

RBFネットワークとGAによるHammerstein型非線形システムの同定

著者	八野 知博, 出口 勝尚, 高田 等
雑誌名	鹿児島大学工学部研究報告
巻	46
ページ	47-53
別言語のタイトル	IDENTIFICATION OF HAMMERSTEIN TYPE NONLINEAR SYSTEMS USING RBF NETWORKS AND GA
URL	http://hdl.handle.net/10232/633

RBFネットワークとGAによるHammerstein型非線形システムの同定

著者	八野 知博, 出口 勝尚, 高田 等
雑誌名	鹿児島大学工学部研究報告
巻	46
ページ	47-53
別言語のタイトル	IDENTIFICATION OF HAMMERSTEIN TYPE NONLINEAR SYSTEMS USING RBF NETWORKS AND GA
URL	http://hdl.handle.net/10232/00003273

RBF ネットワークとGAによる Hammerstein型非線形システムの同定

八野 知博* 出口 勝尚** 高田 等*

IDENTIFICATION OF HAMMERSTEIN TYPE NONLINEAR SYSTEMS USING RBF NETWORKS AND GA

Tomohiro HACHINO, Katsuhisa DEGUCHI and Hitoshi TAKATA

This paper proposes an identification method of Hammerstein type nonlinear systems by using radial basis function (RBF) networks and genetic algorithm (GA). An unknown nonlinear static part to be estimated is approximately represented by an RBF network. The weighting parameters of the RBF network and the system parameters of the linear dynamic part are estimated by the linear least-squares method. The adjusting parameters for the RBF network structure, i.e. the number, centers and widths of the RBF are properly determined by using the GA, in which the Akaike information criterion (AIC) is utilized as the fitness value function. Simulation results are shown to examine the effectiveness of the proposed method.

Keywords: Identification, Hammerstein system, Nonlinear system, RBF network, Genetic algorithm

1. まえがき

多くの実システムは、飽和不感帯要素などの非線形特性を有している。このような非線形システムの制御、予測、解析等を行うためには、その精度良いモデルが必要であり、効率的な同定アルゴリズムの開発が重要である。Hammerstein モデルは、非線形特性を有するアクチュエータで駆動されるシステムなど、幅広い非線形システムを表現できるモデルとして知られており、非線形システム同定の分野でしばしば用いられている^{1)~10)}。このモデルは Wiener モデルなどと

共にブロック指向モデルの一種であり、前部の静的非線形要素と後部の動的線形部が直列に接続されたモデルである。本モデルは、静的非線形要素の逆関数が存在すれば、その逆関数を実装した制御器で非線形性を補償できる、安定性は動的線形部のみで論ずることができる、などの利点を有している⁸⁾。Hammerstein モデルの同定は、これまでに相関法を用いた手法²⁾、ニューラルネットワークによる手法^{6),7)}、直交関数を用いた手法³⁾、多項式モデルによる手法⁵⁾、区分線形モデルによる手法⁹⁾などいくつかの手法が提案されている。本稿では、Radial Basis Function (以下 RBF と記す) と遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; 以下 GA と記す)^{11),12)}を用いた Hammerstein 型非線形システムの同定法を提案する。本手法では、未知の静的非線形要素を RBF ネットワークで表現し、RBF の重みパラメータおよび動的線形部のシステムパラメータは線形最小二乗法で推定する。この場合、同定

2004年8月31日受理

* 電気電子工学科

** 博士前期課程電気電子工学専攻

精度はRBFネットワークの構造、すなわちRBFの数、中心位置、幅に大きく左右される。本研究では、これらの構造調整パラメータをGAで適切に決定する。GAは生物の進化と遺伝の機構を工学的に模倣した最適化アルゴリズムである。通常、RBFの個数、中心位置、幅の決定は複雑な非線形最適化問題となるが、GAの使用により効率的にそれらを探索できると考えられる。なお、RBFの個数は推定モデルの複雑さと関連し、推定モデルの複雑さと同定精度は相反する。そこで、これらの妥協点を見出す指標として、GAにおける適応度に赤池の情報量規範（Akaike Information Criterion；以下AICと記す）¹³⁾を用いる。非線形部が多項式要素、不感帯要素、飽和要素などである各種Hammerstein型システムを対象に同定シミュレーション実験を行い、出力データに雑音が存在する場合でも本同定法が有効であることを確認した。

