenia symulacji na dwie fazy, w fazie pierwszej:

- rozmiar populacji 90 osobników (brak osobników adaptacyjnych);
- rozmiar chromosomu 10 bitów;
- prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0,7;
- prawdopodobieństwo mutacji wynosi 0,2.

W fazie drugiej:

- rozmiar populacji 450 osobników (brak osobników adaptacyjnych);
- rozmiar chromosomu 10 bitów;
- prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0,7;
- prawdopodobieństwo mutacji wynosi 0,2.

TABELA 3

Wyniki symulacji w symulacji jednofazowej

	Symulacja 1	Symulacja 2	Symulacja 3	Symulacja 4	Symulacja 5
Ostateczna uzyskana wartość funkcji celu	9,5779	250,3572	27,7755	64,2445	136,4513
Pokolenie dla którego uzyskano ostateczną wartość funkcji celu	34	35	36	43	39
Ilość przeliczonych osobników	15300	15750	16200	19350	17550

TABELA 4

Wyniki symulacji z fazy pierwszej w symulacji dwufazowej

	Symulacja 1	Symulacja 2	Symulacja 3	Symulacja 4	Symulacja 5
Ostateczna uzyskana wartość funkcji celu	47,0504	18,5180	7,1566	5,916	25,7221
Pokolenie dla którego uzyskano ostateczną wartość funkcji celu	212	213	40	14	213
Czas symulacji	2:00:15	2:00:27	0:22:35	0:07:58	2:00:18
Ilość przeliczonych osobników	19080	19170	3600	1260	19170

TABELA 5

Wyniki symulacji z fazy drugiej w symulacji dwufazowej

	Symulacja 1	Symulacja 2	Symulacja 3	Symulacja 4	Symulacja 5
Ostateczna uzyskana wartość funkcji celu	34,0894	4,9954	2,2313	2,2018	22,9774

Z zestawienia jednoznacznie wynika, że najgorzej radzi sobie algorytm genetyczny jednofazowy – wyniki uzyskiwane po 2 godzinach, były wyraźnie słabsze od wyników uzyskiwanych choćby w pierwszej fazie algorytmu dwufazowego. Powód jest zrozumiały – od pierwszych prób symulowania, struktura jest ośmiopunktowa. Intuicyjnie wiadomo, że możliwości ułożenia punktów (węzłów) jest wiele więcej, tak więc trudniej „trafić” w te dobre. Tym samym, kolejne powstałe pokolenia, wolniej dążą do wyników zbliżonych do szukanej struktury.

W przypadku działania algorytmu genetycznego dwufazowego widać, że w tym samym czasie działania (czyli po dwóch godzinach), udało się uzyskać strukturę bardziej odpowiadającą szukanej. Jednocześnie, można zaobserwować, że dużo zależy od wylosowanego pierwszego pokolenia. Jeżeli już na początku uda się wylosować punkty, które blisko odzwierciedlają szukaną strukturę (symulacje 3 i 4), wówczas dość szybko działanie pierwszej fazy się kończy (ze względu na fakt osiągnięcia zadowalająco niskiej wartości funkcji celu). W rezultacie, algorytm po kolejnych dwóch godzinach, uzyskuje wyraźnie lepsze wyniki – w danym przypadku funkcja celu, wynosi nieznacznie ponad 2,2.

Najlepsze rezultaty, osiąga jednak opisana metoda z osobnikami adaptacyjnymi. Jest to łatwe do wytłumaczenia – przede wszystkim – jest to zestawienie tradycyjnego algorytmu genetycznego, w którym kolejne pokolenia dziedziczą w jak największym stopniu z osobników najlepiej przystosowanych, z drugiej jednak strony, pokolenia te są wzbogacone o sztucznie utworzone osobniki, bardzo bliskie najlepszemu z poprzedniego pokolenia. Ponadto wprowadza to więcej różnych osobników. Szczególnie podczas dłuższych symulacji algorytmu genetycznego jedno i dwufazowego, daje się zaobserwować, pewne ujednoczenie pokoleń tzn. położenia punktów są bardzo zbliżone w kolejnych osobnikach, co powoduje, że krzyżowanie, nie przynosi zamierzonych efektów i powstające kolejne kombinacje, powtarzają te z poprzedniego pokolenia. W zasadzie jedyne zmiany są spowodowane przez mutacje, jednak ze względu na dużą liczebność pokoleń, kolejne generacje powstają wolno, co powoduje, że algorytm nie jest tak szybko zbieżny. Wydaje się, że znaczące usprawnienie można by uzyskać, zmniejszając liczebność pokoleń wraz z czasem symulacji. Przeprowadzone badania wykazują jednak, że algorytm, w którym uzyskuje się część pokolenia jako osobniki adaptacyjne w badanych strukturach, osiąga

