

УДК 004.8

Н.Р. КОНДРАТЕНКО, О.А. ТКАЧУК

Вінницький національний технічний університет, Вінниця

ВИКОРИСТАННЯ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ ДЛЯ НАСТРОЮВАННЯ ІНТЕРВАЛЬНОЇ НЕЧІТКОЇ МОДЕЛІ ТИПУ-2 В ЗАДАЧАХ ІДЕНТИФІКАЦІЇ НЕРІВНОВАЖНИХ ОБ'ЄКТІВ

Анотація. Запропоновано генетичний алгоритм для настроювання інтервальної нечіткої моделі типу-2 в задачі ідентифікації станів нерівноважних об'єктів з багатьма входами та виходами. Подано опис структури генетичного алгоритму, що має хромосоми з неоднорідною структурою, та реалізація операцій мутації та схрещування.

Ключові слова: генетичний алгоритм, інтервальна нечітка модель типу-2, нерівноважний об'єкт з багатьма входами та виходами, нечіткі логічні системи.

Аннотация. Предложен генетический алгоритм для настройки интервальной нечеткой модели типа-2 в задаче идентификации состояний неравновесных объектов со многими входами и выходами. Дано описание структуры генетического алгоритма, имеющего хромосомы с неоднородной структурой, а также реализация операций мутации и скрещивания.

Ключевые слова: генетический алгоритм, интервальная нечеткая модель типа-2, неравновесный объект с многими входами и выходами, нечеткие логические системы.

Abstract. We propose a genetic algorithm to adjust the interval fuzzy model of type-2 in the identification problem of nonequilibrium states of objects with multiple inputs and outputs. We describe the structure of the genetic algorithm, which has chromosomes with heterogeneous structure, as well as sales operations mutation and crossover.

Keywords: genetic algorithm, interval fuzzy model of type 2, non-equilibrium object with multiple inputs and outputs, the fuzzy logic systems.

Вступ

Ефективний контроль та діагностування станів складних технологічних об'єктів є актуальною задачею в сучасному суспільстві, оскільки значний ріст складності обладнання та експлуатація технологічних об'єктів в умовах напружених режимах функціонування висувають нові вимоги до методів контролю та діагностування. Автоматизовані системи діагностування та контролю повинні забезпечувати підвищення ефективності функціонування технологічних об'єктів, що перебувають в нештатних режимах за рахунок оперативного розпізнавання їх станів на основі аналізу певного набору параметрів [1]. Оскільки клас об'єктів, що розглядається, характеризується множиною параметрів, значення яких можуть відхилятися за випадковим законом, то найбільш ефективними методами їх аналізу є методи, які враховують невизначеності. Відомо, що до таких методів відносять методи, які мають ймовірнісний характер або методи, що базуються на теорії нечітких множин. Саме для нерівноважних об'єктів, які працюють в нештатних режимах [1], стає неможливим зібрати необхідний об'єм даних для успішної реалізації методів першого класу. Тому для дослідження таких об'єктів перевагою володіють методи, які враховують невизначеності на основі апарату нечітких множин [2,3]. Такі методи дають можливість використати суб'єктивні оцінки експертів та побудувати нечіткі логічні системи (НЛС), що надають додаткову інформацію для діагностування [4]. Але, як відмічають багато фахівців з даної галузі, достатньо складною проблемою для вирішення задач ідентифікації станів складних об'єктів, за допомогою НЛС, залишається етап розробки потужних оптимізаційних алгоритмів, що використовують на різних етапах їх проектування [4,5].

Актуальність

Використання інтервальних нечітких моделей типу-2 для ідентифікації станів складних технічних об'єктів в нештатних режимах передбачає настроювання моделі оптимізаційними алгоритмами. Тому є необхідним розробити потужний генетичний алгоритм, який дозволить розв'язати задачу настроювання параметрів функцій належності для вхідних та вихідних змінних інтервальної нечіткої моделі типу-2.

Мета

Метою досліджень є підвищення якості настроювання параметрів функцій належності, які використовуються для опису інтервальних нечітких множин типу-2 термів лінгвістичних змінних.

