

Л. І. Леві

Національний університет «Полтавська політехніка імені Юрія Кондратюка»

ГЕНЕТИЧНІ АЛГОРИТМИ ОПТИМІЗАЦІЇ В ЗАДАЧАХ КЕРУВАННЯ ЗРОШУВАЛЬНИМИ СИСТЕМАМИ

Анотація. На сьогодні спостерігається тенденція збільшення складності математичних і формальних моделей реальних систем і процесів управління. Це пов'язано з необхідністю підвищення адекватності цих моделей та врахування якомога більшої кількості факторів, які впливають на процеси прийняття рішень. Традиційні методи побудови моделей не приводять до задовільних результатів, коли описання проблеми, що підлягає вирішенню, з самого початку є неточним і неповним. Прагнення отримати всю вичерпну інформацію для побудови точної математичної моделі скільки-небудь складної реальної ситуації може привести лише до втрати часу та коштів, оскільки це може бути в принципі неможливо. До недавнього часу при проектуванні і дослідженні систем автоматизованого управління і систем інтелектуальної підтримки процесів підготовки і прийняття рішень використовувалися два великі класи математичних моделей і методів: один з них представлений детермінованими, а другий ймовірними моделями. Сьогодні відбувається бурхливий розвиток і все більш широке застосування в різних областях третього, абсолютно нового класу моделей і методів, заснованих на принципах теорії нечітких множин. Набув розвитку такий новий напрямок, як м'які обчислення, за допомогою яких стало можливим оптимізувати нечіткі моделі. Використання методів оптимізації дозволило будувати адекватні моделі процесів і систем навіть при достатньо грубій початковій нечіткій моделі. Однак у системах, заснованих на нечіткому підході, особливо при великій кількості змінних, практично неможливо врахувати синергізм, що може виникати при сумісній появі деяких конкретних значень окремих змінних, та неможливо забезпечити облік відмінностей у важливості факторів, що впливають на прийняття рішення. Зокрема в даній роботі генетичні алгоритми використано як оптимізаційні методи, що дозволяють мінімізувати відстань між бажаним та модельним результатом логічного висновку. На основі генетичних алгоритмів навчання нечітких регресійних моделей розроблено інтелектуальну систему підтримки прийняття рішень при діагностуванні параметрів режимів зрошення. Таку систему впроваджено у процес визначення строків та норм поливу при зрошенні овочевих культур сімейства пасльонових. Розроблена система підтримки прийняття рішень дозволяє в залежності від вибору режиму зрошення визначати потребу рослин у воді і або отримувати високі врожаї на фоні раціонального використання води, або заощаджувати водні ресурси при певних втратах врожаю, що з економічної точки зору є доцільним в порівнянні з витратами на подачу додаткових об'ємів поливної води для досягнення максимальних врожаїв.

Ключові слова: генетичні алгоритми, оптимізаційні методи, функція відповідності, хромосома, рекомбінація генів, мутація, схрещування, селекція хромосом.

Вступ

Постановка проблеми. На сьогодні спостерігається тенденція збільшення складності математичних і формальних моделей реальних систем і процесів управління. Це пов'язано з необхідністю підвищення адекватності цих моделей та врахування якомога більшої кількості факторів, які впливають на процеси прийняття рішень. Традиційні методи побудови моделей не приводять до задовільних результатів, коли описання проблеми, що підлягає вирішенню, з самого початку є неточним і неповним. Прагнення отримати всю вичерпну інформацію для побудови точної математичної моделі скільки-небудь складної реальної ситуації може привести лише до втрати часу та коштів, оскільки це може бути в принципі неможливо.

До недавнього часу при проектуванні і дослідженні систем автоматизованого управління і систем інтелектуальної підтримки процесів підготовки і прийняття рішень використовувалися два великі класи математичних моделей і методів: один з них представлений детермінованими, а другий ймовірними моделями. Сьогодні відбувається бурхливий розвиток і все більш широке застосування в різних областях третього, абсолютно нового класу моделей і методів, заснованих на принципах теорії нечітких множин.

