УДК 62-50 (62.505)

П.І. Бідюк, В.І. Литвиненко, Л.В. Помазан

АЛГОРИТМ ІДЕНТИФІКАЦІЇ СТОХАСТИЧНИХ НЕЛІНІЙНИХ СИСТЕМ НА ОСНОВІ ГЕНЕТИЧНОГО ПІДХОДУ

Вступ

Розв'язку задач ідентифікації лінійних і нелінійних стохастичних систем присвячено багато робіт теоретичного і прикладного характеру. Незважаючи на існування великого числа методів, більшість практичних задач структурної ідентифікації ще потребують значної уваги та розв'язку, особливо у випадку наявності впливу збурень станів об'єктів керування та похибок вимірів. Це особливо стосується нелінійних систем в різних областях техніки, економіки, біології та ін. Алгоритми параметричної ідентифікації будуються на основі мінімізації похибки між вимірами вихідного сигналу об'єкта і виходом (прогнозом) математичної моделі при умові подачі на вхід інформативного сигналу визначеного типу. У більшості випадків це псевдовипадковий сигнал у вигляді білого шуму або двійкової послідовності. Для деяких типів систем, наприклад механічних, це може бути суміш гармонічних складових постійної або змінної частоти.

Параметрична ідентифікація передбачає, що структура моделі відома, а необхідно оцінити параметри об'єкта. Структурна ідентифікація означає оцінювання структури моделі. Будемо вважати, що структура математичної моделі об'єкта чи процеса керування складається з наступних елементів: порядок моделі, вимірність моделі (число рівнянь, які утворюють модель), час запізнення по входу, нелінійність та її тип, а також збурення і його статистичні характеристики. У випадку детермінованого збурення його можна описати відповідною детермінованою функцією.

В роботах [1, 2, 3] наведено алгоритми параметричної ідентифікації лінійних и нелінійних динамічних систем, які грунтуються на застосуванні нелінійного методу найменших квадратів (МНК) і методу максимальної правдоподібності (ММП). Для оцінювання ступеня адекватності оціненої моделі пропонується використовувати середньо-квадратичну похибку (СКП), інформаційний критерій Акайке (ІКА), критерій Байєса-Шварца (КБШ) та інші Однак, застосування цих методів потребує попередньої обробки даних за допомогою цифрових фільтрів, для проектування яких необхідно знати смуги частот корисного сигналу та шуму. В роботі [4] розглянуто методи визначення характеристик стохастичних об'єктів в параметричній формі на основі використання імпульсних характеристик. Однак на практиці далеко не завжди можна визначити імпульсні характеристики об'єкта внаслідок його фізичних особливостей

[0] © П.І. Бідюк, В.І. Литвиненко, Л.В. Помазан, 2006

функціонування. Наприклад, вхідні імпульсні сигнали можуть призвести до руйнування виконавчих механізмів або самого об'єкта.

Більшість існуючих методів структурної і параметричної ідентифікації призначені для оцінювання моделей лінійних систем, хоча на практиці часто зустрічаються об'єкти з різними типами нелінійностей. Так, роботи [5, 6] присвячені розробці та застосуванню до розв'язку задачі ідентифікації методу групового врахування аргументів (МГВА), який дає можливість оцінювати структуру і параметри моделі одночасно. Недоліки даного методу полягають в тому, що час навчання може перевищувати допустимий; крім того, структура моделі може виявитись занадто складною для використання в системі керування в реальному часі. Проблему моделювання нелінійних систем в деякій мірі розв'язують також за допомогою нейронних мереж [7, 8]. Критичними параметрами в даному випадку є час навчання мережі та її структура, яка часто виявляється дуже складною для використання в реальному часі.

В роботі [9] розвивається концепція терм-кластерів і кластерні коефіцієнти в контексті ідентифікації систем. Автори стверджують, що при різкому збільшенні впливу деякого члена нелінійної моделі відповідний кластерний коефіцієнт приймає невелике значення у порівнянні з іншими кластерами, представленими у моделі. Цей підхід розвивається в роботі [10] для вибору структури поліноміальної моделі. В роботі [11] запропоновано альтернативний підхід до вибору структури моделі, який грунтується на оцінюванні множини моделей-кандидатів з подальшим вибором кращої для конкретного застосування. Відома також процедура зворотного пошуку [12, 13], яка грунтується на оцінюванні параметрів ортогональних складових моделі.