Постановка задачі

Поставимо задачу розробити генетичний алгоритм, який буде спроможний проводити настроювання параметрів інтервальної нечіткої моделі типу-2. Реалізація такого генетичного алгоритму передбачає побудову складної хромосоми з неоднорідною структурою, що дозволить зберігати інформацію про стани об'єкта з багатьма входами та виходами.

Математична модель та методика досліджень

Представимо математичну модель для розв'язання поставленої задачі у вигляді нечіткої моделі ідентифікації. Цю модель можна представити у вигляді структури, зображеної на рис. 1.

Модель відображає чіткі $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_p)$ та нечіткі $\tilde{\mathbf{x}}$ входи у інтервальні та чіткі виходи: $\mathbf{Y} = ([y_{1l}, y_{1r}], \dots, [y_{nl}, y_{nr}])$ і $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_n)$. Для опису нечітких термів лінгвістичних змінних будемо використовувати інтервальні нечіткі множини типу-2. Тоді математична модель представляє собою інтервальну нечітку модель типу-2, що включає базу правил (нечітку базу знань), процедуру приведення до нечіткості, процедуру нечіткого логічного виведення, процедуру пониження типу та процедуру приведення до чіткості [3].

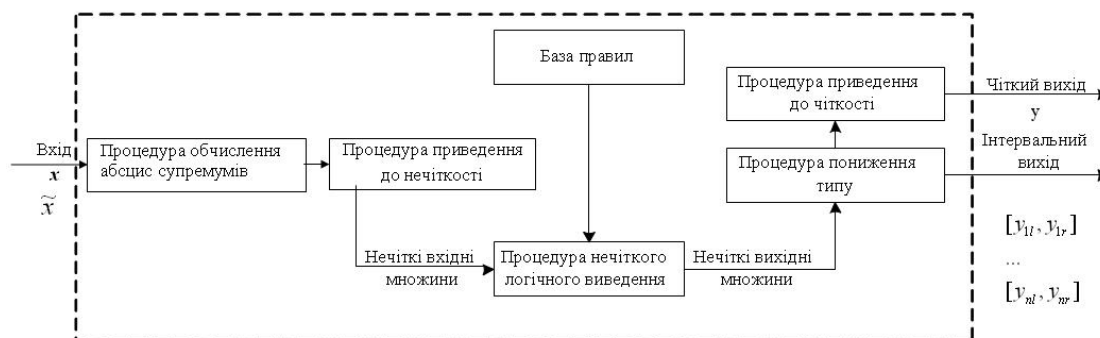


Рисунок 1 – Структура інтервальної нечіткої моделі типу-2

Для опису інтервальних нечітких множин типу-2 термів лінгвістичних змінних будемо використовувати гаусові первинні функції належності з невизначеним центром і сталим відхиленням або зі сталим центром та невизначеним відхиленням.

Гаусова первинна функція належності з невизначеним центром $m \in [m_l, m_r]$ і сталим відхиленням σ визначається такою формулою [4]:

$$\mu_A(x) = e^{-\frac{1}{2} \left(\frac{x - [m_l, m_r]}{\sigma} \right)^2} \quad (1)$$

Гаусова первинна функція належності зі сталим центром m і невизначеним відхиленням $\sigma \in [\sigma_l, \sigma_u]$ задається таким чином [5]:

$$\mu_A(x) = e^{-\frac{1}{2} \left(\frac{x - m}{[\sigma_l, \sigma_u]} \right)^2} \quad (2)$$

Для опису нечітких входів будемо використовувати гаусові функції типу:

$$\mu_{x_k}(x_k) = e^{-\frac{1}{2} \left(\frac{x_k - m_{x_k}}{\delta_{x_k}} \right)^2}$$

де $k = 1..p$, з наступною процедурою обчислення абсцис супремумів [3].

Графіки гаусових первинних функцій належності з невизначеним центром і сталим відхиленням (1) та зі сталим центром і невизначеним відхиленням (2) наведено на рис. 2 і рис. 3 відповідно.