Набув розвитку такий новий напрямок, як м'які обчислення, за допомогою яких стало можливим оптимізувати нечіткі моделі. Використання методів

оптимізації дозволило будувати адекватні моделі процесів і систем навіть при достатньо грубій початковій нечіткій моделі.

Однак у системах, заснованих на нечіткому підході, особливо при великій кількості змінних, практично неможливо врахувати синергізм, що може виникати при сумісній появі деяких конкретних значень окремих змінних, та неможливо забезпечити облік відмінностей у важливості факторів, що впливають на прийняття рішення. Зокрема в даній роботі генетичні алгоритми (ГА) використано як оптимізаційні методи, що дозволяють мінімізувати відстань між бажаним та модельним результатом логічного висновку.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Для реалізації ГА необхідний випадковий набір варіантів розв'язків, який називають популяцією. Варіант розв'язку, що входить до популяції, у закодованому вигляді називається хромосомою, яка визначає певне рішення оптимізаційної задачі в першому наближенні. Хромосома формується як послідовність символів певної природи – генів [1].

ГА складається із певного числа ітерацій, і кожна наступна популяція генетичного алгоритму називається поколінням (або генерацією). Аналогічно природній еволюції в результаті певної кількості ітерацій відбувається також і еволюція хромосом з початкової популяції. Для оцінювання ступеня пристосованості хромосом у популяції використовується функція відповідності (англ. Fitness function), при цьому селекція відбувається шляхом вибору хромо-

соми з найбільшою мірою пристосованості. Наступне нове покоління формується в результаті рекомбінації генів за рахунок схрещування (англ. Crossover) двох хромосом-батьків з поточної популяції, або в результаті мутації, що відбувається шляхом випадкової зміни елементів однієї хромосоми. Після застосування генетичних операторів схрещування та мутації відбувається селекція хромосом за функцією відповідності.

Через декілька епох за допомогою ГА відбирається хромосома з найбільшою функцією відповідності. Така хромосома відповідає оптимальному, або близькому до оптимального розв'язку.

Для покоління t популяція індивідумів позначається через $P(t)$, а набір нащадків, що були отримані із поточної популяції, – через $C(t)$. З введеними позначеннями загальна структура ГА має вигляд [2], наведений на рис. 1.

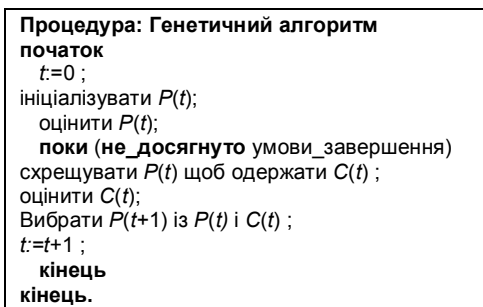


Рис. 1. Загальна структура ГА

Основні операції генетичних алгоритмів полягають у наступному. На першому етапі схрещування хромосоми із популяції батьків об'єднуються у пари випадковим чином з ймовірністю p_c . Далі встановлюється позиція гена у хромосомі, що визначає точку схрещування (англ. Cut-point). В результаті схрещування хромосом-батьків створюються хромосоми-нащадки шляхом комбінування сегментів першого і другого батьків відносно точки схрещування.

Ймовірність p_c визначає відсоток нащадків, що створюються на кожній ітерації, і називається коефіцієнтом схрещування. Таким чином, кількість

хромосом-нащадків в результаті схрещування визначається як добуток p_c на кількість хромосом в популяції. Збільшення коефіцієнта p_c , розширює пошуковий простір, але може привести до витрати часу на дослідження безперспективних областей.

В результаті мутації хромосоми відбувається певним чином випадкова зміна гена з ймовірністю p_m . При цьому для кожного гена хромосоми визначається випадкове число, що визначає ті з генів, для яких відбудеться мутація. Операція мутації в генетичних алгоритмах визначається необхідністю відновлення генів, що були вилучені з популяції в ході операції відбору, і які тепер можуть бути досліджені в новому контексті, та можливістю утворення генів, які не були представлені в початковій популяції [1].

