

тальных сталей // Литье и металлургия. – 1999. – № 2. – С. 47–50.

3. Кухарев Б. С. Термодиффузионное поверхностное легирование // Литье и металлургия. – 1999. – № 2. – С. 44–46.

4. А. с. 1837621 СССР, 13.10.92. Состав для карбидизации изделий из высоколегированных сталей / Б. С. Кухарев, В. К. Карбанович, С. А. Тамело.

5. Заявка 19991027, 02.12.99. Состав для ХТО / Б. С. Кухарев, Н. Г. Кухарева, Г. В. Стасевич.

УДК 681.518

ИНТЕЛЛЕКТУАЛИЗАЦИЯ ПОИСКА В ДИАГНОСТИЧЕСКИХ СИСТЕМАХ С ПОМОЩЬЮ ГЕНЕТИЧЕСКИХ АЛГОРИТМОВ

Канд. техн. наук, доц. ПАШКЕВИЧ В. М.

Белорусский национальный технический университет

Генетические алгоритмы представляют собой адаптивные методы поиска, которые в последнее время часто используются для решения задач функциональной оптимизации. Генетические алгоритмы используют прямую аналогию с механизмом естественного отбора. Они работают с популяцией – совокупностью особей, каждая из которых представляет возможное решение данной проблемы. Каждая особь оценивается мерой ее приспособленности согласно тому, насколько соответствует ей решение за-

дачи. Это приводит к появлению новых особей, которые сочетают в себе некоторые характеристики, наследуемые ими от «родителей». В конечном итоге, через несколько поколений популяция будет сходиться к оптимальному решению.

Имеется много способов реализации идеи биологической эволюции в рамках генетических алгоритмов. Традиционным считается алгоритм Голланда, представленный следующей схемой [1, 2]:

НАЧАЛО / генетический алгоритм */*

Создать начальную популяцию

Оценить приспособленность каждой особи
останов:= FALSE

ПОКА НЕ останов ВЫПОЛНЯТЬ

НАЧАЛО / создать популяцию нового поколения */*

ПОВТОРИТЬ (размер_популяции/2) РАЗ

НАЧАЛО / цикл воспроизводства */*

Выбрать две особи с высокой приспособленностью из предыдущего поколения для скрещивания

Скрестить выбранные особи и получить двух потомков

Оценить приспособленности потомков

Поместить потомков в новое поколение

КОНЕЦ

ЕСЛИ популяция сошлась, ТО останов:= TRUE

КОНЕЦ

КОНЕЦ

Генетический алгоритм может с успехом применяться для задач, которые трудно, а иногда и невозможно, решить другими методами. Преимущество этого алгоритма заключено в его способности манипулировать одновременно многими параметрами. Так как генетический алгоритм работает с целой популяцией решений, он имеет меньше шансов сойтись к локальному оптимуму и робастно функционирует на многоэкстремальном ландшафте. В этом смысле генетический алгоритм может быть охарактеризован как «интеллектуальный метод Монте-Карло». Механизмы скрещивания и мутации в каком-то смысле реализуют переборную часть метода, а отбор лучших решений – градиентный спуск [3].

На первом этапе генетический алгоритм случайным образом генерирует начальную популяцию. Обычно переход из пространства параметров в хэммингово пространство бинарных строк осуществляется кодированием переменных $x_1, x_2, \dots, x_N$ в двоичные целочисленные строки достаточной длины – достаточной, чтобы обеспечить желаемую точность. В терминологии, принятой в теории генетических алгоритмов, такую структуру принято называть особью. Совокупность особей называется популяцией. Генотип особи – это бинарная строка фиксированной длины, описывающая номер гиперкуба в разбиении пространства параметров; приспособленность особи увязывается со значением функции в этой точке.

В каждом поколении реализуется отбор особей пропорционально их приспособленности. Сначала пропорциональный отбор назначает каждой структуре вероятность $Ps(i)$, равную отношению ее приспособленности к суммарной приспособленности популяции. Затем происходит отбор всех n особей для дальнейшей генетической обработки, согласно величине $Ps(i)$. При таком отборе члены популяции, обладающие более высокой приспособленностью, с большей вероятностью будут выбираться чаще, чем особи с низкой приспособленностью.