Наведені інтервальні функції належності настроюються за допомогою генетичного алгоритму, який подано нижче. Нехай дана певна складна цільова функція, яка залежить від декількох змінних, і потрібно знайти такі значення змінних, при яких значення функції максимальне або мінімальне. Тоді розв'язок цієї задачі за допомогою генетичного алгоритму складається з таких кроків. Кожен варіант (набір значень змінних) розглядається як особина, а значення цільової функції для цього варіанту – як пристосованість даної особини. В процесі еволюції пристосованість особин буде зростати. Це означає, що будуть з'являтися більш кращі оптимальні варіанти. Зупинивши еволюцію в певний момент та вибравши кращий варіант, можна отримати достатньо прийнятний розв'язок задачі.

Таким чином, щоб розв'язати задачу в даній постановці, потрібно розробити послідовність операцій, які моделюють еволюційні процеси на основі аналогів механізмів генетичного наслідування і природного відбору.

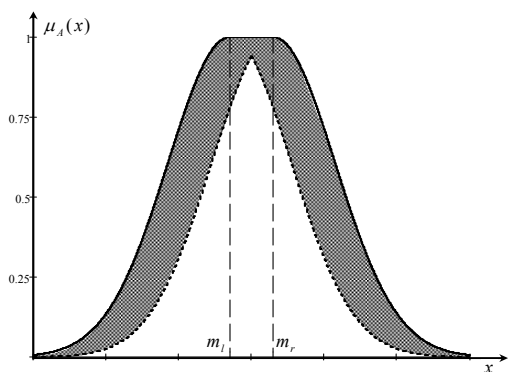


Рисунок 2 – Гаусова первинна функція належності з невизначеним центром і сталим відхиленням

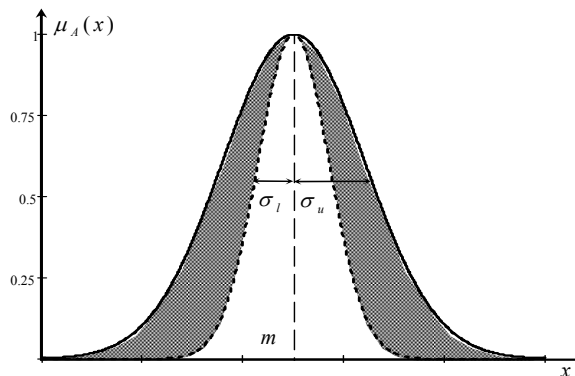


Рисунок 3 – Гаусова первинна функція належності зі сталим центром і невизначеним відхиленням

Представимо загальну схему базового генетичного алгоритму, як ітераційний процес, що складається з кількох етапів:

- 1) генерація початкової популяції;
- 2) створення нащадків:
 - a. вибір батьківської пари і здійснення схрещування;
 - b. внесення мутаційних змін у популяцію;
- 3) відбір і формування нового покоління;
- 4) якщо не виконується умова зупинки – перехід до пункту 2.

За даною схемою запропонуємо генетичний алгоритм, структурна схема якого представлена на рис. 6. Для оцінювання значень пристосованості рішень у якості цільової функції запропонуємо критерій, який дозволяє оцінювати якість моделі з багатьма виходами:

$$MRMSE_{tr} = \frac{1}{\sqrt{N_{tr}}} \sum_{k=1}^n \sqrt{\sum_{i=1}^{N_{tr}} (y_{ki} - y_{ki}^e)^2}$$

де y_{ki}^e – експериментальне значення k -го вихідного параметра i -тої навчальної пари; N_{tr} – число навчальних пар.

