

ОСОБЕННОСТИ ТЕОРЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ МОДЕЛИРОВАНИЯ СИСТЕМ АНАЛИЗА УПРАВЛЯЮЩИХ РЕШЕНИЙ

Для проведения теоретических исследований особенностей алгоритмов, характер преобразований которых они обеспечивают, близок или соответствует эволюционным преобразованиям, необходимо более детально остановиться на основных компонентах соответствующих алгоритмов. Прежде всего, остановимся на генетических алгоритмах, в которых наиболее явно выражается их эволюционная природа [1].

Генетические алгоритмы строятся из базовых генетических преобразований и вспомогательных функций, каждая из которых или некоторая их совокупность используется для обслуживания отдельного типа преобразования, которое соответствует определенной генетической схеме. К таким генетическим схемам относятся [2]:

- репродукция,
- скрещивание,
- мутация.

Функцию мутации запишем формально в виде:

$$M[hr_i] = \langle f^V(ge_i) * f^P(ge_i) \rangle,$$

где hr_i - i -тая хромосома, ge_i - i -тый ген, f^V - функция выбора гена ge_i в хромосоме hr_i , f^P - функция преобразования выбранного гена ge_i .

Функция скрещивания формально запишется в виде:

$$K[HR_i] = \langle f^W(HR_i) * [f^{D1}(hr_i, hr_j) * f^{D2}(hr_k, hr_g) * \dots * f^{Dm}(hr_m, hr_n)] \rangle,$$

где HR_i - совокупность хромосом $HR_i \subset PH = \{hr_1, \dots, hr_m\}$, HP - популяция хромосом, f^W - функция выбора хромосом, f^{Di} - функция декомпозиции выбранной пары хромосом или их скрещивание. В большинстве случаев, выполняется операция скрещивания для одной пары хромосом, при этом, функция скрещивания запишется в виде:

$$K[hr_i, hr_j] = \langle f^D(hr_i, hr_j) \rangle.$$

Функция f^D определяет способ деления каждой из хромосом на части, которые рекомбинируют в соответствии со схемой скрещивания, и называется функцией декомпозиции.

Функция репродукции формально запишется в виде следующего соотношения:

$$R[PO_i] = \langle f^S [f^C(hr_i)] \rightarrow hr_i^P \rangle,$$

где PO_i - текущая популяция, R - функция репродукции популяции, f^C - функция оценки текущей хромосомы hr_i в популяции PO_i , f^S - функция, которая на основе оценки хромосомы hr_i определяет ее пригодной или непригодной для участия в популяции PO_{i+1} , hr_i^P - хромосома, которая выбрана для включения в PO_{i+1} .

Примем, что один цикл генетических преобразований включает все генетические схемы и, соответственно, все вспомогательные функции, которые такое преобразование обеспечивают. Формально, такой цикл можно представить в виде соотношения:

$$H(G) = H(M, K, R, PO_i) = F\{R[PO_i], K[HR_i], M[hr_i]\},$$

где - функция которая, в простейшем случае, описывает порядок выполнения схем R , K , M в рамках цикла $HC(G)$. Эта функция может быть расширена таким образом, при котором она будет описывать взаимозависимости между отдельными схемами, которые будут определять не только порядок их выполнения, но и необходимость выполнения той или иной схемы в рамках одного цикла генетических преобразований. Очевидно, что в этом случае необходимо использовать функцию оценки результатов преобразования, которые осуществляются в рамках одной генетической схемы. В большинстве случаев, принимается, что в рамках цикла $HC(G)$ последовательно выполняются все преобразования в соответствии с полным набором генетических схем, что формально описывается соотношением:

$$HC(G) = R \rightarrow K \rightarrow M.$$

Такая очередность определяет приоритетность генетических схем.

Поскольку, параметры P^D и P^U , характеризующие анализируемое решение, предполагается определять по характеристике самой системы, то необходимо определить те ее особенности, которые тесно связаны с качеством анализируемых решений. Очевидно, что соответствующие особенности должны идентифицироваться некоторыми переменными.

В качестве первой особенности, которая будет характеризовать параметр достоверности анализируемого решения P^D , примем среднее значение диапазона изменений параметров, которые описываются одной хромосомой. В теории генетических алгоритмов аналогом этого параметра могут служить параметры $\delta(hr)$ и $\mathcal{G}(hr)$. Первый из них обозначает количество активных генов в хромосоме, а второй обозначает интервал, в котором расположены активные гены. Под активностью гена подразумевается, в этом случае, те гены, которые идентифицируются

выбранным кодом, например, «1» и «0», поскольку на текущих этапах преобразования хромосом они могут изменяться. Неактивные гены это те гены, которые на определенном количестве этапов преобразований хромосом не изменяются. Поэтому, введем определение времени затухания активности генов.