Ймовірність p_m визначає відсоток генів, що зазнають мутації на поточній ітерації, і називається коефіцієнтом мутації. При цьому невелика інтенсивність мутацій може привести до втрати корисних варіантів, які не зможуть бути розглянуті, а при зростанні значення p_m генетичний алгоритм втрачить можливість навчання.

Метою статті є застосування ГА для навчання нечітких моделей діагностування поливів.

1. Навчання нечіткої моделі

Для навчання нечіткої моделі генетичними алгоритмами хромосому, що відповідає початковому рішенню, визначимо як вектор параметрів B, C функцій належностей таким чином:

$$S = (B, C) = \left(\begin{array}{cccccccc} b_{11}, c_{11}, \dots, b_{i1}, c_{i1}, \dots, b_{il_i}, c_{il_i}, \dots \\ \dots, b_{191}, c_{191}, b_{192}, c_{192}, b_{193}, c_{193} \end{array} \right), \quad (1)$$

де l_i – кількість термів-оцінок вхідної змінної x_i , $l_1 + l_2 + \dots + l_{19} = 77$, $i = \overline{1, 19}$.

При абсолютній достовірності нечіткої бази знань поведінка нечіткої моделі цілком залежить від параметрів вектора S . Тому для настроювання нечіткої моделі вектор S можна розглядати, як закодований розв'язок оптимізаційної задачі у вигляді хромосоми, що зображена на рис. 1.

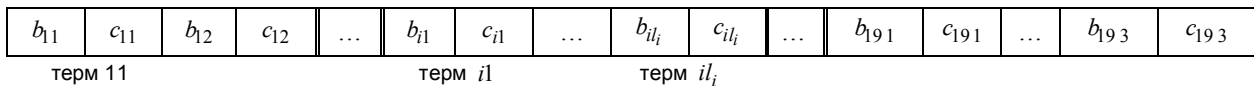


Рис. 1. Хромосома нечіткої моделі

Для здійснення генетичного алгоритму необхідно спочатку закодувати початковий розв'язок задачі у певній кількості хромосом-батьків. Ініціалізація популяції відбувається шляхом формування початкової популяції випадковим набором варіантів розв'язків у вигляді хромосоми, що складається з параметрів функцій належності.

Визначення генів хромосом відбувається випадковим чином за такими формулами [1]:

$$b_i^0 = RANDOM \left(\left[\underline{x_i}, \overline{x_i} \right] \right), \quad (2)$$

$$c_i^0 = RANDOM \left(\left[\underline{c_i}, \overline{c_i} \right] \right), \quad (3)$$

де $RANDOM \left(\left[\underline{a}, \overline{a} \right] \right)$ – операція знаходження рівномірно розподіленого на інтервалі $\left[\underline{a}, \overline{a} \right]$ випадкового числа, $\left[\underline{x_i}, \overline{x_i} \right]$ – універсальна множина змінної x_i , $\left[\underline{c_i}, \overline{c_i} \right]$ – діапазон значень коефіцієнта розтягнення функції належності змінної x_i .

Для оцінювання пристосованості хромосоми у популяції використовується функція відповідності $FF(S)$ (від англ. Fitness function), що визначає найкращу на даній ітерації хромосому для проведення операції схрещування.

Для нечітких моделей $\mu^{dj}(y) = \mu^{dj}(X, B, C)$ об'єктів з дискретним виходом функція відповідності хромосоми S (1), буде мати такий вигляд [1]:

$$FF(S) = - \sum_{l=1}^{304} \left[\sum_{j=1}^9 \left[\mu^{dj}(X^l, B, C, W) - \mu^{dj}(X^l) \right]^2 \right] \quad (4)$$

У теорії генетичних обчислень вважається, що функція відповідності збільшується із зростанням якості хромосоми, тому для збереження звичайного розуміння функції відповідності у виразі (4) введений знак «мінус».

Селекція хромосом необхідна для визначення із популяції поточної епохи генетичного алгоритму тих пар батьків, що більш пристосовані до схрещування.