Задача навчання запропонованої нечіткої моделі полягає у пошуку такого рішення, при якому $MRMSE_{tr} \rightarrow \min$. Структуру хромосоми представимо двома кроками. На першому кроці покажемо вигляд хромосоми для нечіткої моделі типу-1. Структура хромосоми представлена на рис. 4.

| | | | | | | | | | | | | |
|--------------|-----|--------------|--------------|-----|--------------|-----|--------------|-----|--------------|-----------|-----|-----------|
| m_1^1 | ... | m_1^M | m_2^1 | ... | m_2^M | ... | m_p^1 | ... | m_p^M | y^{G^1} | ... | y^{G^M} |
| σ_1^1 | | σ_1^M | σ_2^1 | | σ_2^M | | σ_p^1 | | σ_p^M | | | |

Рисунок 4 – Структура хромосоми нечіткої моделі типу-1

Для інтервальної нечіткої моделі типу-2 дана структура на рис. 5.

| | | | | | | | | | |
|----------------|-----|----------------|-------------|-----|----------------|-----|----------------|-----|-------------|
| $(u_l)_1^1$ | | $(u_l)_1^M$ | $(u_l)_2^1$ | | $(u_l)_2^M$ | | $(u_l)_p^1$ | | $(u_l)_p^M$ |
| $(u_r)_1^1$ | ... | $(u_r)_1^M$ | $(u_r)_2^1$ | ... | $(u_r)_2^M$ | ... | $(u_r)_p^1$ | ... | $(u_r)_p^M$ |
| c_1^1 | | c_1^M | c_2^1 | | c_2^M | | c_p^1 | | c_p^M |
| $y_{1l}^{G^1}$ | | $y_{1l}^{G^M}$ | | | $y_{1l}^{G^1}$ | | $y_{1l}^{G^M}$ | | |
| $y_{1r}^{G^1}$ | ... | $y_{1r}^{G^M}$ | ... | | $y_{1r}^{G^1}$ | ... | $y_{1r}^{G^M}$ | | |

Рисунок 5 – Структура хромосоми інтервальної нечіткої моделі типу-2

Вона модифікована за рахунок введення наступних параметрів: u позначає невизначений параметр первинних функцій належності (центр m або відхилення σ), який визначається крайньою лівою u_l та крайньою правою u_r точками: $u \in [u_l, u_r]$, а s – визначений параметр первинних функцій належності.

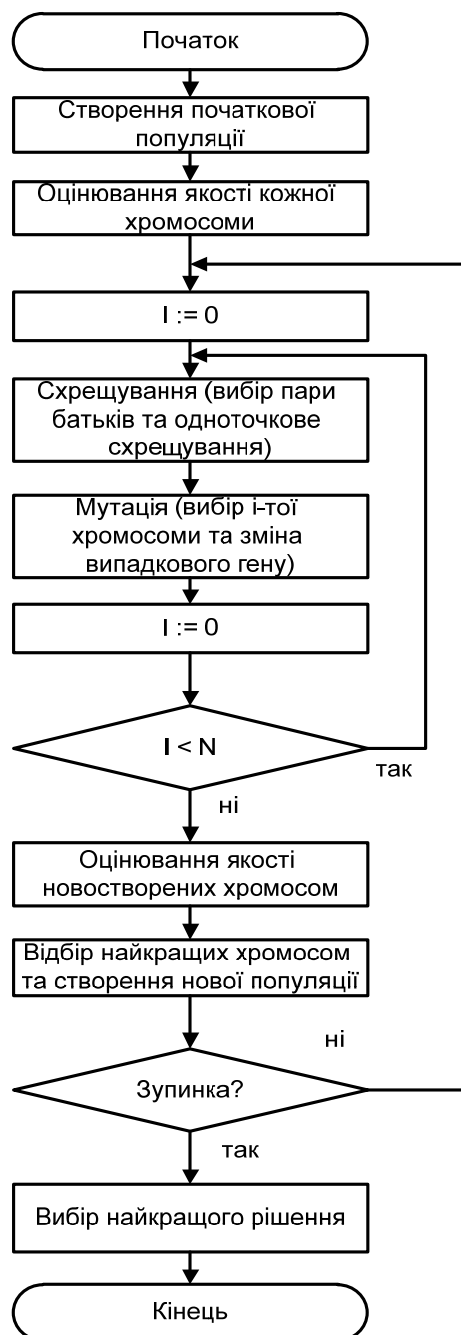


Рисунок 6 – Структурна схема генетичного алгоритму

Операція схрещування полягає у виборі випадкового числа z від 1 до p та формування хромосоми-нащадка O шляхом поєднання генів першої хромосоми-батька $P1$, що передують вибраній точці, та генів другої хромосоми-батька $P2$, що слідує за вибраною точкою.