На сьогодні можна вважати тільки частково розв'язаною проблему визначення типу нелінійності. Для цього застосовують, наприклад, нелінійні кореляційні функції, методи на основі аналізу імпульсних характеристик та спектру потужності, дисперсійні методи та деякі інші. Однак, встановити тип нелінійності з великою достовірністю практично неможливо. Також необхідно зазначити, що після вибору конкретного методу моделювання неможливо уникнути подальшого використання цієї моделі за основу при уточненні структури [14]. Наприклад, припустимо, що для визначення порядку моделі використовується алгоритм, який не вимагає застосування конкретної структури. Якщо ж для описання процесу застосовується нейромережа, то необхідно вибрати функцію активації, число вузлів і т. ін.

В даній роботі пропонується алгоритм структурно-параметричної ідентифікації систем, які є нелінійними відносно змінних, але лінійними відносно параметрів моделі; він грунтується на клональному відборі та експериментальних даних.

Постановка задачі

Нехай динаміка стаціонарної нелінійної системи описується в неперервному часі моделлю загального вигляду:

 ISSN 1562-9945

$$\dot{\mathbf{x}}(t) = f_c[\mathbf{x}(t), \mathbf{u}(t), \mathbf{w}(t), t, \theta], \tag{1}$$

$$\mathbf{z}(t_i) = \mathbf{s}h_m[\mathbf{x}(t_i), \mathbf{u}(t_i), t_i, \theta] + \mathbf{b} + \mathbf{v}(t_i), \tag{2}$$

$$x(t_0) = x_0, t_0 \le t \le t_f,$$

де θ–вектор невідомих параметрів нелінійної системи; $\mathbf{s}$ – вектор масштабних коефіцієнтів для вимірів; $\mathbf{b}$ – зміщення вектора вимірів відносно середнього; $\mathbf{x}(t), \mathbf{u}(t), \mathbf{w}(t), \mathbf{v}(t)$ – вектори станів, сигналів керування, збурення станів і шумів вимірів, відповідно.

Необхідно знайти структуру математичної моделі і оцінку вектора невідомих параметрів стохастичного об'єкта θіз умови мінімуму квадратичного або іншого функціоналу, який враховує оцінки параметрів, наприклад:

$$J_0 = 1/2\left(\bar{\theta} - \bar{\theta}_0\right)^T \Theta^{-1}\left(\bar{\theta} - \bar{\theta}_0\right) + 1/2\left(\mathbf{x}\left(t_0\right) - \mathbf{x}_0\right)^T \mathbf{P}_0^{-1}\left(\mathbf{x}\left(t_0\right) - \mathbf{x}_0\right) + \\ + 1/2\int_{t_0}^{t_f} \mathbf{w}^T\left(t\right)\mathbf{Q}^{-1}\mathbf{w}\left(t\right)dt + 1/2\sum_{i=1}^{N} \mathbf{v}^T\left(t_i\right)\mathbf{R}^{-1}\mathbf{v}\left(t_i\right), \tag{3}$$

де $\Theta, \mathbf{P}, \mathbf{Q}, \mathbf{R}$ – матриці вагових коефіцієнтів. Перший член в рівнянні (3) враховує апріорну інформацію про параметри об'єкта, наприклад, результати оцінювання параметрів за результатами полігонних досліджень (наприклад, елементи космічних конструкцій типу сонячних батарей або макет літаючого апарату в аеродинамічній трубі). Другий член враховує відхилення початкового значення вектора стану від бажаних початкових умов, а третій і четвертий члени враховують вплив збурень та шумів вимірів, відповідно.

Розглянемо спочатку деякі типи структур моделей, нелінійних відносно змінних. Досить часто нелінійні моделі (наприклад, нейромережеві) містять велике число параметрів, які необхідно оцінити за допомогою вхідних та вихідних даних. В деяких випадках велике число невідомих параметрів призводить до слабкої визначеності задачі оцінювання і, як наслідок, виникають чисельні труднощі та висока чутливість до похибок вимірів. Крім того, пошук мінімуму функціоналів при оцінюванні параметрів моделей може закінчуватись у локальному мінімумі, а не глобальному. З огляду на ці труднощі в даній роботі концентрується увага на моделях, лінійних відносно параметрів.

Нелінійну скалярну дискретну модель в загальному вигляді можна записати у вигляді:

$$\hat{y}(k) = F[\mathbf{x}(k), \theta], \tag{4}$$

де $y(k)$ – вихідний сигнал об'єкта в момент k; $\mathbf{x}(k)$ – вектор вхідних сигналів в момент k; F – нелінійна функція; θ – вектор параметрів моделі. Нелінійну відносно змінних модель можна представити також наступним чином:

$$y(k) = \sum_{i=1}^{M} p_i F_i[\mathbf{x}(k)], \tag{5}$$

де $F_1, \ldots, F_M$ – нелінійні функції; $p_1, \ldots, p_m$ – параметри моделі.