Определение 1. Время затухания активности генов τ в хромосоме hr_i определяется количеством циклов генетических преобразований $HC(G)$, в течении которых соответствующие гены не изменяются.

Формально, величину τ можно определить в соответствии с соотношением:

$$\tau(ge_{ijq}) = \sum_{j=1}^m \{ [K_j[hr_i(ge_{i1}, \dots, g_{ir}), hr_k(ge_{k1}, \dots, ge_{km})]] \& [M_j[hr_i(ge_{iq})] \vee M_j[hr_k(ge_{kq})]] \} \rightarrow [ge_{jiq} = g_{(j-1)iq}]$$

где $\tau(ge_{ijq})$ - ген q хромосомы i , которая участвует в преобразовании $j-1$ и j и, при этом, не изменяется.

Примем, что параметр P^D в рамках $HC(G)$ связан с количеством не активных генов на определенном этапе преобразований $HC(G)$. Этот параметр характеризуется следующими особенностями $HC(G)$:

- количеством пассивных членов $n(ge_i)$ в отдельной хромосоме hr_i ,
- количеством хромосом с пассивными генами или $n(ch_i)$,
- периодом средней пассивности генов в $HC(G)$ или $\delta(ge_i)$,
- периодами индивидуальной пассивности отдельных хромосом в $HC(G)$.

Для приведения параметра P^D к некоторому диапазону значений установим зависимость P^D от приведенных особенностей. Поскольку среди этих особенностей присутствуют временные характеристики, то примем в качестве максимального значения этих временных характеристик весь период генетических преобразований, в течении которого в рамках SAR осуществляется анализ PR . Этот период может управляться параметром P^T . Поэтому, время пассивности генов не может превышать ΔT_{\max} или $\Delta t(ge_i) \leq \Delta T_{\max}$. Введем следующее определение.

Определение 1. Параметр P^D определяется степенью активности генов в процессе реализации полного цикла анализа PR системой SAR .

Формально, P^D можно определить в соответствии со следующим соотношением:

$$P^D = \alpha / \left\{ \left\{ \sum_{k=1}^r PO_k \left[\sum_{j=1}^n hr_j \left(\sum_{i=1}^m ge_i \right) \right] / n \right\} / r \right\} ,$$

где α - коэффициент согласования размерностей. Приведенное соотношение описывает обратно пропорциональную зависимость между P^D и средним количеством пассивных генов в $HC(G)$. Это означает, что чем меньше пассивных генов, тем выше уровень достоверности анализируемого PR .

Для приведения параметра P^U к некоторому диапазону значений, установим зависимость между P^U и особенностями системы генетических преобразований. Кроме базовых генетических схем для реализации преобразований используются вспомогательные функции, которые соотносятся с каждой из генетических схем.

Схема репродукции R использует следующие вспомогательные функции:

- функцию оценки отдельной хромосомы $\varphi^C(hr_i)$,
- функцию выбора из популяции хромосом, которые будут использоваться в следующей популяции $\varphi^V(PO_i)$.

Для приведенных дополнительных функций φ^C и φ^V общим является то, что они представляют собой параметрические функции. Это означает, что в рамках этапа использования отдельной функции существует возможность менять критерий выбора. Особенно четко это видно по функции φ^V . Эта функция строится таким образом, что бы существовала возможность отклонения от критерия выбора при ее реализации. В классических случаях, отклонение от критерия выбора в процессе ее функционирования реализуется на основе использования случайного механизма, хотя это не единственный возможный способ обеспечения изменения параметра выбора. Примером такого механизма является механизм рулетки, который принимается как механизм случайного выбора, по отношению к цене выбираемых хромосом. Это означает, что существует некоторый глобальный критерий, но процесс выбора позволяет на отбор и тех хромосом, которые не соответствуют по своей оценке глобальному критерию. В этом случае, такой параметрический механизм реализуется зависимым от предшествующих факторов, которые имели место в соответствующих предшествующих популяциях.

Параметрическое управление вспомогательными функциями можно реализовывать следующими способами:

- используя обратную временную связь между прошедшими циклами и текущим циклом генетических преобразований по выбранным параметрам,
- используя элементы прогнозирования свойств будущих популяций, по отношению к текущим популяциям, что можно условно назвать обратной

связью с будущими популяциями, в отличие от первого случая, который можно назвать обратной связью с прошедшими популяциями,

- используя данные из других компонент общей схемы генетического алгоритма, например, используя данные полученные на основании анализа хромосом, которые сформировались при скрещивании или мутации, несмотря на то, что эти операции, в соответствии с определением одного цикла $R \rightarrow K \rightarrow M$, относятся к предшествующему циклу.