При цьому схрещування повинно здійснюватися для хромосом з найбільшим значенням функції відповідності, а не випадковим чином. Тому, вибір батьків відбувається в залежності від ймовірності, що розраховується за формулою [1]:

$$p_i = FF'(S_i) / \sum_{j=1}^K FF'(S_j), \quad (5)$$

де $FF'(S_i) = FF(S_i) - \min_{j=1, K} |FF(S_j)|$,

тобто для кожної хромосоми S_i з популяції визначається ймовірність p_i , що відповідає умовам:

$$p_i \geq 0, \sum_{i=1}^K p_i = 1, FF(S_i) > FF(S_j) \Rightarrow p_i > p_j,$$

де K – розмір поточної популяції. Таким чином, чим більше значення ймовірності, тим більше шансів у хромосоми бути вибраною для схрещування.

Для вибору хромосом, що підлягають схрещуванню, застосовується наступний алгоритм [1].

1. Для кожної хромосоми визначити інтервали довжиною p_i та послідовно розмістити їх на горизонтальній осі.

2. Провести розіграш, що зводиться до знаходження випадкового числа z з рівномірним законом розподілу на інтервалі $[0, 1]$.

3. Відібрати батьківську хромосому S_i , що має підінтервал p_i , в який потрапляє число z . Тобто шанси бути обраною у хромосоми зростають зі збільшенням ймовірності p_i .

4. Для вибору другої батьківської хромосоми провести дії відповідно п.п. 1 - 3.

Операція схрещування двох хромосом-батьків відбувається відносно 19 точок обміну, що відповідають 19 вхідним змінним. Для наглядної демонстрації операції схрещування розглянемо схрещування двох хромосом батьків відносно точки обміну, що відповідає змінній x_i і дорівнює $z_1 = 1$. Якщо позначити хромосоми-батьки як S_1 і S_2 , а хромосоми-нащадки як Ch_1 і Ch_2 , то операцію схрещування можна представити схемою, що зображена на рис 2.

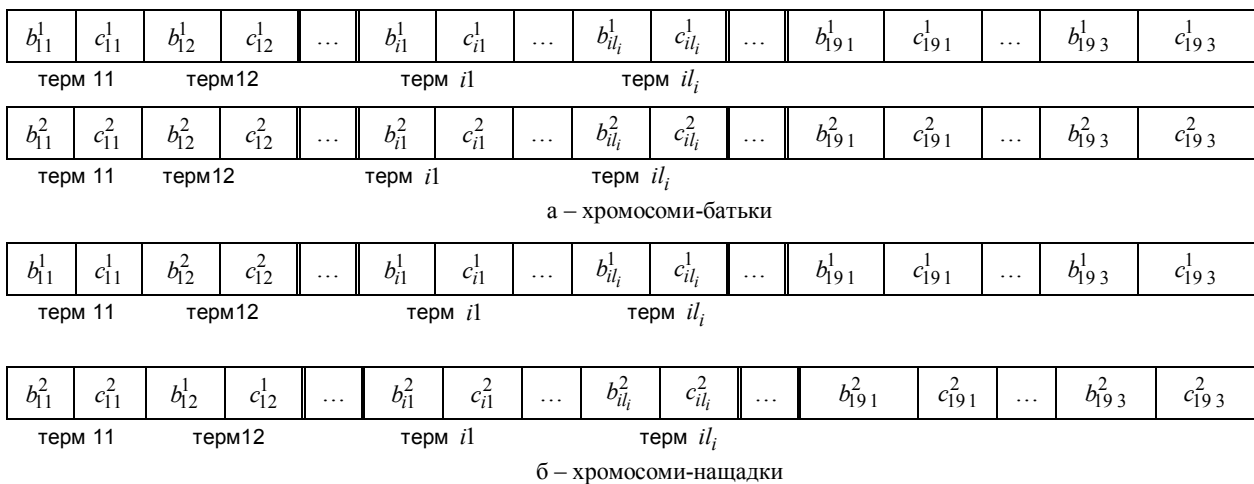


Рис. 2. Схрещування відносно першої точки обміну

В результаті обміну генами, які відповідають термам «некритична» та «критична», може трапитись, що $b_{11} > b_{12}$, коли $1 < 2$. В цьому випадку треба поміняти b_{11} і b_{12} місцями. Тому треба контролювати впорядкованість термів після проведення кожної операції схрещування.

