

УДК 519.71

А. А. Бессонов

Харьковский национальный университет радиоэлектроники, Харьков

ОБОБЩЕННЫЙ АЛГОРИТМ ОБУЧЕНИЯ ЭВОЛЮЦИОНИРУЮЩЕЙ РАДИАЛЬНО-БАЗИСНОЙ СЕТИ

Статья посвящена разработке обобщенного алгоритма настройки эволюционирующей радиально-базисной сети (ЭРБС). ЭРБС применяется для решения широкого спектра задач идентификации, управления, обработки сигналов и изображений. В сети ЭРБС в зависимости от типа решаемой задачи в качестве базисных может быть использовано большое количество функций с различным количеством настраиваемых параметров, в связи с чем возникает необходимость разработки обобщенного подхода к их настройке. Для обучения нейронной сети предлагается применение генетического алгоритма, позволяющего значительно ускорить процесс обучения. Приводятся результаты имитационного моделирования, подтверждающие эффективность предложенного метода настройки параметров базисных функций с использованием специальных некодирующих областей хромосомы – интронов.

Ключевые слова: нейронная сеть, базисная функция, генетический алгоритм, радиально-базисная сеть, интрон.

Введение

ЭРБС широко применяются для решения задач аппроксимации функций, идентификации и управления нелинейными динамическими объектами, обработки сигналов и изображений. Такое широкое применение данной сети стало возможным благодаря простоте их архитектуры, применению для их обучения быстродействующих генетических алгоритмов (ГА), а также наличию большого количества базисных функций (БФ) шаблонного слоя сети, позволяющего адаптировать сеть под большинство практических задач. Однако при использовании различных БФ возникает проблема изменения длины хромосомы, кодирующей структуру сети, обусловленная различным количеством настраиваемых параметров этих функций. Изменение длины хромосомы требует решения проблемы их совместимости перед применением операторов скрещивания и мутации. Для устранения указанной сложности, в данной работе с целью выравнивания длин хромосом предлагается использовать механизм интронов – некодирующих областей хромосомы, не влияющих на значение фитнеса сети, однако позволяющих одновременно использовать в сети различные базисные функции с различным количеством настраиваемых параметров. Интроны являются важной частью генома клеток эукариотов и выполняют две основные функции – структурной защиты, позволяющей популяции сохранить важные «строительные блоки», и глобальной защиты особи от деструктивных процессов, возникающих при скрещивании.

ГА широко используют методы, заимствованные из естественной эволюции, в связи с чем использование в них аналога естественной эволюционировавших интронов позволяет значительно улуч-

шить свойства алгоритмов (значения фитнес-функций, обобщающие свойства, время работы) и повысить качество их решений [1, 2].

Структура РБС

РБС имеет двухслойную структуру. Скрытый слой состоит из нейронов, каждый из которых вычисляет некоторое расстояние между его центром μ и входным вектором сети $\mathbf{x}(k)$, и преобразует результат с помощью определенной нелинейной базисной функции (БФ) $\Phi_i(\mathbf{x}(k), \mu, \sigma) = f(\|\mathbf{x} - \mu\|, \sigma)$ (здесь σ – радиус БФ). Представление модели радиально-базисной сетью имеет вид

$$\hat{y}[k] = a_0 + \sum_{i=1}^N w_i \Phi_i(\mathbf{x}(k), \mu, \sigma), \quad (1)$$

где a_0 – смещение нейрона выходного слоя; w_i – вес связи i -го нейрона скрытого слоя с нейроном выходного слоя; N – число нейронов в скрытом слое.

Наиболее часто в качестве БФ выбираются функции, приведенные в табл. 1. Как видно из таблицы, большинство функций активации имеет одинаковое количество настраиваемых параметров (μ, σ), и лишь обобщенная гауссовская функция имеет большее число параметров. При ее использовании в качестве активационной функции каждый нейрон шаблонного слоя РБС, получая полную информацию о входных сигналах \mathbf{x} , вычисляет функцию

$$f_i(\mathbf{x}) = f((\mathbf{x} - \mathbf{c}_i)^T \mathbf{R}^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{c}_i)), \quad i = \overline{1, p}, \quad (2)$$

где \mathbf{x} – вектор входных сигналов ($N \times 1$); \mathbf{c}_i – вектор центров ($N \times 1$); \mathbf{R} – весовая матрица, определяющая положение осей в пространстве.