После отбора n выбранных особей подвергаются кроссоверу (иногда называемому рекомбинацией) с заданной вероятностью Pc ; n строк случайным образом разбиваются на $n/2$ пары. Для каждой пары с вероятностью Pc мо-

жет применяться кроссовер. Обе родительские структуры разрываются на два сегмента по этой точке. Затем соответствующие сегменты различных родителей склеиваются и получают-ся два генотипа потомков. Полученные потомки заменяют собой родителей. После того как закончится стадия кроссовера, выполняются операторы мутации. В каждой строке, которая подвергается мутации, каждый бит с вероятностью Pm изменяется на противоположный. Популяция, полученная после мутации, записывается поверх старой, и на этом цикл одного поколения завершается. Последующие поколения обрабатываются таким же образом: отбор, кроссовер и мутация [4].

Рассмотрим сводимость ряда диагностических задач к задаче нелинейного математического программирования. Пусть для состояния D некоторого механизма известны параметры, характеризующие его свойства μ и состояние его элементов R . По ним может быть рассчитан спектр кинематической погрешности механизма

$$S(f) = S(f)[\mu R(u)],$$

где u – вектор управления состоянием элементов в модели.

Если при этом для механизма, имеющего состояние D^0 , экспериментально получен спектр кинематической погрешности $S_s(f)$, то можно образовать функционал, характеризующий величину невязки расчетного и экспериментального спектров:

$$F(\mu, R) = S(f)[\mu R(u)] - S_s(f) \rightarrow \min.$$

Варьируя значениями μ и u , можно найти решение диагностической задачи (найти значения μ^0 и u), удовлетворяющее условию минимизации невязки расчетного и экспериментального спектров:

$$F^0(\mu^0, R^0) = \min_{\mu, u} F(\mu R(u)).$$

Таким образом, задача диагностики состояния элементов механизма сводится к задаче нелинейного программирования.

Для большинства механизмов функция $F(\mu, R)$ нелинейна, имеет сложный вид, а в ряде случаев может быть и трансцендентной. Поэтому задача диагностики, связанная с перехо-

дом от спектральных составляющих к вызвавшим их первичным погрешностям, не может быть решена точно, а только численными методами, управляемыми логическими процедурами.

Так, зависимость амплитуд известных по результатам экспериментов гармонических составляющих A_k кинематической погрешности передачи от вызвавших их неизвестных первичных погрешностей S_i имеет вид:

$$\left\{ \begin{aligned} A_1 \cos(1 \omega t + \varphi_1) &= \sum_{i=1}^n [k_{1i} S_i + C_{1i}] \cos(1 \omega t + \varphi_{1i}); \\ A_2 \cos(2 \omega t + \varphi_2) &= \sum_{i=1}^n [k_{2i} S_i + C_{2i}] \cos(2 \omega t + \varphi_{2i}); \\ \\ A_m \cos(m \omega t + \varphi_m) &= \sum_{i=1}^n [k_{mi} S_i + C_{mi}] \cos(m \omega t + \varphi_{mi}), \end{aligned} \right. \quad (1)$$

где k_{li} и C_{li} – некоторые коэффициенты, предсказанные моделью; φ_{li} – фазы составляющих; A_i – амплитуды составляющих, вносимых j -й первичной погрешностью. Как видно, на образование одной и той же гармонической составляющей $A_n \cos(n\omega t + \varphi_n)$ кинематической погрешности чаще всего оказывают влияние сразу несколько первичных погрешностей. Таким образом, задача (1) имеет в общем случае бесконечное число допустимых базисных решений.

Генетический алгоритм показывает в таких условиях хорошие результаты решения задачи диагностики планетарных передач по их кинематической погрешности. Так, на рис. 1 представлены спектры кинематической погрешности, полученные экспериментальным путем и рассчитанные на основе генетического алгоритма, управляемого математическими моделями погрешностей.

В принципе, задача (1) может быть решена и переборным путем, однако огромный объем вычислений не позволяет использовать этот путь для практических целей. Так, кинематическая погрешность планетарных плунжерных передач учитывает влияние семи первичных погрешностей: отклонения радиуса эксцентрика; погрешности длины плунжеров; погрешность эксцентриситета; смещения оси ведущего вала относительно центрального колеса; смещения оси ведомого вала относительно центрального колеса; погрешности углового шага прорезей сепаратора; погрешности углового положения плунжеров. При разбиении интервала варьирования каждой из этих переменных

на 100 частей, чтобы точность оценки составляла 1 %, общий объем оценок составит $100^7 = 10^{14}$, что неосуществимо при современном уровне развития вычислительной техники.

