

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS DE SISTEMAS NÃO LINEARES UTILIZANDO ALGORITMOS GENÉTICOS

Moacir C. Gomes¹, Gideon Villar Leandro² e Eduardo Parente Ribeiro²

¹Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação da Universidade de Passo Fundo,
CEP 95054-000, Passo Fundo

²Departamento de Engenharia Elétrica, Universidade Federal do Paraná, Centro Politécnico,
CEP 81040-990, Curitiba

moacir@upf.br; gede@eletrica.ufpr.br; edu@eletrica.ufpr.br

Resumo – A estimação de parâmetros em identificação de sistemas, é uma das etapas na qual são empregados algoritmos para obtenção dos valores dos parâmetros do modelo escolhido a priori. Desta forma, a utilização de boas técnicas, ajuda na obtenção dos valores dos parâmetros, que levam ao modelo geral do sistema estudado. O objetivo deste trabalho é a utilização de técnicas de inteligência computacional, como são os algoritmos genéticos, como metodologia para estimação de parâmetros, na identificação de sistemas não-lineares, utilizando o modelo discreto do tipo NARX. O algoritmo genético proposto é codificado em ponto flutuante e possui modificações em relação ao algoritmo padrão tais como: normalização do espaço de busca, utilização de múltiplos operadores de cruzamento, utilização de heurística na etapa de seleção. Os resultados obtidos mostram que os parâmetros estimados para os modelos conseguem reproduzir o comportamento dinâmico não-linear dos sistemas sob investigação.

Palavras-chave – Estimação de Parâmetros, Algoritmos Genéticos, Sistemas Não Lineares

1. Introdução

A modelagem matemática é uma das formas utilizadas para descrever características de um sistema. Fazendo uso de equações matemáticas, esta forma de modelagem simula saídas para um sistema de acordo com os dados de entrada, permitindo assim a descrição do comportamento dinâmico do sistema [1].

Uma das técnicas da modelagem matemática, que se caracteriza por usar somente dados de entrada e de saída, não exigindo qualquer conhecimento adicional sobre o sistema a priori, é conhecida como identificação de sistemas caixa preta. Esta técnica visa encontrar um modelo matemático que melhor representa a relação entre o sinal de entrada e a saída de um sistema real [1-2].

Escolhido um modelo para o sistema, que envolve a escolha da representação e a determinação da estrutura. O passo seguinte é encontrar os valores dos parâmetros deste modelo para sua posterior validação. Dentre os trabalhos que realizam estimação de parâmetros para sistemas não-lineares [3-5] utilizam Algoritmos Genéticos; [6] utiliza vários métodos baseados em Algoritmos Evolutivos.

Algoritmos Genéticos são algoritmos baseados na genética e no processo de seleção natural. É uma técnica probabilística, que tendo a mesma população inicial e o mesmo conjunto de parâmetros pode encontrar soluções diferentes a cada vez que é executado. Em contrapartida aos métodos determinísticos trabalham com vários pontos a cada passo. Desta forma, é possível explorar um espaço mais amplo de soluções potenciais para um problema do que técnicas convencionais [7-8].

Neste trabalho é proposto um Algoritmo Genético para estimar os parâmetros de modelos não-lineares (NARX) pré-definido que representa um sistema não-linear. Neste são introduzidas modificações nas várias etapas que constituem o Algoritmo Genético padrão objetivando uma melhor convergência da solução. As modificações introduzidas são: população inicial com cromossomos pré-selecionados; normalização do espaço de busca; a seleção é feita usando uma combinação do método de ranking geométrico normalizado e o elitismo, sendo introduzida uma técnica de procura perto dos cromossomos

escolhidos que varia com o tempo; o cruzamento é realizado utilizando várias técnicas conjuntamente; a mutação é realizada utilizando uma mutação não uniforme, sendo seu percentual variável com o passar das iterações; a função de avaliação é baseada no erro médio quadrático mais uma correção baseada na correlação das saídas reais e estimadas.