Независимо от перечисленных способов параметрического управления, последнего можно достигнуть путем изменения функции оценки хромосомы. При этом, вместо механизма рулетки можно использовать модели выбора хромосом, которые основываются на математическом аппарате нечеткой математики. В рамках этого аппарата существует возможность сформировать условия, при которых может быть выбрана хромосома, которая не является наилучшей по отношению к той цене, которая в соответствии с оценочной функцией определена, как соответствующая критерию отбора.

Схема скрещивания K использует следующие вспомогательные функции:

- функцию выбора пары хромосом, для скрещивания,
- функцию выбора точек деления хромосом.

Достаточно часто эти функции представляют собой функции случайного выбора хромосом для формирования пар и функции случайного выбора точек деления. При этом, количество точек деления задается фиксированным. В простейших случаях функция выбора точек деления заменяется определением фиксированных точек в пределах длины хромосомы. Такой подход приводит к дискредитации этих алгоритмов, как таких, которые обеспечивают эволюционные изменения модели преобразуемого объекта. Будем считать, что в рамках одного полного цикла генетических преобразований параметры вспомогательных функций не изменяются. Наиболее простая ситуация со вспомогательными функциями у операции мутации, поскольку она выполняется по заданному алгоритму, например, инверсия $-ge_i$, где i выбирается в соответствии со вспомогательной функцией. Как и в других случаях, эта функция выбирает i случайным образом. На этом этапе реализации $HC(G)$ тоже можно говорить о возможности параметрического управления. Оно может состоять в управлении генератором псевдослучайных величин, что достаточно легко реализуется, если используются для реализации этих функций, модели псевдослучайных чисел на основе регистров сдвига. В этом случае, такое управление состоит в изменении начального числа, которое записывается в регистр [3].

После завершения отдельного цикла $HC(G)$, в рамках SAR проводится анализ параметров, которые характеризуют исходное PR с параметрами PR_i , которые получены в результате анализа PR_i , где i индекс одного цикла

$HC(G)$. В первую очередь таким параметром является параметр P^D . Если изменения P^D оказались несущественными, то в SAR реализуются процедуры изменения параметров вспомогательных функций. Такие изменения могут реализовываться в рамках тех технологических возможностей, которые рассмотрены выше.

В состав системы SAR можно включать произвольное количество компонент, которые реализуют процесс анализа. Это означает, что кроме системы анализа, которая основывается на реализации процедур типа $HC(G)$, в SAR , нашем случае, должны входить и другие процедуры, которые ориентированы на оценку результатов преобразований. Это необходимо для того, что бы на процессы эволюционного развития можно было влиять, если его параметры изменяются. Изменение параметров эволюционного процесса могут приводить к переходу последнего в следующие виды процессов:

- в процесс деградации,
- в процесс сбалансированного функционирования,
- в процесс случайных изменений параметров.

В данном случае, не будем останавливаться на методах анализа результатов выполнения процедур $HC(G)$ и на интерпретации задач анализа PR в рамках средств процедур $HC(G)$. Вернемся к интерпретации параметра P^U в предметной области средств $HC(G)$. После завершения одного цикла $HC(G)$, на основании значений параметров, которые характеризуют такой цикл, решается задача осуществления параметрического управления самой схемой $HC(G)$. Параметрическое управление приводит к изменению особенностей реализации вспомогательных функций. Например, изменение функции оценки хромосом путем модификации параметрических переменных, которые в пределах одного цикла являются константами или изменение функции выбора хромосом, при реализации репродукции со схемы рулетки на турнирную схему, аналогично и по отношению и к другим генетическим схемам. В отношении к системе SAR , примем, что она состоит из ряда циклов $HC(G)$, если другие типы элементов анализа в SAR не используются. В этом случае рассмотрим следующее определение.

Определение 2. Параметр P^U определяется суммой количества используемых в SAR вспомогательных функций и количеством их модификаций в процессе анализа одного принятого решения UP .

Формально, это определение описывается следующим соотношением:

$$P^U = \sum_{i=1}^m f_i^{WM} + \sum_{j=1}^n F_j(f_i^{WM}),$$

где f_i^{WM} - вспомогательная функция, F_j - функция модификаций одной вспомогательной функции.

Исходя из приведенного определения, можно утверждать, что минимальное значение P^U соответствует случаю, когда в $HC(G)$ используется минимальное количество вспомогательных функций, а в процессе полного периода преобразований PR не используется параметрическое управление соответствующими функциями.