Таблица 1
Функции, выбираемые в качестве БФ

Наименование	Вид функции
Гауссовская	$\Phi(x) = \exp\left\{-\frac{(x-\mu)^2}{\sigma^2}\right\}$
«Мексиканская шляпа»	$\Phi(x) = \left(1 - \frac{(x-\mu)^2}{\sigma^2}\right) e^{-\frac{(x-\mu)^2}{\sigma^2}}$
Лапласа	$\Phi(x) = \exp\left\{-\frac{ x-\mu }{\sigma}\right\}$
Релея	$\Phi(x) = \frac{2(x-\mu)}{\sigma} \exp\left\{-\frac{(x-\mu)^2}{\sigma^2}\right\}$
Обобщенная гауссовская функция	$\Phi(\mathbf{x}) = e^{-(\mathbf{x}-\mu)^T R^{-1}(\mathbf{x}-\mu)}$, где $R^{-1} = [r_{ij}^k]$, $i, j = \overline{1, M}$, $k = \overline{1, N}$ (M – размерность входного сигнала, N – количество нейронов) – масштабирующая матрица;
Косинусоидальная	$\Phi(x) = \cos\left\{\frac{2\pi(x-\mu)}{\sigma}\right\}$
Параболическая	$\Phi(x) = 1 - (x-\mu)^2/\sigma^2$

В общем виде матрица R^{-1} может быть представлена следующим образом:

$$R^{-1} = \begin{pmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1p} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2p} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p1} & r_{p2} & \dots & r_{pp} \end{pmatrix}. \quad (3)$$

Весовую матрицу R_1 также называют обратной ковариационной матрицей с элементами

$$r_{ij} = \sigma_{ij}^{-2}, \quad i, j = \overline{1, p}. \quad (4)$$

Здесь $\sigma_{ji}^{-2} = \sigma_{ij}^{-2}$ – некоторые управляемые параметры. Часто матрица R^{-1} выбирается диагональной, т.е. $r_{ij} = 0$ для $i \neq j$, и более того, принимают $r_{ii} = \sigma_{ii}^{-2} = \sigma^{-2} = \text{const}$.

На рис. 1 показано влияние выбора величин \mathbf{c} и σ_{ij} на вид базисной функции i -го нейрона скрытого слоя для двухвходовой РБ сети [3].

Рис. 1, а, б отражают случай $R^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$ с $\mathbf{c} = (0, 0)^T$ и $\mathbf{c} = (1, 1)^T$ соответственно; рис. 1, в – случай $R^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 4 \end{pmatrix}$ и $\mathbf{c} = (0, 0)^T$; рис. 1, г – случай $R^{-1} = \begin{pmatrix} 2.0 & -1.5 \\ 1.5 & 2.0 \end{pmatrix}$ и $\mathbf{c} = (0, 0)^T$.

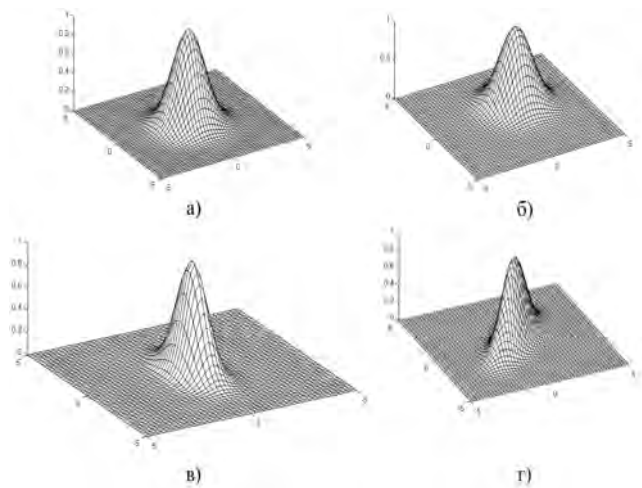


Рис. 1. Влияние выбора величин \mathbf{c} и σ_{ij} на вид базисной функции

Эволюционирующая РБС. Существует множество разновидностей алгоритмов, использующих модели процессов естественной эволюции отличающихся использованием определенных механизмов, а также представления особей. Одним из самых распространенных видов эволюционных алгоритмов являются ГА, предложенные Дж. Холландом.

В ГА каждая особь кодируется сходным с ДНК методом – в виде строки (хромосомы), содержащей определенный набор генов. Длина хромосомы постоянна. Популяция, состоящая из некоторого количества особей, подвергается процессу эволюции с использованием операций скрещивания и мутаций [4].

