КОМПОЗИЦИОННЫЙ МЕТОД ЭВОЛЮЦИОННОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ В ПРОЕКТНИХ ЗАДАЧАХ

Златкін А.А. , д.т.н., професор, Снитюк В.Е., к.т.н., доцент
Черкасский государственный технологический университет

In this paper the composite method for the optimum values of the input parameters definition is offered. The compositive approach allow the efficiency forecasting without analytical functions.

Введение. Программированное сопровождение сложных технических систем по этапам их жизненного цикла [1] предполагает известными на этапе научных исследований и проектирования кроме входных X и выходных Y характеристик, также вектор прикладных задач P, которые будут решаться системой, вектор возможных стратегий управления (распределения ресурсов) S и вектор возможных структур C (рис.1). Вектор S, в значительной степени, определяется инициативой руководителя и на этапе проектирования возможно лишь предположение о его компонентах и их целесообразности. Системы с переменной структурой в современных условиях непрерывно меняющегося рынка являются одним из инструментов осуществления эффективного производства.

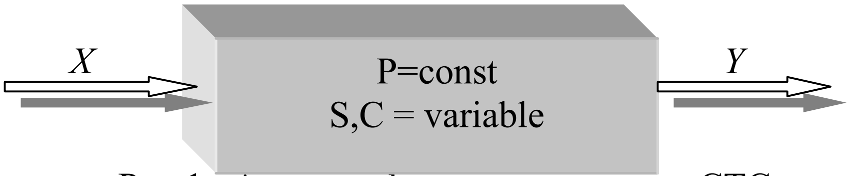

Рис.1. Аспекты функционирования СТС

На нижнем уровне дерева целей СТС находятся выходные характеристики, получение определенных значений которых необходимо для достижения глобальной цели создаваемой системы. Очевидно [2], что каждая характеристика есть функцией от P, S, C и количественно оценивается показателем эффективности. Интегральной оценкой СТС является критерий эффективности

$$E = \Phi(Y) = \Phi(\circ\varphi(P, C, S)), \qquad (1)$$

где φ - показатели эффективности, $\circ$ - знак композиции, указывающий на то, что интегральная функция может быть как суммой или произведением, так и некоторой другой зависимостью.

Предположим, что существует опыт проектирования подобных систем и существуют статистические данные о l прототипах в виде матрицы

$$\begin{pmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1n} & \varphi_{11} & \varphi_{12} & \dots & \varphi_{1m} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2n} & \varphi_{21} & \varphi_{22} & \dots & \varphi_{2m} \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ x_{l1} & x_{l2} & \dots & x_{\ln} & \varphi_{l1} & \varphi_{l2} & \dots & \varphi_{lm} \end{pmatrix} \text{ или } \begin{pmatrix} x_{11} & x_{21} & x_{2n} & E_1 \\ x_{21} & x_{22} & x_{2n} & E_2 \\ & & & \\ x_{l1} & x_{l1} & x_{\ln} & E_l \end{pmatrix}, \qquad (2)$$

где φ_{ij} - показатель эффективности для i-й характеристики j-го прототипа, E_j - его значение критерия эффективности, n - количество элементов входного вектора. Максимальное значение E достигается при определенных значениях компонент вектора X. Классический подход заключается в нахождении аналитической зависимости

$$\overline{\varphi} = \overline{f}(x_1, x_2, ..., x_n) \text{ или } E = f(x_1, x_2, ..., x_n) \qquad (3)$$

и методами дифференциального исчисления максимума функции f. Но если матрица исходных данных имеет первое представление и f есть вектор-функцией, то достаточно точное аналитическое выражение получить невозможно, поскольку как значения входных параметров так и выходных характеристик зависимы между собой. Во втором случае, если зависимость (3) нелинейная, то поиск экстремума сопряжен со значительными трудностями, особенно если поверхность, заданная функцией f, имеет много локальных экстремумов. Решить эти проблемы предлагается не аналитическими методами, а с помощью синтетического подхода, используя нейронную сеть в композиции с генетическим алгоритмом. Нейронная сеть даст возможность вычислить значение функции без ее аналитического представления, а генетический алгоритм не позволит оказаться в локальном экстремуме.