2. 問題の設定

次のHammersteinモデルで表される一入出力離散時間非線形システムを同定の対象とする（図-1参照）。

$$\begin{cases} A(q^{-1})y(k) = B(q^{-1})x(k-1) + e(k) \\ x(k) = f(u(k)) \\ A(q^{-1}) = 1 + a_1q^{-1} + \dots + a_nq^{-n} \\ B(q^{-1}) = b_0 + b_1q^{-1} + \dots + b_rq^{-r} \end{cases} \quad (1)$$

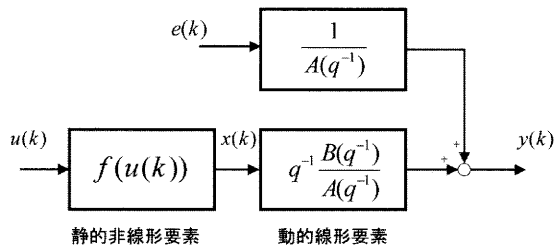


図-1 Hammerstein モデル

ここで、 $u(k)$ ：入力信号、 $y(k)$ ：出力信号、 $e(k)$ ：雑音、 q^{-1} ：遅延演算子、 $f(\cdot)$ ：未知の静的非線形関数である。 n および r はそれぞれ $A(q^{-1})$ および $B(q^{-1})$ の次数であり、既知とする。本稿では、入出力データから未知の非線形関数 $f(\cdot)$ と線形部のシステムパラメータ $\{a_i\}, \{b_j\}$ を同定する。

3. RBF ネットワークモデルの導出と同定

RBF ネットワークの概要を図-2に示す。このネットワークにより任意の非線形関数 $f(\cdot)$ は次のように

表現できる。

$$f(u(k)) = \sum_{i=1}^M w_i \phi_i(u(k)) + \epsilon(k) \quad (2)$$

ただし、本稿ではRBFとして次のガウシアン関数を用いる。

$$\phi_i(u(k)) = \exp \left\{ -\frac{\|u(k) - c_i\|^2}{d_i^2} \right\} \quad (3)$$

ここで、 $\epsilon(k)$ は近似誤差であり、 M はRBFの個数、 w_i 、 c_i 、 d_i はそれぞれ i 番目のRBFの重み、中心位置、幅である。 $\|\cdot\|$ はユークリッドノルムを表す。

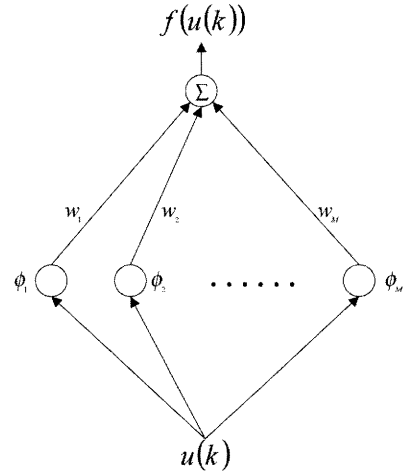


図-2 RBF ネットワーク

(2) 式を (1) 式に代入すると次式を得る。

$$A(q^{-1})y(k) = \sum_{i=1}^M w_i B(q^{-1}) \phi_i(u(k-1)) + v(k) \quad (4)$$

ただし、 $v(k) = e(k) + B(q^{-1})e(k-1)$ である。さらに (4) 式をベクトル表示すると、

$$y(k) = \varphi^T(k) \theta + v(k) \quad (5)$$

となる。ただし、

$$\begin{cases} \theta = [\theta_a^T, \theta_{w_1}^T, \theta_{w_2}^T, \dots, \theta_{w_M}^T]^T \\ \theta_a = [a_1, a_2, \dots, a_n]^T \\ \theta_{w_i} = [\theta_{w_i}(1), \theta_{w_i}(2), \dots, \theta_{w_i}(r+1)]^T \\ \quad = [b_0 w_i, b_1 w_i, \dots, b_r w_i]^T \\ \varphi(k) = [\varphi_a^T(k), \varphi_{w_1}^T(k), \varphi_{w_2}^T(k), \dots, \varphi_{w_M}^T(k)]^T \\ \varphi_a(k) = [-y(k-1), -y(k-2), \dots, -y(k-n)]^T \\ \varphi_{w_i}(k) = [\phi_i(u(k-1)), \phi_i(u(k-2)), \dots, \\ \quad \quad \quad \phi_i(u(k-r-1))]^T \\ \quad \quad \quad (i = 1, 2, \dots, M) \end{cases} \quad (6)$$

ベクトル θ に線形部パラメータ a_i, b_j 及び非線形関数を構築するための RBF の重み w_i が含まれている。よって、まず θ を最小二乗法により推定する。

$$\hat{\theta} = \left[\sum_{k=k_s+1}^{k_s+N} \varphi(k) \varphi^T(k) \right]^{-1} \left[\sum_{k=k_s+1}^{k_s+N} \varphi(k) y(k) \right] \quad (7)$$