Відомо, що нелінійну функцію загального вигляду можна представити за допомогою полінома Колмогорова-Габора у вигляді:

$$f(\mathbf{x}) \approx f_0 + \sum_{i=1}^{n} f_i(x_i) + \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=i+1}^{n} f_{ij}(x_i, x_j) + \ldots + f_{1,2,\ldots,n}(x_1, \ldots, x_n), \tag{6}$$

де $f(\mathbf{x})$ – складна функція, що апроксимується адитивною комбінацією простих функцій; f_0 – зміщення (константа); $f_i(x_i), f_{ij}(x_i, x_j), \ldots$ – елементарні функції – однієї змінної, двох змінних і т ін. Практично будь-яка функція і, таким чином, динамічна система може бути представлена за допомогою наведеного полінома. Це означає, що динаміка більшості систем може бути описана з достатньою степінню адекватності за допомогою лінійних за параметрами моделей.

Надалі увага буде зосереджена на моделях, для яких вектор вхідних змінних складається з наступних елементів:

$$\begin{aligned}\mathbf{x}(k) = [&y(k-d-1), \ldots, y(k-d-p), u(k-d-1), \ldots, u(k-d-q),\\ &\varepsilon(k-d-1), \ldots, \varepsilon(k-d-m)]^T\end{aligned}, \tag{7}$$

де d – час затримки по входу; p, q, m – порядок моделі по авторегресії, керуючій змінній та ковзному середньому, відповідно. За допомогою цього визначення всі лінійні за параметрами моделі можна представити у формі нелінійних адитивних авторегресійних моделей (НААРР), моделей Вольтерра та поліноміальних моделей АРКС [14, 15]. Нижче розглянемо метод визначення структури таких моделей.

Оцінювання структури моделей, нелінійних відносно змінних

Задача оцінювання структури лінійних за параметрами моделей означає вибір належних нелінійних функцій F_i типу (2). Подібну задачу можна розв'язувати двома методами: (1) – генерування всіх можливих (для конкретного випадку) структур моделей-кандидатів і вибір кращої з них; (2) – постановка і розв'язок оптимізаційної задачі, яка приводить до моделі з оптимальною структурою. Недоліком першого методу є те, що навіть у будь-якому конкретному випадку можна згенерувати велике число можливих структур, які практично неможливо оцінити з метою вибору кращої. Навіть якщо припустити, що множина можливих структур є обмеженою поліноміальними моделями вигляду

$$y(k) = a_0 + \sum_{i_1=1}^{l} a_{i_1} x_{i_1}(k) + \sum_{i_1=1}^{l} \sum_{i_2=i_1}^{l} a_{i_1 i_2} x_{i_1}(k) x_{i_2}(k) + \ldots +$$

$$+\ldots+\sum_{i_1=1}^{n}\ldots\sum_{i_d=i_{d-1}}^{n}a_{i_1\ldots i_d}\prod_{j=1}^{l}x_{i_j}(k), \tag{8}$$

то множина можливих членів буде дуже великою. Якщо число регресорів складає l, а максимальна степінь полінома дорівнює d, то число параметрів (число членів полінома) складає $n_p=\frac{(d+l)!}{d!l!}$. Наприклад, при $l=5$ і $d=3$ число параметрів буде дорівнювати: $n_p=56$. У випадку не занадто великого числа параметрів до оцінювання таких моделей можна застосувати звичайний МНК. При цьому в структурі моделі можна зберегти поліноміальні члени, які забезпечують мінімум суми квадратів похибок (СКП).

Другий метод оцінювання структури грунтується на розв’язку оптимізаційної задачі, який передбачає пошук кращої структури у просторі можливих. Для пошуку оптимальної структури можна застосувати алгоритми оптимізації різних типів, наприклад, модифікований алгоритм Ньютона, алгоритм Давідона-Флетчера-Пауелла (ДФП), генетичний, алгоритм клонального відбору та інші. Так, алгоритм ДФП був успішно застосований до вибору оптимальних структур цифрових фільтрів.