В начале работы алгоритма случайным образом инициализируется популяция P_0 , состоящая из S особей (РБС сетей): $P_0 = \{H_1, H_2, \dots, H_S\}$. Каждая особь в популяции при этом получает свое уникальное описание, закодированное в хромосоме $H_j = \{h_{1j}, h_{2j}, \dots, h_{Lj}\}$, которая состоит из L генов,

где $h_{ij} \in [w_{\min} w_{\max}]$ – значение i -го гена j -й хромосомы (w_{\min} – минимальное, и w_{\max} – максимальное допустимые значения соответственно). Формат хромосомы и соответствие между генами и параметрами РБС представлен на рис. 2. Как видно из рисунка, каждая хромосома состоит из генов, в которых хранится информация о соответствующих параметрах сети. Гены, обозначенные серым цветом, являются интронами и не влияют на фитнес сети, но их наличие необходимо для поддержания постоянной длины хромосомы и сохранения совместимости между особями, использующими различные БФ с разным числом настраиваемых параметров.

На этапе инициализации всем этим параметрам с помощью датчика случайных чисел присваивают начальные значения, находящиеся в некотором допустимом диапазоне.

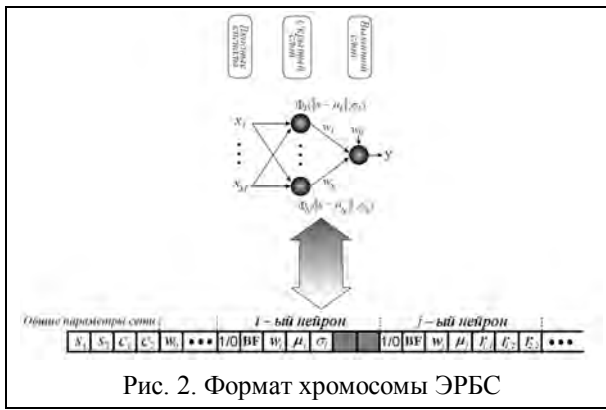


Рис. 2. Формат хромосомы ЭРБС

Оценивание популяции. После формирования начальной популяции оценивается приспособленность каждой особи, входящей в нее, на основе анализа функции приспособленности (фитнесс-функции)

$$f_i(x_j) = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M \left(y_j^*(x_j) - \hat{y}_j(x_j) \right)^2, \quad (5)$$

где $y^*(k)$ – желаемая реакция сети; $\hat{y}(k)$ – реальный выходной сигнал; M – размер выборки.

Скрещивание. После того как родительские особи были отобраны методом селекции, осуществляется их скрещивание (кроссовер). Кроссовер применяется с целью воспроизведения потомства, и заключается в обмене генетической информацией между родительскими особями.

Пример операции скрещивания двух ЭРБС показан на рис. 3. Из рисунка видно, что при скрещивании происходит не только обмен информацией о параметрах сети, но и образуются сети с новой для популяции структурой. Также из рисунка видно, что наличие интронов позволяет защитить целостность хромосом потомков и сохранить их логический формат и длину.

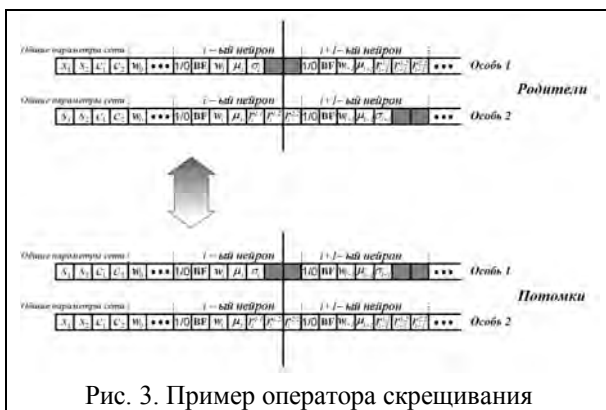


Рис. 3. Пример оператора скрещивания

Оператор мутации. Мутация представляет собой генетический оператор, который изменяет одно или несколько значений генов в хромосоме. Следует отметить, что в ГА механизм мутаций является единственным способом внесения новой информации в хромосому особи. Это может привести к со-

вершенно новым значениям генов, которые впоследствии могут быть добавлены в генофонд популяции. С помощью этих новых значений генов ГА получает возможность найти лучшие решения. Мутация является важной частью генетического поиска и помогает предотвратить застревание популяции в локальных минимумах. Она происходит в хромосомах особей, полученных на этапе скрещивания с некоторой обычно заранее заданной вероятностью. Вероятность мутации также может быть привязана к значению фитнес-функции, т.е. чем хуже значение фитнес-функции, тем выше вероятность мутации. Пример оператора мутации в хромосоме ЭРБС показан на рис. 4.