ここで、 N は入出力データ数である。次に、 $w_1 = 1$ とおいても一般性を失わないことを考慮すると、線形部のパラメータは次式のように推定できる。

$$[\hat{a}_1, \dots, \hat{a}_n, \hat{b}_0, \dots, \hat{b}_r]^T = [\mathbf{I}_{(n+r+1) \times (n+r+1)} : \mathbf{0}] \theta \quad (8)$$

さらにこの推定結果を (6) 式に代入し、再度最小二乗法を適用することで、次式のように RBF の重みパラメータ w_i が求められる。

$$\hat{w}_i = \frac{\sum_{j=1}^{r+1} \hat{\theta}_{w_1}(j) \hat{\theta}_{w_i}(j)}{\sum_{j=1}^{r+1} \hat{\theta}_{w_1}^2(j)} \quad (i = 2, 3, \dots, M) \quad (9)$$

したがって、非線形関数は

$$\hat{f}(u(k)) = \sum_{i=1}^M \hat{w}_i \phi_i(u(k)) \quad (10)$$

と推定できる。

4. GA による RBF ネットワーク構造の決定

本同定法では、RBF ネットワークの構造を最適に選ぶことが望ましいが、これは一般に非線形最適化問題となり、解くのは容易でない。このような複雑な最適化問題に対しては、GA による最適化手法が有効である。本稿では、GA を用いて RBF ネットワークの構造、すなわち RBF の個数、中心位置及び幅を決定する。

4.1 コーディングとデコーディング

$\Omega = (M, \{c_i\}, \{d_i\})$ を二進文字列 S にコーディングする。RBF の最大個数 M_{max} は与えられているものとする。 S は図-3 のように構成されている。 S_1 ブロックは RBF の個数 M に関する M_{max} ビットの二進文字列である。 S_2 ブロックは RBF の中心位置 c_i に

関するブロック、 S_3 ブロックは RBF の幅 d_i に関するブロックであり、 S_2 ブロック、 S_3 ブロックともに M_{max} 個のサブブロックで構成されている。

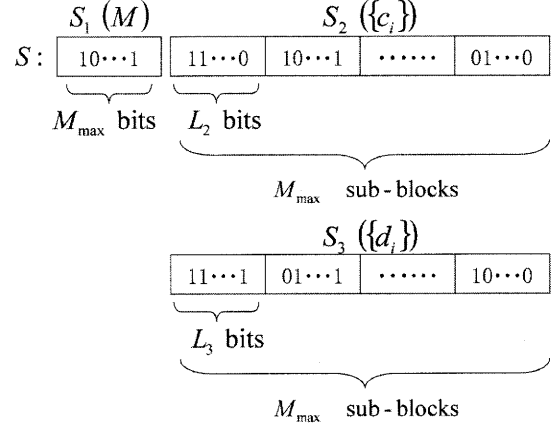


図-3 コーディング

もし、 S_1 ブロックの左から j 番目の遺伝子が左から i 番目の "1" ならば、 S_2 ブロック及び S_3 ブロックの j 番目のサブブロックをデコーディングし、 i 番目の中心位置及び幅とする。デコーディング方法は次の通りである。中心位置のデコーディングは

$$c_i = \frac{c_{max} - c_{min}}{2^{L_2} - 1} C + c_{min} \quad (11)$$

ここで、 C は S_2 ブロックの j 番目のサブブロックにおける二進文字列を十進数に変換した値である。

$[c_{max}, c_{min}]$ は RBF の中心位置の探索範囲である。幅のデコーディングは

$$d_i = \frac{d_{max} - d_{min}}{2^{L_3} - 1} D + d_{min} \quad (12)$$

ここで、 D は S_3 ブロックの j 番目のサブブックにおける二進文字列を十進数に変換した値である。

$[d_{max}, d_{min}]$ は RBF の幅の探索範囲である。

4.2 同定アルゴリズム

step 1: コーディング

Q 個の二進文字列から構成される Ω の初期候補集団をランダムに発生させる。

step 2: デコーディング

4.1 節の方法によりデコーディングを行い、候補 $\hat{\Omega}_i$ ($i = 1, 2, \dots, Q$) を求める。

step 3 : RBF ネットワークの構築

$\hat{\Omega}_i (i = 1, 2, \dots, Q)$ を用いて, Q 個の RBF ネットワークの候補を構築する.