2. Estimação de Parâmetros

O objetivo da estimação de parâmetros de um sistema é a determinação dos parâmetros de um modelo escolhido a priori, que caracteriza a operação do sistema dinâmico de uma forma aproximada. O termo sistema dinâmico significa que as variações de seus estados e saídas são governadas por leis físicas e influenciadas pelas entradas. As informações obtidas são geralmente as saídas medidas, ou função das saídas medidas, que em geral podem ter perturbações [2].

Os modelos baseados em equações de diferença constituem uma das mais importantes classes de modelos matemáticos de sistemas lineares ou não-lineares. O modelo NARX (Non-Linear AutoRegressive with eXogenous inputs) com estrutura monovariável é dado por [1-2]:

$$y(k) = F^l \left(\sum_{i=1}^n a_i y(k-i) + \sum_{j=1}^m b_j u(k-j) \right) + e(k) \quad (1)$$

A sendo $y(k)$, $u(k)$, $e(k)$, a saída, a entrada e o ruído aditivo do sistema, respectivamente, e n e m os seus respectivos atrasos máximos.

A forma da função F^l normalmente não é conhecida *a priori*. Assim, a dinâmica do sistema deve ser reconstruída. Possíveis aproximações para esta função são os modelos polinomiais e racionais. Neste trabalho, a aproximação utilizada é a polinomial.

Assim, o que se deseja obter do modelo descrito na equação (1) são os coeficientes a_i e b_j , cuja técnica utilizada é descrita no item a seguir.

3. Algoritmos Genéticos

São segundo [7], algoritmos de procura baseados nos mecanismos de seleção da genética natural, onde os indivíduos (representados por cromossomos) mais fortes e aptos têm probabilidade maior de sobrevivência e evolução, sendo sua lógica de funcionamento baseada nas leis de evolução natural propostas por Charles Darwin. Os operadores básicos usados pelos Algoritmos Genéticos são: seleção, cruzamento e mutação. A seleção é um processo de escolha dos cromossomos mais aptos dentro da população que reproduzirão cópias que, mais tarde, serão submetidas aos operadores de cruzamento e mutação, formando assim uma nova população. No cruzamento é onde ocorre a troca de informações entre os cromossomos, permitindo que as próximas gerações herdem seu material genético. A mutação consiste em modificar aleatoriamente um ou mais gene do cromossomo pai, visando restaurar a diversidade genética eventualmente perdida durante o processo evolutivo [8].

3.1 Descrição do algoritmo genético utilizado

A seguir é descrita a estrutura geral do Algoritmo Genético utilizado neste trabalho, onde são especificados os operadores genéticos usados e seus parâmetros.

3.1.1 Representação dos cromossomos

Foi escolhida a representação decimal ou por ponto flutuante, a vantagem de usar a codificação ponto flutuante com relação a codificação binária foi demonstrada em [8].

3.1.2 Tamanho da população

O tamanho ideal da população depende da complexidade do problema, especialmente do tamanho do espaço de busca. Neste trabalho foram feitas várias simulações com tamanhos diferentes da população. O tamanho escolhido foi de 80 cromossomos, pois foi o que apresentou melhor custo/benefício (tempo de processamento/convergência para o mínimo global).

3.1.3 Inicialização da população

Os valores iniciais dos parâmetros que compõem os cromossomos da população são gerados aleatoriamente dentro do intervalo de busca do problema através da equação (2).

$$Par(i, j) = LI + r(LS - LI) \quad (2)$$

Onde i varia de um até o tamanho da população, j varia entre um e o número total de parâmetros, LI e LS são os limites inferiores e superiores, respectivamente, para o domínio ou espaço de busca do problema, r é um número aleatório gerado no intervalo entre $[0 \ 1]$ e Par é o valor inicial para o parâmetro j do cromossomo i .