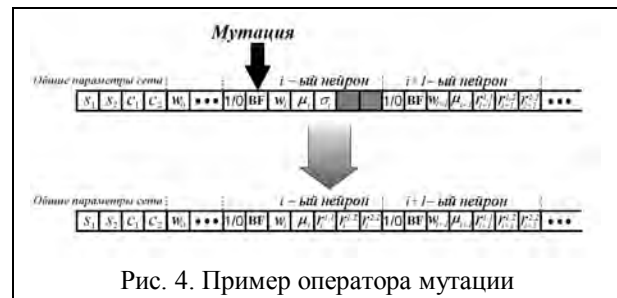


Рис. 4. Пример оператора мутации

Как видно из рисунка, в случае мутации гена, отвечающего за вид базисной функции нейрона, гены, кодирующие параметры БФ могут менять свою роль и переходить из экзонов (кодирующих областей хромосомы) в интроны (некодирующие области) и наоборот. Такой подход позволяет более эффективно настраивать структуру сети.

Моделирование

Решалась задача аппроксимации функций двух переменных

$$f[x_1, x_2] = \frac{x_1 x_2 [x_1 + 2.5]}{1 + x_1^2 + x_2^2}, \quad (6)$$

$$f[x_1, x_2] = 0.5 + \frac{\sin^2 \sqrt{x_1^2 + x_2^2} - 0.5}{1 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)}, \quad (7)$$

$$f[x_1, x_2] = \sin(x_1) + \frac{x_2}{1 + x_2^2}, \quad (8)$$

$$x_1, x_2 \in [-5, 5],$$

с помощью ЭРБС, использующих только гауссовскую функцию активации (эксперимент 1), только обобщенную гауссовскую функцию (эксперимент 2), и ЭРБС, использующую одновременно обе функции активации (эксперимент 3).

Результаты аппроксимации функций (6) – (8) приведены в табл. 2.

Как видно из результатов моделирования, предложенный подход позволяет повысить точность аппроксимирования сложных функции благодаря одновременному применению в шаблонном слое сети ЭРБС различных базисных функций.

Таблиця 2
Результати аппроксимации функций (6) – (8)

Эксперимент	Функция	Длина хромосомы (число интронов)	Ошибка аппроксимации
1	(6)	103 (0)	0.13675
	(7)	68 (0)	0.40705
	(8)	82 (0)	0.03357
2	(6)	113 (0)	0.19032
	(7)	113 (0)	0.40863
	(8)	50 (0)	0.08114
3	(6)	95 (12)	0.11165
	(7)	123 (8)	0.27205
	(8)	85 (12)	0.01234

Выводы

ЭРБС является весьма эффективной при решении ряда практических задач. Одновременное использование в сети различных базисных функций позволяет существенно повысить точность сети, скорость ее обучения и существенно расширить диапазон применения. Однако введение некодирующих участков хромосомы – интронов, приводит к увеличению длины хромосомы и, следовательно, к увеличению объема требуемой памяти для реализации алгоритмов обучения и хранения полученных решений. В связи с этим целесообразным является дальнейшая разработка более эффективных методов кодирования структуры сети.

Список литературы

1. Popov V. Genetic Algorithms with Exons and Introns for the Satisfiability Problem / V. Popov // Adv. Studies Theor. Phys. – 2013. – Vol. 7. – №8. – P. 355-358.
2. Nordin P. Explicitly defined introns and destructive crossover in genetic programming / P. Nordin, F. Francone, W. Banzhaf // Advances in genetic programming. – Cambridge: MIT Press, 1996. – P. 111-134.
3. Руденко О.Г. Основы теории искусственных нейронных сетей / О.Г. Руденко, Е.В. Бодянский. – Х.: ТЕЛЕТЕХ, 2002. – 317 с.