Мутація відбувається заміною випадкового елемента хромосоми на випадкове число, що вибирається з діапазону можливих значень.

Комп'ютерний експеримент

Для проведення експерименту було створено програму, яка працює з тестовою вибіркою. В результаті роботи програми було отримано наступні результати.

Кількість ітерацій – 143736. Критерій пристосованості до початку роботи генетичного алгоритму становив 101, 4872093, після проведення експерименту – 46,0938273. Нижче представлено фрагмент з тестової вибірки, де показано зміну параметру σ в результаті роботи генетичного алгоритму.

| σ до навчання ГА | σ після навчання ГА |
|----------------------------|----------------------------|
| 3,8905469648 | 3,7506939674 |
| 4,2255974788 | 1,2025479419 |
| 3,7233686431 | 2,4346371751 |
| 2,2230133464 | 2,0326030962 |
| 3,4731052053 | 3,4731052053 |
| 3,2149203455 | 3,1779322136 |
| 3,2896343962 | 3,2291693861 |
| 4,2779859570 | 2,0799155357 |
| 2,8825057430 | 2,8519815499 |
| 4,0882303156 | 3,2521846952 |

Висновки

Запропоновано генетичний алгоритм, який використовує хромосоми складної структури, що дозволяє проводити настроювання параметрів інтервальних функцій належності.

За допомогою генетичного алгоритму відбувається налаштування параметрів інтервальної нечіткої моделі типу – 2, що дозволяє підвищити якість ідентифікації станів складних об'єктів з багатьма входами та виходами в технічних системах.

Подальші дослідження будуть пов'язані з побудовою на основі запропонованого генетичного алгоритму методів побудови нечітких логічних систем та дослідження об'єктів з багатьма входами та виходами у випадку нечітких вхідних даних.

Список використаної літератури

1. Гузик В. Ф. Статистическая диагностика неравновесных объектов / В. Ф. Гузик, В. И. Кидалов, А. П. Самойленко – Санкт-Петербург: «Судостроение», 2009. – 304 с.
2. Ротштейн А. П. Интеллектуальные технологии идентификации: нечеткие множества, генетические алгоритмы, нейронные сети / А. П. Ротштейн. – Вінниця: УНІВЕРСУМ-Вінниця, 1999. – 320 с.
3. Mendel J. M. Advances in Type-2 Fuzzy Sets and Systems/ J. M. Mendel // Information Sciences. – 2007. – Vol. 177. – P. 84–110.
4. Кондратенко Н.Р. Интервальные нечеткие модели типа – 2 в задачах идентификации объектов с багатьма входами та виходами / Н.Р. Кондратенко, О.В. Чеборака, О.А. Ткачук - // Системи обробки інформації. Збірник наукових праць – 2011 – випуск №3 – с. 48-52
5. Білан С. М. Дослідження можливостей генетичного алгоритму в задачах про комівояжера / С. М. Білан, Н. Р. Кондратенко, О. А. Ткачук – Реєстрація, зберігання і обробка даних, НАН України, №6, т. 3, ст. 33-39, – Київ 2004.

Стаття надійшла до редакції: 30.06.2010.

Відомості про авторів

Кондратенко Наталія Романівна - кандидат технічних наук, доцент, професор кафедри захисту інформації. Вінницький національний технічний університет, Хмельницьке шосе, 95, м. Вінниця, 21021, Роб. тел. – (0432) 59-23-80, E-mail – kondrn@yandex.ru.

Ткачук Олег Анатолійович - аспірант кафедри захисту інформації. Вінницький національний технічний університет, Хмельницьке шосе, 95, м. Вінниця, 21021, E-mail – otkachuk@gmail.com.