Neste trabalho foi realizada uma alteração quanto à inicialização da população. O algoritmo genético foi usado em duas etapas, na primeira etapa gera-se aleatoriamente uma população de, por exemplo, 100 cromossomos e aplicam-se os operadores genéticos por um número determinado de gerações, encontrando e guardando o melhor cromossomo. Este procedimento é repetido até que seja atingido 50% da população que será utilizado no programa principal. A segunda etapa, nesse processo de inicialização, é juntar em uma única população os cromossomos armazenados na etapa anterior, com cromossomos gerados aleatoriamente. O objetivo de inicializar a população em duas etapas está no fato que os Algoritmos Genéticos são algoritmos que iniciam e evoluem de forma estocástica, sendo assim, é possível iniciar em pontos diferentes a cada execução e, então, buscar a solução ótima.

Outro aspecto importante, na inicialização da população, refere-se à região viável ou espaço de busca. Uma forma de reduzir o espaço de busca do problema, usada neste trabalho, consiste em normalizar os parâmetros pela ordem do sistema na forma discretizada no tempo. Com isso, tem-se uma região viável para os parâmetros no intervalo $[-1 \ 1]$. Logo, os limites superior (LS) e inferior (LI), na equação (2), assumem os valores 1 e -1, respectivamente.

3.1.4 Função de avaliação (Fitness)

A função de avaliação utiliza o erro médio quadrático, entre a saída estimada um passo a frente e a saída real do sistema, mais uma parcela que correlaciona estas saídas [4].

$$F_i = \frac{\frac{1}{N} \sqrt{\sum_{t=1}^N (y(t) - \hat{y}(t))^2} + |1-C|}{2} \quad (3)$$

Na equação (3), C é o coeficiente de correlação entre a saída real do sistema e a estimada um passo a frente pelo modelo. A correlação de forma geral é usada para determinar a similaridade entre duas funções ou sinais, ou seja, através dela são estudadas diversas variáveis simultaneamente para ver como estas estão inter-relacionadas. Esta fórmula é originalmente proposta por [4].

3.1.5 Método de seleção

O processo de seleção usa uma combinação entre o método de ranking geométrico normalizado e o elitismo. Conforme [9], a seleção por ranking geométrico normalizado é feita aplicando-se a equação (4),

$$p(i) = \frac{q(1-q)^{rank(i)-1}}{1-(1-q)^P} \quad (4)$$

onde q representa a taxa unitária do cromossomo mais apto, P é o tamanho da população, $rank(i)$ é a posição do cromossomo ao ser enfileirado em ordem decrescente de fitness e $p(i)$ é a probabilidade de seleção do cromossomo i .

O elitismo é usado de duas formas no algoritmo: junto com a seleção geométrica normalizada; e outra independente. Na seleção geométrica, o melhor cromossomo de cada geração tem assegurada a sua seleção para a próxima geração no lugar do pior cromossomo. Na forma independente, a cada n gerações

previamente definido, os cromossomos são ordenados em ordem crescente de fitness, 50% da população (cromossomos com piores fitness) são trocados por cromossomos gerados aleatoriamente, dentro do intervalo que tem os parâmetros dos cromossomos da primeira metade localizados no centro desse intervalo. Esse espaço ao redor dos parâmetros é definido pelo usuário e varia com o tempo, diminuindo ao longo das gerações. Com isso é possível determinar a faixa, ao redor dos melhores cromossomos, onde serão formados os cromossomos da segunda metade da população.

A equação (5) é responsável pela formação dos cromossomos da segunda metade da população, enquanto que a equação (6) define a região ao redor do cromossomo gerador e a redução dessa região ao longo das gerações, produzindo um espaço viável em forma de cone para os novos cromossomos.

$$x_{i+k} = X_i + (2r-1)l \quad (5)$$

$$l = p \left(1 - \frac{g}{G+1} \right) \quad (6)$$

Onde r é um número aleatório no intervalo $[0 \ 1]$, p representa a distância máxima possível para o cromossomo x ser gerado acima ou abaixo do cromossomo X (gerador), g é a geração atual, G é o número máximo de gerações e k representa a metade da população. O valor de p usado neste trabalho foi de 0,15, ou seja, os cromossomos gerados aleatoriamente no início das gerações podem assumir valores com distância máxima de 15% do intervalo normalizado ao redor do cromossomo gerador.