Для представлення алгоритму проведення схрещування введемо такі позначення:

$b_{ij}^{S_1}, c_{ij}^{S_1}$ – ij -ті значення координати максимуму та коефіцієнту розтягування функції належності, відповідно, у хромосомі S_1 ;

$b_{ij}^{S_2}, c_{ij}^{S_2}$ – ij -ті значення координати максимуму та коефіцієнту розтягування функції належності, відповідно, у хромосомі S_2 ;

$b_{ij}^{Ch_1}, c_{ij}^{Ch_1}$ – ij -ті значення координати макси-

муму та коефіцієнту розтягування функції належності, відповідно, у хромосомі-нащадку Ch_1 ;

$b_{ij}^{Ch_2}, c_{ij}^{Ch_2}$ – ij -ті значення координати максимуму та коефіцієнту розтягування функції належності, відповідно, у хромосомі-нащадку Ch_2 .

Схрещування двох хромосом-батьків S_1 і S_2 , в результаті якого отримуються нащадки Ch_1 і Ch_2 , здійснюється за наступним алгоритмом [1].

1. Визначити випадковим чином 19 цілих точок обміну $z_i: 1 \leq z_i < l_i$, де l_i – кількість термів вхідних змінних $x_i, i = \overline{1, 19}$.

2. Скомбінувати гени хромосом-батьків S_1 і S_2 відносно встановлених точок обміну z_i за наступними правилами:

$$b_{ij}^{Ch_1} = \begin{cases} b_{ij}^{S_1}, & j \leq z_i \\ b_{ij}^{S_2}, & j > z_i \end{cases}, \quad b_{ij}^{Ch_2} = \begin{cases} b_{ij}^{S_2}, & j \leq z_i \\ b_{ij}^{S_1}, & j > z_i \end{cases}, \quad (6)$$

$$c_{ij}^{Ch_1} = \begin{cases} c_{ij}^{S_1}, & j \leq z_i \\ c_{ij}^{S_2}, & j > z_i \end{cases}, \quad c_{ij}^{Ch_2} = \begin{cases} c_{ij}^{S_2}, & j \leq z_i \\ c_{ij}^{S_1}, & j > z_i \end{cases}, \quad (7)$$

$1 \leq j < l_i, i = \overline{1, 19}$.

3. Для контролю впорядкованості термів перевірити значення координат максимуму функцій належності:

$$\begin{aligned} (b_{i\xi} > b_{i\eta}) \wedge (\xi < \eta) \Rightarrow b_{i\xi} \leftrightarrow b_{i\eta}, c_{i\xi} \leftrightarrow c_{i\eta}, \\ 1 \leq \xi, \eta \leq l_i, i = \overline{1, n}, \end{aligned} \quad (8)$$

де \leftrightarrow символ обміну.

Мутацію генів хромосоми, що задана вектором (1), будемо здійснювати з ймовірністю $p_m = 0,05$.

Мутація генів відбувається випадковим чином відповідно до таких формул [1]:

$$Mu(b_{ij}): b_{ij} = RANDOM\left(\left[\underline{x_i}, \overline{x_i}\right]\right), \quad (9)$$

$$Mu(c_{ij}): c_{ij} = RANDOM\left(\left[\underline{c_i}, \overline{c_i}\right]\right), \quad (10)$$

де $[\underline{c_i}, \overline{c_i}]$ – діапазон зміни значень коефіцієнта розтягування функції належності термів вхідної змінної $x_i, [\underline{c_i}, \overline{c_i}] \in (0, +\infty), i = \overline{1, n}$;

$[\underline{x_i}, \overline{x_i}]$ – універсальна множина змінної x_i ;

$RANDOM\left(\left[\underline{a}, \overline{a}\right]\right)$ – операція знаходження рівномірно розподіленого на інтервалі $[\underline{a}, \overline{a}]$ випадкового числа.