На основе приведенных способов определения параметров P^D и P^U , можно сформулировать способ определения параметра P^E , для чего рассмотрим следующее определение.

Определение 3. Параметр P^E определяется количеством циклов $HC(G)$, которые реализуются в процессе анализа PR системой SAR .

Формально это описывается соотношением:

$$P^E = \sum_{i=1}^n HC(G)_i$$

Поскольку P^E отображает количество циклов $HC(G)$, то возникает задача, которая состоит в определении необходимости инициации очередного цикла $HC_{i+1}(G)$. Традиционный способ решения этой задачи основывается на анализе параметров объекта управления, которые в рамках соответствующих моделей объекта изменяются под действием $PR_i(HC_i)$. В рамках рассматриваемого подхода решение о необходимости инициализации очередного цикла $HC(G)$ формируется на основе анализа факторов, которые связаны с системой SAR . Такими факторами являются взаимоотношения и текущие значения параметров P^D , P^U и P^E . В связи с этим, рассмотрим следующее утверждение.

Утверждение 1. Существуют условия, при которых увеличение параметра P^D приводит к увеличению параметра P^U в пределах, которые определяются размерами хромосомы,

$$\max P^D = \max \sum_{i=1}^m ge_i,$$

где ge_i - активный ген и наоборот.

В соответствии с определением с определением, P^D определяется количеством активных генов ge_i . Количество ge_i , которые переходят в фазу затухания, определяется их влиянием на результат преобразований, которые осуществляют вспомогательные функции F^{WM} . В случае операции

$R(PO_i)$ имеет место соотношение:

$$f^S(f^C(hr_i)) = f^S(f^C[J(ge_{i1}, \dots, ge_{ik})]),$$

где $J(ge_{i1}, \dots, ge_{ik})$ - интерпретация совокупности ge_{ij} хромосомы hr_i . Поэтому, можно записать, что $J(ge_{i1}, \dots, ge_{ik}) = \xi_i(hr_i)$, где ξ_i - числовая величина, определяющая оценку hr_i . Для того, чтобы $J(ge_{i1}, \dots, ge_{ik}) = \xi_i(hr_i)$ необходимо, что бы каждая hr_i и каждый ge_{ij} имели интерпретацию $j(ge_{ij})$. При этом, $J(hr_i) = S^t[S^*[j(ge_{ij})] * \dots * S^*[j(ge_{ik})]]$, где S^t - числовая структура hr_i , а $S^*[j(ge_{ij})]$ - числовая структура ge_{ij} . В простейшем случае структура гена является битовой, или $S^*[j(ge_{ij})] = [<0>, <1>]$. В этом случае, S^t может представлять собой двоичную структуру представления числа с произвольным основанием $[S^t(hr_i) = 2^k + 2^{k-1} + \dots + 2^1 + 2^0] \rightarrow \xi[J(hr_i)]$. Структура $S^t(hr_i)$ может представлять собой сумму единичных битов в хромосоме, или:

$$S^t(hr_i) = \sum_{i=1}^k Sg(ge_{ij}) = \delta(hr_i).$$

В первом случае, в создании структуры S^t участвует каждый ge_{ij} и его позиция в hr_i , что можно записать в виде: $\pi(ge_{ij}, hr_i)$. Во втором случае $\pi(ge_{ij}, hr_i) = 0$. Каждая модификация F^{WM} реализуется в соответствии с алгоритмом $Al[F^{WM}]$, которому доступна каждая $ge_{ij} \in hr_i$, поскольку часть из F^{WM} оперирует с интерпретацией $J(hr_i)$, а другая часть с $j(ge_{ij})$. Если в $f_i^{WM} \in F^{WM}$ участвуют не все $ge_{ij} \in hr_i$ на протяжении цикла $HC(G)$, то соответствующий $ge_{ij} \rightarrow -ge_{ij}$. В соответствии с определением, $P^D = F^D(PO_i)$, а PO_i охватывает все hr_i и ge_{ij} . Поэтому, можно записать, что

$$P^D = F^D\{[f^V(ge_{ij}) * f^P(ge_{ik})] * [f^D(hr_i(ge_{i1}, \dots, ge_{ik})) * hr_j(ge_{j1}, \dots, ge_{jk})] * [f^S[f^C[hr_i(ge_{i1}, \dots, ge_{ik})]]]\}$$