Постановка задачи. Предположим известными возможные интервалы значений

$$x_1 \in [a_1, b_1], \; x_2 \in [a_2, b_2], ..., x_n \in [a_n, b_n]. \qquad (4)$$

При этом возможны следующие случаи:

1. Известны законы распределения входных параметров.
2. Известны их функции принадлежности [3].
3. Для некоторых параметров известны функции распределения, для других – функции принадлежности.
4. Все значения параметров равновероятны.

Рассмотрим четвертый случай. Необходимо решить задачу нахождения

$$\max_{\left(x_1^{i_1}, x_2^{i_2}, ..., x_n^{i_n}\right)} E(*) \qquad (5)$$

с заданной точностью ε. То, что решение будет иметь такую точность, определяется из неравенства

$$\min_i \left| x_i - x_i^* \right| < \varepsilon, \qquad (6)$$

где x_i^* - точное значение параметра, x_i - вычисленное.

Подготовка исходных данных. Для того, чтобы синтезировать функцию эффективности (целевую функцию) нейронной сетью исходные данные необходимо подготовить. Если среди значений входных параметров есть и положительные и отрицательные, то в качестве активационной функции [4] лучше использовать гиперболический тангенс или сигмоид со смещением $-\frac{1}{2}$, если только положительные значения , то классический сигмоид. Исходные данные для адекватной обработки необходимо нормировать. Наиболее оптимальными есть следующие выражения:

$$x' = \frac{x^* - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}}, \quad x' = \frac{x - \overline{x}}{\overline{\sigma}}, \quad x' = \frac{1}{1 + e^x}, \qquad (7)$$

где $\overline{x}$ и $\overline{\sigma}$ - выборочные среднее и среднее квадратическое отклонение, соответственно. Но каждое из этих выражений имеет и недостатки. Так первое преобразование можно использовать лишь в предположении, что оптимальное значение ни одного из параметров не выйдет за пределы отрезка $[x_{\min}, x_{\max}]$. Для использования второго преобразования необходимо вычислять дополнительные величины и нельзя использовать классический сигмоид. В третьем случае возможно искажение тенденции изменения нормированных данных по сравнению с исходными. Выбрав способ нормировки необходимо также соответственно корректировать и значение ошибки.

Композиционный метод. На нормированном наборе (X, E), используя метод обратного распространения ошибки, без ограничения общности, предварительно разработав структуру нейронной сети, осуществим ее обучение. Генетический алгоритм [5] предполагает разбиение отрезка $[0,1]$, в котором после нормировки находятся все данные. Количество узлов разбиения m выберем таким, чтобы выполнялось неравенство $\frac{1}{m} < \varepsilon'$, где ε' - специальным образом нормированная ошибка. Отсюда следует, что достаточно взять $m = \left[\frac{1}{\varepsilon'}\right] + 1$.

Нормированный вектор входных данных представим в виде одной хромосомы, длиной $n \cdot p$, где p есть длина бинарного фрагмента, кодирующая один входной параметр и определяется из соотношения

$$2^p = m \Rightarrow p = \log_2 m. \qquad (8)$$

Практически $p = [\log_2 m] + 1$. Хромосома имеет вид (при p=5):

$$\underset{x'_1}{1011} \quad \underset{x'_2}{11001} \quad ..... \quad \underset{x_{n'}}{10110.}$$

Единицей представления данных будет $\frac{1}{2^p - 1}$ (рис. 2).

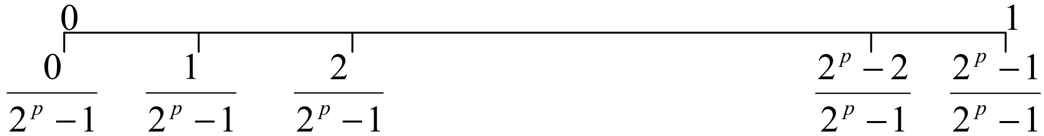

Рис.2. Разбиение отрезка

Необходимо создать начальную популяцию. Очевидно, что в генеральной совокупности 2^{pn} индивидуумов (точек). Число это достаточно большое, поэтому предположим объем выборочной популяции равным $q << 2^{pn}$. Для того чтобы ее получить, генерируем матрицу $R = (r_{ij})_{i=1,\, j=1}^{q \quad n}$ случайных чисел из отрезка $[0,1]$, имеющих равномерное распределение. Подадим на вход обученной сети по очереди строки матрицы R и получим на выходе вектор