Операція мутації окремих генів хромосом здійснюється за таким алгоритмом [1].

1. Згенерувати $77 \cdot 2 = 144$ випадкових чисел для кожного гена вектора S за допомогою функції $z = RANDOM([0,1])$. Елемент вектора S не піддавати операції мутації у випадку, коли $z > p_m$, інакше перейти до пункту 2.

2. Виконати операцію мутації вибраного гена хромосоми S за формулами (9) – (10).

3. Провести контроль за порядком термів відповідно до співвідношення (8).

2. Застосування ГА для навчання нечітких моделей діагностування поливів

Розглянемо завдання застосування ГА для навчання нечітких моделей діагностування поливів. Використання нечітких моделей для автоматизації функціонування зрошувальних систем розглянуто в [3 – 7]. Для реалізації генетичного алгоритму встановимо наступні параметри: розмір початкової популяції $K = 100$, коефіцієнт схрещування $p_c = 0,02$, коефіцієнт мутації $p_m = 0,05$, кількість ітерацій генетичного алгоритму дорівнює 5000.

В результаті здійснення однієї ітерації генетичного алгоритму кількість хромосом у популяції буде зростати відповідно до коефіцієнту схрещування, тому для забезпечення сталого розміру популяції після кожної епохи генетичного алгоритму необхідно зменшувати її розмір на $p_c \cdot K$ хромосом з найменшим значенням функції відповідності.

Таким чином, настроювання нечіткої моделі можна представити наступною послідовністю етапів генетичного алгоритму [1].

1. Ініціалізувати початкову популяцію у розмірі $K = 100$.

2. Оцінити пристосованість хромосом за функцією відповідності $FF(S_i), i = \overline{1, K}$, використовуючи співвідношення (4).

3. Провести селекцію батьківських хромосом у кількості $\frac{p_c \cdot K}{2} = 10$ пар.

4. Провести схрещування вибраних на попередньому етапі хромосом-батьків відповідно наведеному алгоритму.

5. У відповідності з вибраним коефіцієнтом мутації виконати операцію мутації одержаних після схрещування хромосом-нащадків за наведеним алгоритмом.

6. Оцінити одержані у попередньому пункті хромосоми за функцією відповідності та зменшити розмір популяції на $p_c \cdot K = 20$ її членів, що мають найменші значення функцій відповідності $FF(S_i)$.

7. Якщо одній із хромосом S_i відповідає значення функції відповідності $FF(S_i) = 0$, вона представляє оптимальний розв'язок. В іншому випадку вернутися на другий етап генетичного алгоритму та здійснювати настроювання нечіткої моделі задане число ітерацій. По закінченні генетичного алгоритму

му обрати хромосому з найбільшим значенням функції відповідності. Така хромосома представляє субоптимальний розв'язок оптимізаційної задачі.

В результаті настроювання нечіткої моделі генетичними алгоритмами отримали функції належності з визначеними параметрами.

Визначення адекватності прийняття рішень реалізуємо наступним чином. Після навчання нечіткої моделі необхідно перевірити збіг комп'ютерного рішення з дійсною необхідністю у зрошенні за тестувальною вибіркою. Такий збіг результатів визначається точністю настроювання параметрів функцій належності за умов достовірних експертних правил з нечіткої бази знань.

Для тестування нечіткої моделі було сформовано тестувальну вибірку, що складалася із $N = 90$ ситуацій прийняття рішень, де кожному з 9 діагнозів поливу відповідало $N_i = 10$ ситуацій. Тестування нечіткої моделі визначило 83 збіги із 90 ситуацій

тестувальної вибірки, що складає 92,2% правильних рішень щодо необхідності поливу.