3.1.6 Cruzamento

Foram usados vários métodos de cruzamento, os quais são descritos a seguir juntamente com a frequência de aplicação:

Cruzamento Uniforme – os cromossomos da população que devem ser submetidos ao cruzamento uniforme são selecionados através do percentual de crossover (pc). Neste trabalho foi usado um percentual de 40% ou $pc = 0,4$.

Cruzamento Aritmético – a escolha dos cromossomos dentro da população para o cruzamento aritmético é feita de maneira idêntica ao método anterior, com percentual pca de 40% ou 0,4. O cruzamento entre cada parâmetro (gene) dos cromossomos selecionados é feito através da equação (7) e (8), onde x e y são os filhos dos cromossomos X e Y , e r é um número aleatório no intervalo $[0 \ 1]$.

$$x = r.X + (1-r)Y \quad (7)$$

$$y = r.Y + (1-r)X \quad (8)$$

Observa-se, nas equações anteriores, que os filhos são gerados na região entre os genitores, fazendo a população tender para o centro do espaço de busca.

Cruzamento Aritmético com os Extremos – esse operador usa o mesmo procedimento que o cruzamento aritmético, no entanto usa os extremos do intervalo de busca $[a \ b]$ do problema para cruzar com os cromossomos selecionados. Esse operador foi introduzido para compensar o efeito de centralização da população provocado pelo cruzamento aritmético. A frequência de aplicação é dada por pce , definido em 35% ou 0,35. A equação (9) mostra como é encontrado o descendente do cromossomo selecionado.

$$x = \begin{cases} r_1.X + (1-r_1)a & \text{se } r_2 \leq 0,5 \\ r_1.X + (1-r_1)b & \text{se } r_2 > 0,5 \end{cases} \quad (9)$$

Onde r_1 e r_2 são números aleatórios gerados no intervalo $[0 \ 1]$, que definem a distância entre o cromossomo pai e filho e o extremo a ser cruzado, respectivamente.

3.1.7 Mutação

A seleção dos parâmetros que devem sofrer mutação é feita com o auxílio de uma matriz, composta de elementos $r(i,j)$ gerados aleatoriamente no intervalo $[0 \ 1]$, com ordem $P \times NP$ de forma que

cada valor $r(i,j)$ corresponda a um parâmetro da população. A escolha dos parâmetros ocorre com a comparação dos elementos $r(i,j)$ dessa matriz e a probabilidade de mutação, sendo selecionado para a mutação o parâmetro associado ao elemento da matriz aleatória cujo valor é menor ou igual a probabilidade de mutação definida. O operador de mutação utilizado foi a *mutação não-uniforme*. Uma mudança inserida neste trabalho é a introdução da probabilidade variável, onde é possível definir o valor inicial p_i e final p_f no processo de mutação. Com isso a probabilidade de mutação não-uniforme $pmnu$ inicia com valor $p_i = 0,05$ (5%) e aumenta para $p_f = 0,15$ (15%) no fim das gerações.

$$pmnu = p_f - (p_f - p_i) \left(1 - \frac{g}{G}\right)^B \quad (10)$$

Onde g é a geração atual, G é o número máximo de gerações e B é um parâmetro que define a curvatura limite da região factível para x .

4. Resultados Obtidos

Para analisar o desempenho do Algoritmo Genético proposto será comparada a resposta temporal que ele produz com a do sistema estudado e com a obtida com a do Algoritmo Genético disponível no software Matlab. Foram utilizados dois conjuntos de dados distintos, um para a fase de estimação e outro para a fase de validação. O conjunto de dados para a fase de estimação, possui adicionado ao sinal de entrada um ruído aleatório com valor médio nulo e variância de 3% do valor de pico do sinal de entrada. São apresentados dois exemplos.