Особливості застосування генетичного алгоритму. Алгоритм оптимізації на основі генетичних ідей запропонований в [16]. Це алгоритм еволюційного типу, грунтується на представленні задачі у вигляді так званого дерева рішення. Таке представлення є надзвичайно гнучким, оскільки за допомогою дерев можна представляти обчислювальні алгоритми, рівняння та математичні моделі процесів і об’єктів різної природи. Подібна схема представлення систем вже використана при автоматизації проектування електронних схем та розробці алгоритмів для квантових комп’ютерів. Вона виявилась також придатною для генерування структур моделей, наприклад, при ідентифікації порядку кінетики [17], математичних моделей усталених станів [18] та систем диференціальних рівнянь [19].

На відміну від чисельних оптимізаційних процедур, в яких потенціальні рішення представляються векторами числових значень, допустимі розв’язки задач в генетичному програмуванні представляються символьними деревовидними структурами, зокрема двійковими деревами. Однією з основних форм представлення структур є дерево ієрархічного типу, яке складається з функцій та термінальних символів, які належать допустимим множинам функцій (операторів) та термінальних символів, відповідно. Наприклад, множина операторів F може містити основні арифметичні операції $\{+,-,*,/\}$, а також інші математичні функції, Булеві оператори, оператори умов та оператори, визначені користувачем. Множина термінальних символів (терм-множина або множина термів) T містить аргументи функцій, наприклад, $T=\{y,x,\theta_i\}$, де x,y – незалежні змінні; θ_i – вектор параметрів. Тепер потенціальний розв’язок (програма) може бути представлений у вигляді маркерованого дерева з кореневим вузлом та упорядкованими гілками, для формування якого використовуються

операції (внутрішні вузли дерева) з множини функцій та аргументи (термінальні вузли дерева) з множини термінальних символів.

В загальному випадку за допомогою генетичного програмування можна створити лінійні за параметрами та нелінійні моделі. Для того щоб уникнути утворення моделей, нелінійних за параметрами, параметри видаляються з множини термінальних символів. Тобто, ця множина містить тільки змінні: $T = \{x_1(k), x_2(k), \ldots, x_m(k)\}$, де $x_i(k)$ – i-й регресор. Таким чином, елемент популяції генетичного алгоритму містить тільки нелінійні функції F_i. Параметри можна додати до моделі після формування функцій F_i за допомогою дерева; їх можна оцінити за допомогою методу найменших квадратів (МНК). Функції F_i можна отримати шляхом декомпозиції дерева, починаючи з кореневого вузла. Очевидно, що генетичний алгоритм можна побудувати для формування структур чисто поліноміальних моделей. Для цього необхідно обмежити множину допустимих операторів і ввести прості синтаксичні правила. Наприклад, якщо множина $F = \{+, *\}$, а також існує синтаксичне правило, яке замінює внутрішні вузли, що знаходяться під внутрішніми вузлами типу "$*$", на вузли типу "$*$", то алгоритм буде генерувати тільки поліноміальні моделі.

Генетичні оператори. Генетичний алгоритм (ГА) працює з множиною потенційних кандидатів на розв'язок, які називають поколінням. На кожній ітерації алгоритму виконується оцінювання якості цих кандидатів і вибираються кандидати для подальшого репродукування, реалізуються процеси мутації, рекомбінації (кросоверу) і прямого репродукування і, насамкінець, створюється нове покоління. Алгоритм ініціалізується за допомогою генератора випадкових чисел, які утворюють початкову популяцію. На першому кроці оцінюється придатність індивідуумів для розв'язку. Як правило, це робиться за допомогою вибраного функціонала якості. На етапі вибору алгоритм вибирає батьків для наступного покоління і визначає – які індивідууми необхідно залишити з поточного покоління. Самою розповсюдженою стратегією вибору є стратегія рулетки, згідно з якою кожний індивідуум може перейти в стан батьківського з ймовірністю $p_i = f_i / \sum f_i$, де f_i – значення функціонала якості.

Після вибору індивідуума для репродукування можна застосувати одну з трьох операцій: пряме репродукування, мутацію або рекомбінацію (кросовер). При цьому ймовірність мутації складає p_m, ймовірність кросоверу – p_c, а ймовірність прямого репродукування дорівнює $1 - p_m - p_c$. Пряме репродукування не передбачає модифікації індивідуума, тобто він переходить в батьківський стан без змін. Мутація означає випадкову зміну вибраної структури дерева шляхом випадкової заміни. Якщо внутрішній елемент (оператор) замінюється листком (аргументом), то це приводить до зміни структури дерева. В такому випадку необхідно приділяти увагу структурі дерева для того щоб уникнути некоректно сформованих двійкових дерев. При застосовуванні кросоверу вибираються два індивідууми, а структура їхнього дерева розділяється у випадково вибраній точці кросоверу таким чином, що результуючі субдерева обміню-

ються місцями і утворюють два нових індивідууми. Існує одноточковий та двоточковий кросовер. При одноточковому кросовері для обох батьківських дерев вибирається одна і та ж точка кросоверу, а при доточковому кросовері два батьківських дерева розділяються в різних точках.