$E^{'} = (E_1^{'}, E_2^{'}, ..., E_q^{'})$. Вычислим среднюю эффективность $\overline{E}^{'} = \frac{1}{q}\sum E_i^{'}$, рассчитаем элементы вектора $E_i^{''} = \frac{E_i^{'}}{\overline{E}^{'}}$, $i = \overline{1,q}$ и его пронормируем

$$E_{in}^{''} = E_i^{''} \Big/ \sum E_i^{''} . \qquad (9)$$

Разобьем отрезок $[0,1]$ на q отрезков следующим образом (рис.3):

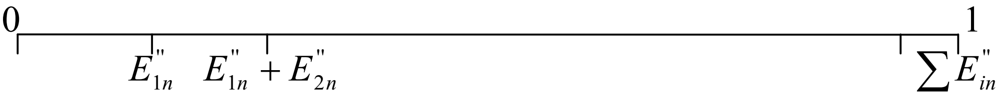

Рис.3. Дискретизация отрезка [0,1] по эффективности

Генерируем снова два случайных числа $z_1, z_2 \in [0,1]$. Если $z_1 \in \left[\sum_{i=0}^{j} E_{in}^{''}, \sum_{i=0}^{j+1} E_{in}^{''}\right]$, $j = \overline{0, q-1}$, то в качестве первого родителя выбираем r_{j+1}, предварительно преобразованного к бинарному виду следующим образом. Если $r_{j+1\,k} \in \left[\frac{i}{2^p - 1}, \frac{i+1}{2^p - 1}\right]$, то $r_{j+1\,k}^{'} = i+1$ в десятеричной системе счисления. Преобразуем $r_{j+1\,k}^{'}$, $k = \overline{1,n}$ к бинарному виду и сформируем первую родительскую хромосому. Аналогично формируется и вторая хромосома.

После определения родительских генотипов необходимо сформировать генотип потомка. Для этого зададим вероятности P_k - кроссовера, P_i - инверсии, P_m - мутации. Следуя природному отбору, будем считать, что

$$P_i << P_m << P_k . \qquad (10)$$

С вероятностью P_k проведем кроссовер, далее с вероятностью 0,5 выберем одного потомка и с соответствующими вероятностями осуществим инверсию и мутацию. Розыграем случайное число из множества {0, 1, 2, ..., q} и индивидуума с таким номером исключим из матрицы R. На его место, осуществивив предварительно преобразование пофрагментно к десятичному виду, запишем потомка. Данную последовательность операций (рис.4) проводят до тех пор, пока средняя эффективность в одной эпохе будет отличаться от средней эффективности в следующей на достаточно малое число.

Выводы. При бинарном кодировании значений входных параметров неизбежно возникает некоторая избыточность. Один из способов ее преодоления есть равенство нулю целевой функции (критерия эффективности) в точках, значения которых превышают максимально возможные. В статье также не рассматривались вопросы, связанные с наличием другой априорной информации о начальных данных, кроме известности об их равномерном распределении. Предложенный метод целесообразно использовать и для определения отдельных показателей эффективности, что представляет значительную трудность для классических аналитических подходов.