O primeiro sistema estudado é encontrado em [10], sendo caracterizado pela equação a diferenças.

$$y(k) = 0,3y(k-1) + 0,6y(k-2) + u^3 + 0,3u^2 - 0,4u \quad (11)$$

A equação (11) tem cinco parâmetros para ser estimados e validados. Para a fase de estimação de parâmetros de (11), o sinal de entrada utilizado foi:

$$u(k) = \begin{cases} \text{sen}(2\pi k / 250) & 0 \leq k \leq 250 \\ \text{sen}(2\pi k / 250) + \text{sen}(2\pi k / 25) & 251 \leq k \leq 500 \end{cases}$$

O conjunto de parâmetros estimados pelo Algoritmo Genético modificado do sistema (11) é apresentado em (12) e do Algoritmo Genético padrão em (13). Foram utilizados quinhentos pontos (dados de entrada e saída), com uma população de oitenta cromossomos que se reproduziram por no máximo cem gerações. Este procedimento foi repetido trinta vezes, sendo que os parâmetros apresentados a seguir repetiram-se por 28 vezes para o AG modificado e 19 vezes para o AG padrão.

$$y_{AGm}(k) = 0,2999y(k-1) + 0,6y(k-2) + 1u^3 + 0,3u^2 - 0,4u \quad (12)$$

$$y_{AGp}(k) = 0,87y(k-1) + 0,12y(k-2) - 1,13 u^3 - 0,4u^2 + 2,4u \quad (13)$$

A Figura 1 apresenta a saída do sistema e dos modelos para $u(k)$ definido acima, e o erro absoluto.

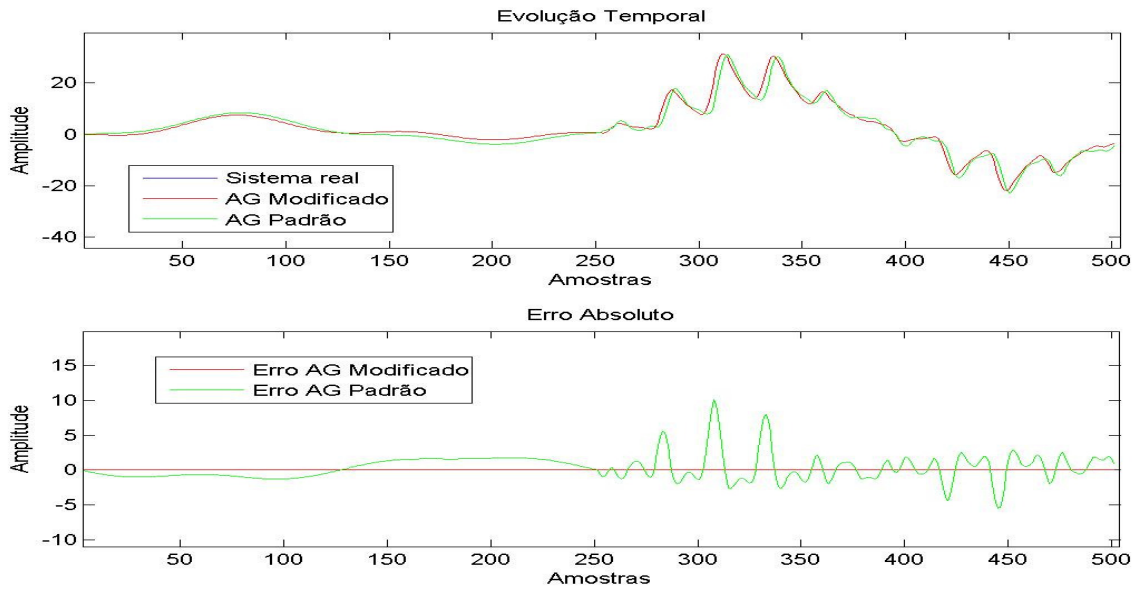


Figura 1 - Resposta temporal e estimada um passo a frente, e erro absoluto.

A figura 2 apresenta a evolução do *fitness* médio da população (soma dos *fitness* de cada indivíduo, dividido pelo número de indivíduos da população), e a evolução do *fitness* do melhor parâmetro a cada geração.