Перед додаванням до популяції нових індивідуумів, з неї необхідно видалити старі. Наприклад, можна застосувати стратегію елітної заміни з параметром P_{gap}, який визначає відстань між поколіннями. Наприклад, $P_{gap} = 0.83$ означає, що 83% популяції вилучається і тільки 17% кращих елементів залишаються.

Функціонал якості. Вибір функціоналу якості має два аспекти: по-перше, він відображає якість потенційного розв’язку з точки зору функції вартості, а по-друге, він відображає ймовірність вибору. Досить часто функціонал якості грунтується на квадратичній похибці між фактичним та оціненим вихідними значеннями процесу. Однак, при виконанні символьних операцій доцільніше використовувати коефіцієнт кореляції ніж квадратичну похибку.

Оскільки генетичний алгоритм може призвести до дуже складних моделей, то необхідно знаходити компроміс між складністю моделі та її консистентністю. Хорошою вважається модель, яка є не тільки точною, але й простою, зрозумілою та інтерпретованою. Занадто складна модель може виявитись перепараметризованою, що суттєво знижує її якість, тобто можливості належно апроксимувати поведінку процесу. Функціонал якості, який накладає штраф на результат, може бути записаний у вигляді:

$$f_i = \frac{r_i}{1 + \exp[a_1(L_i - a_2)]}, \tag{9}$$

де f_i – обчислене значення функціоналу якості; r_i – коефіцієнт кореляції між фактичним та оціненим виходом; L_i – розмір дерева (число вузлів); a_1, a_2 – параметри штрафної функції.

На практиці зустрічаються випадки, коли модель, яка дає хороший історичний прогноз (на навчальній вибірці) може бути перепараметризованою, тобто містити складні непотрібні члени. Функціонал (10) сприяє розв’язку цієї проблеми, оскільки він зменшує обчислене значення якості для дерев (моделей), що містять складні члени. Однак оцінювання параметрів цього функціоналу є досить складною задачею. Ефективним методом є вилучення складних непотрібних членів з моделі. Для лінійних за параметрами моделей це можна зробити за допомогою ортогонального методу найменших квадратів (ОМНК).

Ортогональний МНК. Моделі, лінійні відносно параметрів, але нелінійні відносно змінних можна оцінювати (параметрична ідентифікація) за допомогою звичайного методу найменших квадратів (МНК). МНК ґрунтується на мінімізації суми квадратів похибок між фактичним значенням залежної змінної $y(k)$ та його оцінкою за моделлю:

$$\mathbf{e}^2 = \sum_{k=1}^{N} \left[y(k) - \sum_{i=1}^{M} a_i F_i(\mathbf{x}(k)) \right]^2, \tag{10}$$

де $N-$ число вимірів; $\theta = [a_1, a_2, \ldots, a_m]^T$ – вектор параметрів моделі, який обчислюється з умови мінімуму функціонала (11):

$$\theta = (\mathbf{F}^T\mathbf{F})^{-1}\mathbf{F}^T\mathbf{y}, \tag{11}$$

де $\mathbf{y} = [y(1), \ldots, y(N)]^T$ – вектор вимірів залежної змінної; $\mathbf{F}$ – матриця вимірів регресорів, яка має стандартний вигляд:

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} F_1(\mathbf{x}(1)) & \cdots & F_M(\mathbf{x}(1)) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ F_1(\mathbf{x}(N)) & \cdots & F_M(\mathbf{x}(N)) \end{bmatrix}. \tag{12}$$

Ортогональний МНК є ефективним з точки зору визначення важливих компонент лінійної за параметрами моделі. При використанні ОМНК вводиться до розгляду відношення зменшення похибки (ВЗП), яке позначимо через err. Воно представляє собою міру зменшення дисперсії залежної змінної під впливом того чи іншого члена моделі. Лінійну модель можна представити у компактній матричній формі:

$$\mathbf{y} = \mathbf{F}\theta + \mathbf{e}, \tag{13}$$

де $\mathbf{e}$ – вектор похибок моделі. Згідно з ідеєю ОМНК стовпчики матриці вимірів $\mathbf{F}$ перетворюються у множину ортогональних векторів з метою визначення індивідуального внеску кожного члена моделі.