УЗАГАЛЬНЕНИЙ АЛГОРИТМ НАВЧАННЯ РАДІАЛЬНО-БАЗИСНОЮ МЕРЕЖІ, ЩО ЕВОЛЮЦІОНУЄ

О.О. Безсонов

Стаття присвячена розробці узагальненого алгоритму налаштування радіально-базисної мережі, що еволюціонує (ЕРБС). ЕРБС застосовується для вирішення широкого спектру завдань ідентифікації, управління, обробки сигналів та зображень. У мережі залежно від типу розв'язуваної задачі в якості базисних може бути використано велику кількість функцій з різним числом параметрів, що налаштовуються, у зв'язку з чим виникає необхідність розробки узагальненого підходу до їх налаштування. Для навчання нейронної мережі пропонується застосування генетичного алгоритму, що дозволяє значно прискорити процес навчання. Наводяться результати імітаційного моделювання, що підтверджують ефективність запропонованого методу налаштування параметрів базисних функцій з використанням спеціальних некодируючих областей хромосомы - інтронів.

Ключові слова: нейронна мережа, базисна функція, генетичний алгоритм, радіально-базисна мережа, інтрон.

A GENERALIZED TRAINING ALGORITHM OF THE EVOLUTIONARY RADIAL-BASIS NETWORK

O.O. Bezsonov

The article is devoted to the development of a generalized training algorithm of the evolving radial base network (ERBN). ERBN is used for a wide range of tasks of identification, control, signal and image processing. Depending on the type of problem being solved a large number of functions with different number of adjustable parameters can be used in ERBN as the basis functions, and therefore there is a need for a generalized approach to configure them. A genetic algorithm is utilized for training the neural network, which significantly accelerate the learning process. The simulation results confirm the effectiveness of the proposed method of adjusting the parameters of the ERBN with using special non-coding regions of the chromosome - introns.

Keywords: neuron network, base function, genetic algorithm, radially-base network, intron.

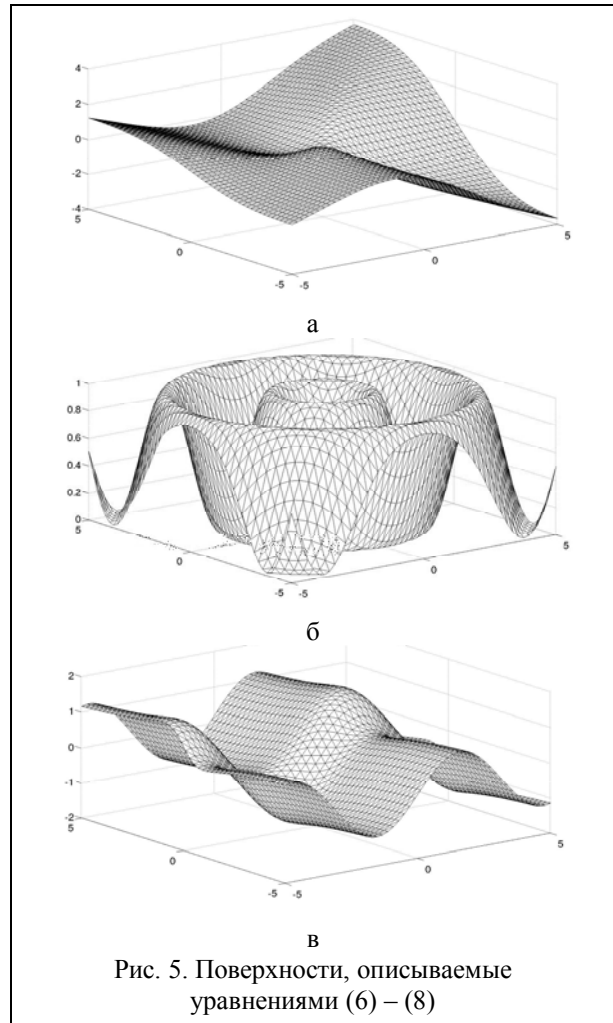


Рис. 5. Поверхности, описываемые уравнениями (6) – (8)

4. Руденко О.Г. Робастная нейроеволюционная идентификация нелинейных нестационарных объектов / О.Г. Руденко, А.А. Бессонов // Кибернетика и системный анализ. – 2014. – № 1. – С. 11-20.

Поступила в редколлегию 12.08.2015

Рецензент: д-р техн. наук, проф. О.Г. Руденко, Харьковский национальный университет радиоэлектроники, Харьков.