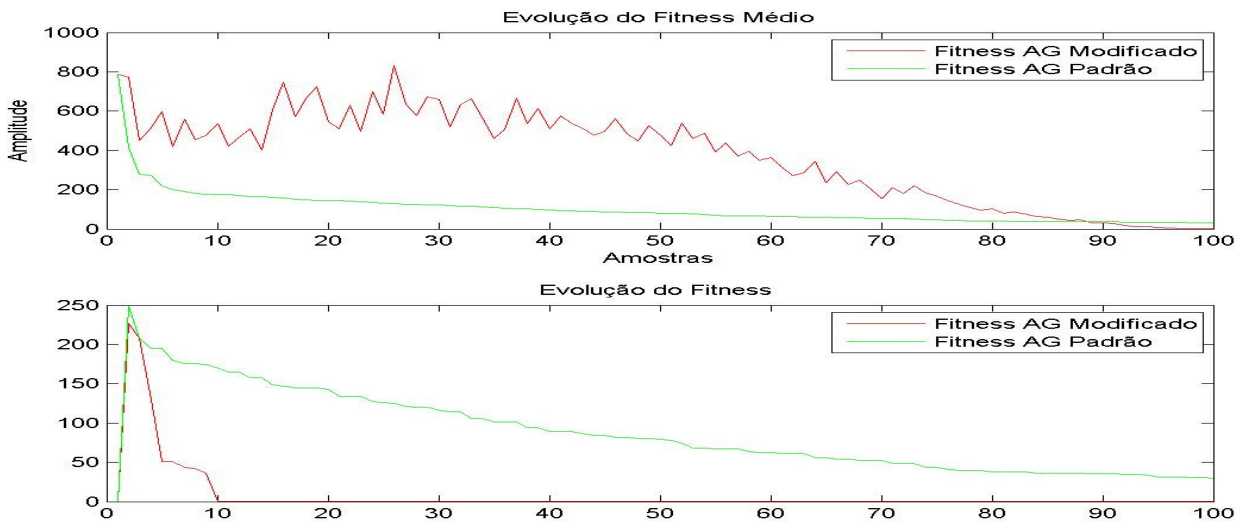


Figura 2 - Evolução do *fitness* médio da população, e do *fitness* do melhor parâmetro a cada geração.

O segundo sistema estudado é o apresentado na figura 3.

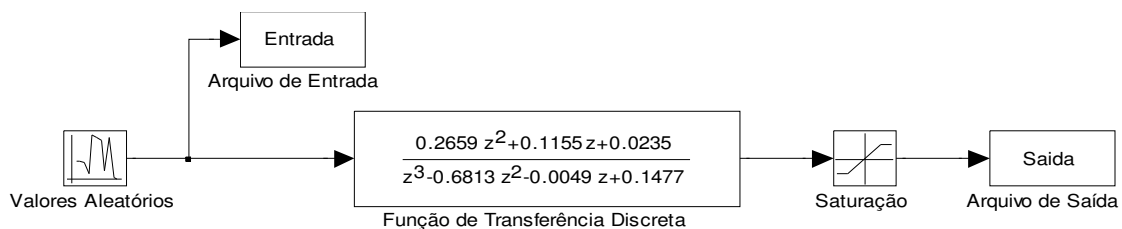


Figura 3 – Sistema com não-linearidade na saída

O resultado obtido pelo Algoritmo Genético modificado, na estimação dos parâmetros do sistema é apresentado em (14) e do Algoritmo Genético padrão em (15). Foram utilizados quinhentos pontos (dados de entrada e saída), com uma população de oitenta cromossomos que se reproduziram por no máximo cem gerações. Este procedimento foi repetido trinta vezes, sendo que os parâmetros apresentados a seguir repetiram-se por 23 vezes para o AG modificado e 14 vezes para o AG padrão.

$$Y_{AGm}(k) = -0,61y(k-1) - 0,09y(k-2) + 0,17y(k-3) + 0,19u(k-1) + 0,10u(k-2) + 0,20u(k-3) \quad (14)$$

$$Y_{AGp}(k) = -1,04y(k-1) + 0,39y(k-2) + 0,01y(k-3) + 0,19u(k-1) + 0,02u(k-2) + 0,23u(k-3) \quad (15)$$

A Figura 4 apresenta a saída do sistema e dos modelos para $u(k)$ definido acima, e o erro absoluto.