Припустимо, що матрицю $\mathbf{F}$ можна представити у вигляді ортогональної декомпозиції $\mathbf{F} = \mathbf{WA}$, де $\mathbf{A}$ – одинична трикутна матриця вимірності $M \times M$; $\mathbf{W}$ – матриця вимірності $N \times M$ з ортогональними стовпчиками, тобто $\mathbf{W}^T\mathbf{W} = \mathbf{D}$, де $\mathbf{D}$ – діагональна матриця (тут M – число регресорів; N – число вимірів). Після ортогональної декомпозиції матриці $\mathbf{F}$ можна обчислити вектор допоміжних параметрів

$$\mathbf{g} = \mathbf{D}^{-1}\mathbf{W}^T\mathbf{y}, \tag{14}$$

де $g_i,\ \ i = 1, \ldots, m$ – елементи вектора параметрів $\mathbf{g}$, які є результатом розв'язку задачі ортогонального МНК. Дисперсію основної (залежної) змінної $(\mathbf{y}^T\mathbf{y})/N$ можна обчислити за допомогою виразу

$$\mathbf{y}^T\mathbf{y} = \sum_{i=1}^{M} g_i^2 w_i^T w_i + \mathbf{e}^T\mathbf{e}. \tag{15}$$

Таким чином, відношення зменшення похибки $(SSR)_i$ для члена F_i можна обчислити за виразом:

$$(SSR)_i = \frac{g_i^2 w_i^T w_i}{\mathbf{y}^T\mathbf{y}}. \tag{16}$$

Відношенням (17) можна скористатись для вибору значимих членів моделі.

Комбінування генетичного програмування з ОМНК. В процесі функціонування генетичний алгоритм генерує множину моделей-кандидатів з різними структурами у формі структур дерев. Ці дерева можуть мати кращі або гірші члени (субдерева), які дають свій вклад в модель, представлену деревом. Для того щоб оцінити вклад кожного члена, можна застосувати розглянутий вище метод на основі ОМНК. Члени, які мають найменше значення відношення зменшення похибки, можна видалити з дерева.

Такий підхід до корегування структури дерева можна застосувати різними способами. Наприклад, корегування можна здійснювати кожний раз, коли оцінюється функціонал якості, або ж корегування можна взяти за основу мутацій і рекомбінацій. В такому випадку ймовірність генетичних операторів буде різною для різних вузлів дерева, вона буде функцією ВЗП, присвоєного конкретній гілці. Це гарантує мутацію найменш важливих гілок, а самі значимі гілки будуть перенесені на інші дерева. Очевидно, що корегування структури кожного разу після оцінювання функціоналу якості – це простіший підхід.

Приклади структурної ідентифікації

Приклад 1. Розглянемо наступну модель, яка є нелінійною відносно входу і виходу, але лінійною відносно параметрів:

$$y(k) = -0.15 + 0.75y(k-1) - 0.25y(k-2) + 0.85u^2(k-1). \qquad (17)$$

Метою експерименту є ідентифікація (визначення) структури моделі за допомогою вимірів. Виміри $\{y(k)\}$ отримані за допомогою моделі (18) шляхом подачі на вхід нормально розподіленої псевдовипадкової (шумової) послідовності з дисперсією 0.025 і нульовим середнім, тобто $\{u(k)\} \sim N(0; 0.025)$. Структура моделі визначалась на основі цих даних і генетичного алгоритму.

В процесі ідентифікації множина операцій F включала всі основні арифметичні операції, тобто $F = \{+, -, *, /\}$, а множина термів містила наступні аргументи: $T = \{u(k-1), u(k-2), u(k-3), y(k-1), y(k-2), y(k-3)\}$. При формуванні структури моделі вона могла містити не більше семи членів. Значимість членів моделі оцінювалась за допомогою ОМНК і члени, які мали менше відношення зменшення похибки ніж задане порогове значення, відкидались. Також виконано апробацію наступних методів формування структури:

- метод 1: ГА без функціонала якості і ОМНК;
- метод 2: ГА з функціоналом якості, але без ОМНК;
- метод 3: ГА з функціоналом якості і ОМНК.

Результати структурної ідентифікації наведені в таблиці 1. Оскільки ГА – це стохастичний алгоритм, то для кожного методу виконано 500 реалізацій (10 сеансів по 50 реалізацій).