Из приведенного соотношения видно, что конечным элементом преобразований F^{WM} является $ge_{ij} \in hr_i \in PO_i$. Поскольку модификация $Q(F^{WM})$ приводит к изменениям в F^{WM} , то такие изменения приводят к изменениям, которые определяются $S^t(hr_i)$. Пусть в $HC(G)$ значение $P^D = N$. Пусть изменение $F^{WM}(PO_i)$ состоит в том, что $M(ge_{ij})$ из $HC(G)$ стала равной нулю. Тогда $P^D = N - 1$ и соответственно $P^{U*} < P^U$, где P^U первоначальное значение параметра. При обратном изменении $[M(ge_{ij}) = 0] \rightarrow [M(ge_{ij}) = 1]$ будет иметь место увеличение P^U . Это соответствует случаю, когда имеет место $P^D \rightarrow P^U$. Рассмотрим ситуацию, когда имеет место $P^U \rightarrow P^D$, при этом $Q(F^{WM})$ состоит в замене F_i^{WM} на F_j^{WM} . Примем, что это $f^C(hr_i)$. Если в f^C существует $\aleph_i(hr_i)$ в качестве критерия, числовая структура которого $S^t[\aleph_i] < S^t[hr_i]$, то это означает, что максимальное значение $J(hr_i)$ будет иметь порог, определенный $S^t(hr_i)$ и ge_{ij} , для которых $\pi(ge_{ij}, hr_i) > \pi(ge_{ij}, \aleph_i)$, перейдут в пассивную фазу. В этом случае, $Q(P^U) \rightarrow P^{D*}$, где $P^{D*} < P^D$. Все функции типа f^W , f^V , f^S во всех случаях используют в качестве аргументов результаты полученные от использования f^C . Следовательно, для $HC(G)$ будет иметь место соотношение $P^U + \Delta P^U \rightarrow P^D + \Delta P^D$ в том случае, если $S^t[\aleph_i] \in f^C(hr_i)$ будет увеличен в смысле $\pi(ge_{ij}, \aleph_i)$. Если f^D не использует f^C , а оперирует со структурой хромосом $S^t(hr_i)$ и $S^t(hr_j)$, то f^D представляет собой функцию случайного выбора. В результате чего, $Q(f^D) \vee Q(f^S)$ изменяют свои функции распределения вероятностей выбора на множестве элементов ge_{ij} из hr_i [4], что приведет к распределению частоты выбора одних фрагментов hr_i на другие или $\psi_1(hr_i) \rightarrow \psi_2(hr_i)$, что в общем случае приведет к перераспределению ge_{ij} в

hr_i . Это, в свою очередь, не приведет к изменению соотношения между P^U и P^D в сторону уменьшения P^D .

В соответствии с приведенным утверждением, существует возможность переносить интерпретацию процессов модификации элементов $HC(G)$ на интерпретацию объекта управления, не проводя предварительного анализа параметров объекта. Очевидно, что корректность такого переноса зависит от корректности интерпретации управляемого объекта в его исходном состоянии в предметной области схемы преобразований, которые характерны для генетических алгоритмов. В связи с этим можно сформировать следующее положение.

Положение 1. В случае использования схемы $PR \rightarrow SAR(PR) \rightarrow UR$, при корректной интерпретации PR в системе $HC(G)$, параметры результатов анализа PR в SAR имеют корректную интерпретацию в объекте управления, что выражается в интерпретации управляющего решения UR .

Это положение означает, что в рамках SAR можно получить корректные результаты в виде UR , если PR , которое подается на вход SAR обладает корректной интерпретацией в SAR . Очевидно, что при этом подразумевается интерпретация PR в предметной области объекта управления в той степени, в которой для PR известна предметная область объекта управления.

1. Гладков Л.А., Курейчик В.В., Курейчик В.М. Генетические алгоритмы. М.: Физматлит, 2006.
2. Achel A. Statystyka w zarrondzaniu. Warszawa: WNT, 2000.
3. De Jong K.A. Evolutionary Computation. MIT Press, Cambridge, MA.
4. Gaek L., Kaluska M. Wniskowanie statystyczne. Modele i metody. Warszawa: WNT, 2000.

Поступила 9.02.2009р.

УДК 681

А.А.Владимирский, А.П.Иващенко

РАЗРАБОТКА КАМЕРЫ МАЛОГО ОБЪЕМА И КОМПЛЕКТА СМЕННЫХ КАМЕР ДЛЯ ПОВЕРКИ МИКРОФОНОВ

В ИПМЭ им. Г.Е.Пухова НАН Украины совместно с ГП “Укрметр-тестстандарт” по заказу ГП “Запорожьестандартметрология” разработана камера малого объема (КМО) с комплектом сменных камер (комплект СК).