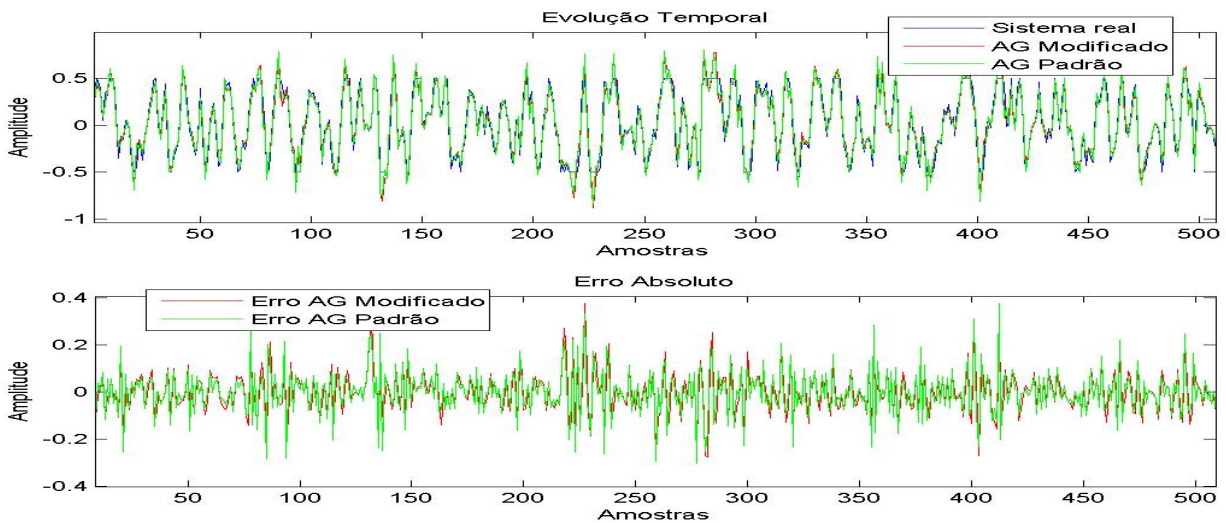


Figura 4 – Resposta temporal e estimada um passo a frente, e erro absoluto.

A figura 5 apresenta a evolução do *fitness* médio da população (soma dos *fitness* de cada indivíduo, dividido pelo número de indivíduos da população), e a evolução do *fitness* do melhor parâmetro a cada geração.