Таблиця 1

Результати структурної ідентифікації моделі (18)

Метод	1	2	3
Знайдено правильних розв'язків	0	5	8
Знайдено неправильних розв'язків	10	5	3
Середній час обчислень (мс)	1400	1100	770

Таким чином, кращі результати отримано за третім методом, який коректно встановив структуру моделі в 70% випадків завдяки застосуванню ортогонального МНК.

Приклад 2. Полімеризаційний реактор неперервної дії. В даному випадку повна структура моделі невідома, а відомий лише її порядок. Дані згенеровані за допомогою моделі полімеризаційного реактора неперервної дії. Ця модель описує полімеризацію вільних радикалів метилметакрилату з ізобутиронітрілом (ініціатор) та толуолом (розчинник). Безрозмірна змінна стану $x_1(k)$ – концентрація мономера; x_4/x_3 – середня молекулярна вага (вихідна змінна y). Вхідною керуючою змінною процесу $u(k)$ є безрозмірні об'ємні витрати ініціатора. Нормований вхідний сигнал генерувався в діапазоні $0.009 \div 0.025$з періодом дискретизації 0.2 секунди.

Первісна модель має чотири змінних стану, але два стани є слабо спостережуваними. Завдяки цьому модель може бути представлена у вигляді:

$$y(k) = G[y(k-1), u(k-1), u(k-2)] \tag{18}$$

З періодом дискретизації вимірів $T_s = 0.2$ с. В цьому прикладі застосовувались чотири методи:

- метод 1: генерувались всі можливі поліноми другого порядку і модель включала всі ці члени;
- метод 2: генерувались всі можливі поліноми другого порядку, але модель включала тільки ті члени, які мали ВЗП > 0.01;
- метод 3: поліноміальний ГА + ОМНК; множина операцій $F = \{*, +\}$; порогове значення для ОМНК вибрано рівним 0.02;
- метод 4: неполіноміальний ГА + ОМНК; множина операцій $F = \{*, +, /, \sqrt{}\}$; порогове значення для ОМНК вибрано рівним 0.025.

Результати ідентифікації наведені в таблиці 2. Вона містить середньоквадратичні похибки (СКП) однокрокового прогнозу та похибки порівняння вихідної величини за оціненими моделями при тривалому вільному прогоні.

Оскільки ГА – стохастичний алгоритм, то для 3-го і 4-го методу виконано по 25 експериментів. Порядок по входу і виходу був обмежений наступними значеннями затримки в часі: $u(k-1), \ldots, u(k-4), y(k-1), \ldots, y(k-4)$.

 ISSN 1562-9945

Таблиця 2

Похибки ідентифікації процесу полімеризації ($\times 10^{-3}$)

	Метод 1	Метод 2	Метод 3			Метод 4		
			Мін	серед.	макс	мін	серед.	Макс
СКП вільн.	∞	29.5	1.89	12.44	28.23	1.07	8.28	24.76
Прогн. СКП	9.35	35.83	1.93	10.36	25.19	0.92	7.49	19.68

При застосуванні першого методу модель складалась з 45 поліноміальних членів 2-го порядку ($m = 8, d = 2$). Ця модель виявилась придатною для однокрокового прогнозу, але вона виявилась нестійкою при тривалому вільному прогоні. Таким чином, вона не може бути застосована в реальному часі.

При застосуванні другого методу відношення зменшення похибок було розраховане для 45 поліноміальних членів і члени, які мали значення ВЗП менше ніж 0.01, були видалені. Остаточно були залишені тільки три члени:

$$y(k) = 0.057 - 0.13y(k-1) + 0.77y(k-2) + 0.75u(k-1).$$

Ця проста лінійна модель виявилась стійкою, але недостатньо точною. Всі моделі, отримані за третім методом, виявились стійкими, а самою точною виявилась модель, яка має коректний порядок:

$$y(k) = 0.043 + 0.96y(k-1) + 0.79y(k-1) * u(k-1) - \\ -0.84u^2(k-1) + 0.77u(k-2)$$

.

За цим методом була ідентифікована коректна модель в 6-и випадках з 10.

При використанні 4-го методу (ГА-ОМНК) коректний порядок моделі було отримано в 6-и випадках з 15. За цим методом була ідентифікована сама точна модель і всі оцінені моделі були стійкими на тривалих періодах часу. Деякі моделі були такими ж, як і моделі, отримані за третім методом. З точки зору статистики за цим методом оцінені самі точні моделі, але коректний порядок моделі отримано за третім методом.