Следует отметить достаточно быструю сходимость метода. Расчетный спектр приобретает заметные черты экспериментального уже после первого поколения, а к 20-му поколению процесс практически останавливается. При этом использовались следующие настройки генетического алгоритма: вероятность кроссовера – 0,9, вероятность мутации – 0,05, объем популяции – 50 особей, длина генома – от 12 бит.

В качестве целевой функции использовалась сумма квадратов невязок гармонических составляющих экспериментального спектра кинематической погрешности и спектра, рассчитанного по генетическому алгоритму. При этом алгоритм был предварительно обучен на основе кусочно-линейных аппроксимаций математических моделей, связывающих величины первичных погрешностей S_i деталей механизма и спектральных составляющих кинематической погрешности с амплитудами A_i и фазами φ_i .

После организации следующего поколения оценивался его рейтинг по средней невязке первых десяти особей. Отбор особей для кроссовера осуществлялся на основе панмиксии: – случайного выбора.

Погрешность оценки значений первичных погрешностей составила от 6 до 27 % и оказалась приемлемой для практических целей.

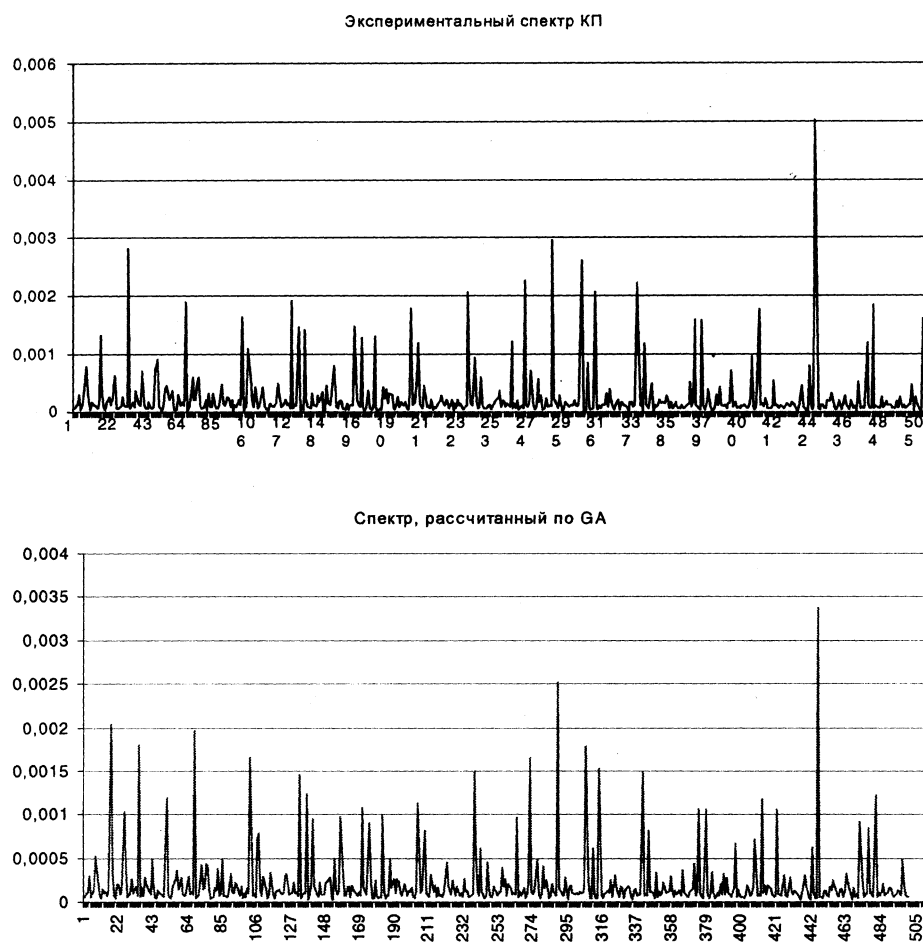


Рис. 1

ЛИТЕРАТУРА

1. **Holland J. H.** Adaptation in Natural and Artificial Systems. Ann Arbor: The University of Michigan Press, 1975.
2. **Goldberg D. E.** Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine learning. – Addison-Wesley, 1989.

3. **Mitchell M.** An introduction to Genetic Algorithm. – MIT Press, 1996.

4. **Исаев С. А.** Генетический алгоритм для решения задач нелинейной многокритериальной оптимизации // Вестник ННГУ. – 1999. – С. 260.