Висновки

На основі запропонованого ГА навчання нечітких регресійних моделей розроблено інтелектуальну систему підтримки прийняття рішень при діагностуванні параметрів режимів зрошення. Таку систему впроваджено у процес визначення строків та норм поливу при зрошенні овочевих культур сімейства пасльонових. Розроблена система підтримки прийняття рішень дозволяє в залежності від вибору режиму зрошення визначати потребу рослин у воді і або отримувати високі врожаї на фоні раціонального використання води, або заощаджувати водні ресурси при певних втратах врожаю, що з економічної точки зору є доцільним в порівнянні з витратами на подачу додаткових об'ємів поливної води для досягнення максимальних врожаїв.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

1. Ротштейн А.П. Интеллектуальные технологии идентификации: нечеткие множества, генетические алгоритмы, нейронные сети / Ротштейн А.П. - Винница: УНІВЕРСУМ - Вінниця, 1999. - 320 с.
2. Gen M. Genetic Algorithms and Engineering Design / Gen M., Cheng R. — John Wiley & Sons, New York, 1997. - 352 p.
3. Круглов В.В. Нечеткая логика и искусственные нейронные сети / Круглов В.В., Длин М.И., Голубов Р.Ю. — М.: Физматлит, 2001. — 224 с.
4. Леоненков А.В. Нечеткое моделирование в среде MATLAB и fuzzyTECH / Леоненков А.В. — СПб.: БХВ-Петербург, 2005. — 736 с.
5. Лисогоров К.С. Математичне моделювання і створення автоматизованих систем управління в зрошуваному землеробстві / Лисогоров К.С. — Херсон : Айлант, 2003. — 184 с.
6. Леві Л.І. Синтез автоматизованої системи керування вологозабезпеченістю сільськогосподарських культур при підґрунтового зволоженні // Вісник Полтавської державної аграрної академії / - №1 (24), 2019. - С. 201 - 204. <http://doi.org/10.31210/visnyk2019.01.27>
7. Раскин Л.Г. Нечеткая математика. Основы теории. Приложения / Раскин Л.Г., Серая О.В. – Х.: Парус, 2008. – 352 с.

Received (Надійшла) 26.06.2020

Accepted for publication (Прийнята до друку) 19.08.2020

Genetic algorithms of optimization in the problems of irrigation systems control

L. Lievi

Abstract. Today there is a tendency to increase the complexity of mathematical and formal models of real systems and control processes. This is due to the need to increase the adequacy of these models and take into account as many factors as possible that influence decision-making processes. Traditional methods of model building do not lead to satisfactory results when the description of the problem to be solved is inaccurate and incomplete from the beginning. The desire to obtain all the comprehensive information to build an accurate mathematical model of any complex real situation can only lead to a waste of time and money, because it may be impossible in principle. Until recently, two large classes of mathematical models and methods were used in the design and study of automated control systems and intelligent support systems for preparation and decision-making processes: one of them is represented by deterministic and the other by probabilistic models. Today there is a rapid development and increasing application in various fields of the third, completely new class of models and methods based on the principles of fuzzy set theory. A new direction has been developed, such as soft computing, which has made it possible to optimize fuzzy models. The use of optimization methods allowed to build adequate models of processes and systems, even with a rather rough initial fuzzy model. However, in systems based on a fuzzy approach, especially with a large number of variables, it is almost impossible to take into account the synergies that may occur when some specific values of individual variables appear together, and it is impossible to take into account differences in the importance of decision factors. In particular, in this work, genetic algorithms are used as optimization methods to minimize the distance between the desired and model result of the logical conclusion. Based on genetic algorithms for training fuzzy regression models, an intelligent decision support system for diagnosing irrigation regime parameters has been developed. Such a system has been introduced in the process of determining the terms and norms of irrigation for irrigation of vegetable crops of the nightshade family. The developed decision support system allows, depending on the choice of irrigation regime, to determine the need of plants for water and either get high yields against the background of rational water use, or save water resources with certain crop losses, which is economically feasible compared to feed costs additional volumes of irrigation water to achieve maximum yields.

Keywords: genetic algorithms, optimization methods, correspondence function, chromosome, gene recombination, mutation, crossing, chromosome selection.