Висновки

Запропоновано новий метод структурної ідентифікації моделей, які є лінійними відносно параметрів. Метод ґрунтується на застосуванні генетичного програмування, яке використано для формування структури нелінійних моделей у вигляді обчислювальних дерев. Головною ідеєю роботи є використання ортогонального МНК для оцінювання вкладу гілок дерева в підвищення точності моделі, зокрема її порядку. Метод на основі інтегрування в одну систему ГА і ОМНК можна застосовувати для формування структури лінійних за параметрами поліноміальних моделей. Результати комп'ютерного моделювання свідчать, що запропонований метод є достатньо ефективним інструментом для оцінювання структури і параметрів нелінійних моделей за вимірами входів і виходів

процесів. Результати комп'ютерного моделювання свідчать про високу якість побудованих математичних моделей, але існує проблема значних обчислювальних витрат.

В подальших дослідженнях необхідно виконати узагальнення методу на довільні структури та застосувати його до ідентифікації моделей, нелінійних відносно параметрів, які є характерними для багатьох макроекономічних та технічних процесів. Також необхідно розглянути проблему зменшення обчислювальних витрат.

Література

1. Кашьяп Р.Л., Рао А.Р. Построение динамических стохастических моделей по экспериментальным данным. – М.: Наука, 1983. – 383 с.
2. Киричков В.Н. Идентификация объектов управления технологическими процессами. – Київ: Вища школа, 1990. – 263 с.
3. Згуровский М.З., Бидюк П.И. Анализ и управление большими космическими конструкциями. – Киев: Наукова думка, 1997. – 452 с.
4. Попков Ю.С., Киселев О.Н., Петров Н.П. Идентификация и оптимизация нелинейных стохастических систем. – М.: Энергия, 1976. – 440 с.
5. Ивахненко А.Г., Зайченко Ю.П., Дмитров В.Д. Принятие решений на основе самоорганизации. – М.: Сов. Радио, 1976. – 363 с.
6. Ивахненко А.Г., Мюллер И.А. Самоорганизация прогнозирующих моделей. – Киев: Техника, 1985. –
7. Оссовский С. Нейронные сети для обработки информации. – М.: Финансы и статистика, 2002. – 344 с.
8. Liu G.P., Kadirkamanathan V. Billings S.A. Variable neural networks for adaptive control of nonlinear systems // IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics – Part C, 1999, Vol. 29, No.1, pp. 34-43.
9. Aguirre L.A., Billings S.A. Improved structure selection for nonlinear models based on term clustering // Int. Journal of Control, 1995, Vol. 62, No.3, pp. 569-587.
10. Aguirre L.A., Mendes E.M.A.M. Global nonlinear polynomial models: structure, term-clusters and fixed points // Int. Journal on Bifurcation and Chaos, 1996, Vol. 6, No. 2, pp. 279-294.
11. Mendes E.M.A.M., Billings S.A. An alternative solution to the model structure selection problem // IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics – Part A, 2001, Vol. 31, No.6, pp. 597-608.
12. Korenberg M., Billings S.A., Liu Y.P., Mcilroy P.J. Orthogonal parameter estimation algorithm for nonlinear stochastic systems // Int. Journal of Control, 1988, Vol. 48, No.1, pp. 193-210.
13. Abonyi J. Fuzzy model identification for control. – Birkhauser: Boston, 2003. – 390 p.

 ISSN 1562-9945

14. Henson M.A., Seborg D.E. Nonlinear process control. – Englewood Cliffs, New Jersey: Prentice Hall, 1997. – 460 p.

15. Hernandez E., Arkun Y. Control of nonlinear systems using polynomial ARMA models // AICHE Journal, 1993, Vol. 39, No. 3, pp. 446-460.

16. Koza J. Genetic programming: on the programming of computers by means of natural evolution. – Cambridge (MA): MIT Press, 1992. – 370 p.

17. Kang L., Chen Y., Cao H., Yu J. The kinetic evolutionary modeling of complex systems of chemical reactions // Computers and Chem. Eng., 1999, Vol. 23, pp. 143-151.

18. McKay B., Willis M., Barton G. Steady-state modeling of chemical process systems using genetic programming // Computers and Chem. Eng., 1997, Vol. 21, pp. 981-996.

19. Sakamoto E., Iba H. Inferring a system of differential equations for a gene regulatory network by using genetic programming / Proc. Of the 2001 Congress on Evolutionary Computations CEC'2001, Seoul (Korea), 2001, pp. 720-726.