najszybszą zbieżność. Potwierdzają to wyniki zaprezentowane w opracowaniu – w każdej próbie przeprowadzonej przy użyciu metody adaptacyjnej, pierwsza faza symulacji zakończyła się przed limitem czasu (tabela 1), co spowodowane było uzyskaniem zadowalającego wyniku wartości funkcji celu przy symulacji czteropunktowej. Najgorszy uzyskany wynik, po kolejnych dwóch godzinach fazy drugiej (0,1944 – tabela 2, symulacja 4) jest ponad 11-krotnie lepszy od najlepszego w metodzie dwufazowej, bez wykorzystania osobników adaptacyjnych (2,2018 – tabela 5, symulacja 4). Jednocześnie najlepszy uzyskany wynik jest lepszy aż 36-krotnie (0,0611 – tabela 2, symulacja 1).

LITERATURA

1. Dyer Charles, Gaussian Quadrature, <http://pathfinder.scar.utoronto.ca/dyer/csca57/bookP/node44.html>, kwiecień 2008
2. Filipowicz Stefan Franciszek, Rymarczyk Tomasz: Tomografia impedancyjna pomiary, konstrukcje i metody tworzenia, BEL Studio, Warszawa 2003
3. Gwiazda Tomasz Dominik: Algorytmy genetyczne. Kompendium, Tom 1 i 2, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2007
4. Jabłoński Paweł: Metoda elementów brzegowych w analizie pola elektromagnetycznego, Wydawnictwo Politechniki Częstochowskiej, Częstochowa, 2003
5. Sikora Jan: Boundary Element Method for Impedance and Optical Tomography, 2007
6. Sikora Jan: Algorytmy numeryczne w tomografii impedancyjnej i wiroprądowej, Oficyna Wydawnicza Politechniki Warszawskiej, Warszawa 2000
7. Waleska Bartosz: Analiza pola w strukturze niejednorodnej metodą elementów brzegowych, Prace Instytutu Elektrotechniki, zeszyt 238, 2008
8. Zalewski Andrzej, Cegiela Rafał: Matlab - obliczenia numeryczne i ich zastosowanie, Wydawnictwo Nakom, Poznań, 2003

Rękopis dostarczono, dnia 15.09.2009 r.

Opiniował: dr hab. inż. Antoni Cieśla

PRACTICAL APPLICATION OF GENETIC ALGORITHMS TO SOLUTION REVERSE PROBLEM IN BOUNDARY ELEMENT METHOD

B. WALESKA

ABSTRACT *Present document shows Boundary Element Method analysis in selected non-homogeneous geometric structure. It introduce algorithm to solve reverse problem using Generic Algorithms. It brings few modifications of method to faster solve selected (define) structure.*

Mgr inż. Bartosz WALESKA jest absolwentem Technikum Elektrycznego im. Tadeusza Kościuszki w Opolu. Praca dyplomowa obejmowała tematy: „Rejestrator Energii RE04” oraz „Laboratoryjny system oczyszczania ścieków” – realizowany pod patronatem i we współpracy z Uniwersytetem Opolskim. Absolwent wydziału elektrycznego Politechniki Warszawskiej kierunku Automatyka i Robotyka. Praca magisterska realizowana w Instytucie Sterowania i Elektroniki Przemysłowej pt. „Zastosowanie systemu BACnet w realizacji sterowania, monitoringu i wizualizacji centrali klimatyzacyjnej”. W chwili obecnej, autor jest pracownikiem działu Badawczo-Rozwojowego dużej polskiej firmy związanej z przemysłem petrochemicznym. Uczestnik Studiów Doktoranckich Instytutu Elektrotechniki w Międzyzlesiu.