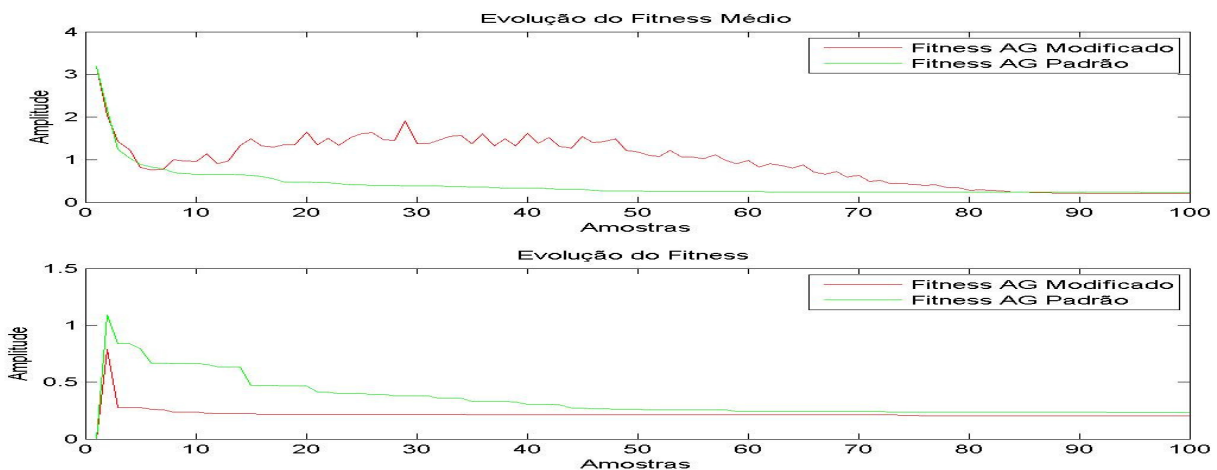


Figura 5 - Evolução do *fitness* médio da população, e do *fitness* do melhor parâmetro a cada geração.

5. Considerações Finais

Analisando-se as respostas no domínio do tempo dos sistemas não-lineares apresentados, percebe-se que os modelos encontrados para os sistemas não-lineares representam satisfatoriamente o sistema em regime transitório e em regime permanente.

No primeiro exemplo (figuras 1 e 2) o modelo encontrado pelo Algoritmo Genético modificado é geral, pois os parâmetros estimados são iguais ao do sistema, enquanto que o Algoritmo Genético padrão encontra um modelo particular, que apenas segue a dinâmica do sistema, mas apresenta erro na validação da resposta temporal. No segundo exemplo (figuras 4 e 5) observa-se que tanto o Algoritmo Genético modificado quanto o padrão obtêm modelos particulares, mas o modelo modificado fitness menor. Observa-se nas figuras 2 e 5 que o fitness médio do modelo modificado não decresce monotonicamente, pois como tem-se a renovação da metade dos cromossomos aleatoriamente a população fica mais diversificada. Destes exemplos observa-se um melhor desempenho do Algoritmo Genético modificado, mostrando sua aplicabilidade e eficácia na estimação de parâmetros de sistemas não-lineares.

Referências:

- [1] L. A. Aguirre, **Introdução à Identificação de Sistemas: Técnicas Lineares e Não-Lineares Aplicadas a Sistemas Reais**, 2ª Ed., Editora UFMG, Belo Horizonte, (2004).
- [2] L. Ljung, **System identification: theory for the user**, 2ª Ed., Prentice-Hall, New Jersey, (1999).
- [3] Q. Chen, et al. Genetic algorithm with an improved fitness function for (N)ARX modeling, **Mechanical Systems and Signal Processing**, 21(2007), Issue: 2, 994-1007.
- [4] M. C. Gomes, Identificação de Sistemas Utilizando Algoritmos Genéticos para Estimação de Parâmetros, Dissertação de Mestrado, Mestrado em Modelagem Matemática, Unijuí, Ijuí.
- [5] G. C. Luh, Non-linear system identification using genetic algorithms, **Journal of Systems and Control Engineering**, 213(1999), Issue: I2, 105-118.
- [6] L. S. Coelho, Algoritmos Evolutivos em Identificação e Controle de Processos: Uma Visão Integrada e Perspectivas, **SBA Controle & Automação**, 10(1999), nº. 01, 13-30.
- [7] D. E. Goldberg, **Genetic algorithms in search, optimization and machine learning**, Addison-Wesley Longman, Boston, (1989).
- [8] Z. Michalewicz, **Genetic algorithms + data structures = evolution programs**, 3th Ed., Springer-Verlag, Ney York, (1996).
- [9] J. A. Joines, and R. Houck, On the use of non-stationary penalty functions to solve nonlinear constrained optimization problems with genetic algorithms, **1st IEEE Conference Evolutionary Computation**, Orlando, (1994), 579-584.
- [10] K. S. Narendra and K. Parthasarathy, Identification and Control of Dynamic Systems Using Neural Networks; **IEEE Transactions on Neural Networks**, 1(1990), nº 1, 4-27.