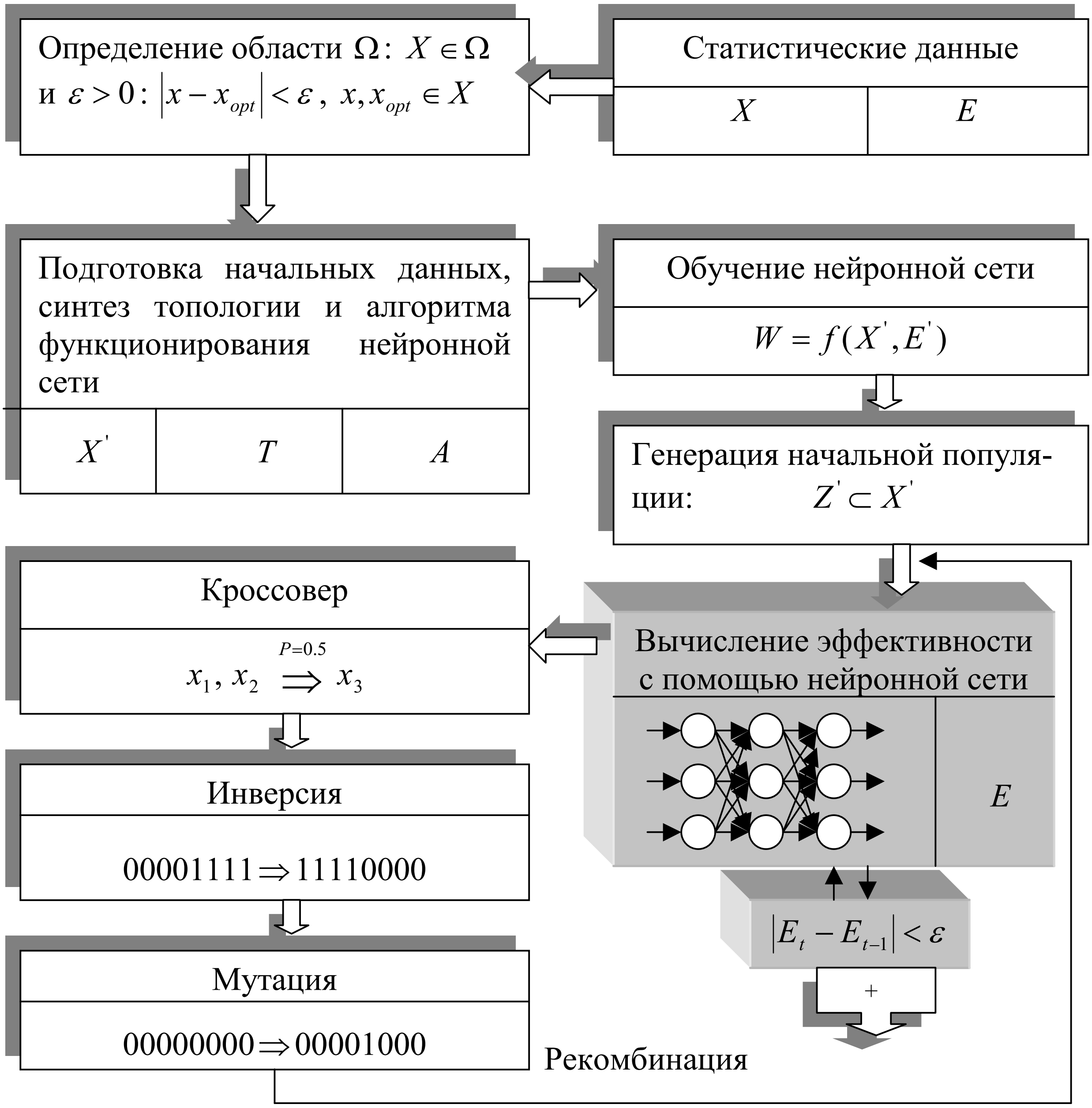

Рис.4. Структурная схема композиционного метода

Литература

1. Тимченко А.А., Родионов А.А. Основы информатики системного проектирования объектов новой техники. – К.: Наук. думка, 1991. – 152 с.
2. Матвеевский С.Ф. Основы системного проектирования комплексов летательных аппаратов. - М.: Машиностроение, 1987. - 239 с.
3. Дюбуа Д., Прад А. Теория возможностей. - М.: Радио и связь, 1990. - 286 с.
4. Уоссермен Ф. Нейрокомпьютерная техника: теория и практика. – М.: Мир, 1992.
5. Holland J. H. Adaptation in natural and artificial systems. An introductory analysis with application to biology, control and artificial intelligence. – London: Bradford book edition, 1994 – 211 p.

Статья опубликована