step 4 : 同定

RBF ネットワークの候補を用いて, 式 (7)~(10) から $\hat{\theta}_i$ と $\hat{f}_i(u(k)) (i = 1, 2, \dots, Q)$ を同定する.

step 5 : 適応度計算

$\hat{\Omega}_i, \hat{\theta}_i, \hat{f}_i(u(k))$ から AIC を計算する.

$$AIC_i = N \log \left\{ \frac{1}{N} \sum_{k=k_s+1}^{k_s+N} \{y(k) - \hat{y}_i(k)\}^2 \right\} + 2P_i \quad (13)$$

$(i = 1, 2, \dots, Q)$

ここで, $y(k)$ は真の出力, $\hat{y}_i(k)$ は推定モデル出力, $P_i = n + M_i(r+1)$ である. なお, GA は適応度 F の最大化を図るアルゴリズムなので, この AIC は次式のように適応度 F に変換される.

$$F_i = -AIC_i \quad (i = 1, 2, \dots, Q) \quad (14)$$

step 6 : 複製

適応度に比例した選択確率で複製を行う. すなわち, 各個体 i を $F_i / \sum_{j=1}^Q F_j$ の確率で複製する. ただし, 実際には初期収束を防ぐため, 適応度の線形スケリングを施すことにより求めた新たな適応度に基づいて複製を行う¹¹⁾¹²⁾.

step 7 : 交叉

ランダムに個体のペアを $Q/2$ 個作成し, 二進文字列 S の一箇所で交叉確率 P_c に基づき交叉を行う. すなわち, ランダムに選ばれた各交叉点の前後で文字列を入れ換える.

step 8 : 突然変異

二進文字列 S において突然変異確率 P_m で, 遺伝子を反転させる.

step 9 : 繰り返し

設定した世代数 G に達するまで **step 2** から **step 8** を繰り返す. 停止条件を満たしたとき, RBF の個数, 中心位置及び幅が適切に決定される.

5. シミュレーション実験

5.1 非線形部が多項式の場合

次のシステムを同定対象とする.

$$\begin{cases} A(q^{-1})y(k) = B(q^{-1})x(k-1) + e(k) \\ x(k) = f(u(k)) = u(k) + 0.5u^3(k) \\ A(q^{-1}) = 1 + 0.8q^{-1} + 0.6q^{-2} \\ B(q^{-1}) = 0.4 + 0.2q^{-1} \end{cases}$$

入力 $u(k)$ は $[-3, 3]$ の一様乱数とし, $e(k)$ は $N(0, 0.01)$ の正規白色雑音とした. 入出力データ数はそれぞれ $N = 300$ 個使用した. RBF の最大個数は $M_{max} = 10$ とした. GA のパラメータは

- (1) 世代数 $G = 150$
- (2) 個体数 $Q = 30$
- (3) ビット長 $L_1 = 10, L_2 = L_3 = 15$
- (4) RBF の中心位置 c_i の探索範囲
 $[c_{max}, c_{min}] = [-3.0, 3.0]$
- (5) RBF の幅 d_i の探索範囲
 $[d_{max}, d_{min}] = [10^{-4}, 10.0]$
- (6) 交叉確率 $P_c = 0.8$
- (7) 突然変異確率 $P_m = 0.03$

GA によって, $\hat{\Omega} = (\hat{M}, \{\hat{c}_i\}, \{\hat{d}_i\}) = (5, \{-2.61, -1.84, -1.19, -0.81, 2.24\}, \{7.08, 9.04, 0.65, 9.06, 6.79\})$ となった. なお RBF の重みパラメータは $w_i = \{183.5, -3562.4, -0.2930, 3905.3, -688.16\}$ となった.

GA を用いずに RBF の個数を $M = 5$ とし, 各中心位置は $c_i = \{-3.0, -1.5, 0.0, 1.5, 3.0\}$ と均等にとり, 各幅は $d_i = 1.0 (i = 1, 2, \dots, 5)$ とした場合と本手法を比較した.

表-1 に線形部の推定パラメータを示す. 表-1 から, 本手法のほうが GA を用いない場合よりも真値に近い結果が得られていることがわかる.

図-4 に真の非線形関数及び推定モデルの非線形関数を示す. $\hat{f}_1(u(k))$ が本手法で推定した非線形関数, $\hat{f}_2(u(k))$ が比較対象の GA を用いない場合である. GA を用いない場合はズレが生じているが, 本手法ではズレはほとんどなく, 非線形関数も精度良く推定できていることがわかる.

図-5 に真の出力, 推定モデルの出力及びそれらの絶対値誤差を示す. $y(k)$ が真の出力, $\hat{y}_1(k)$ が本手法による推定モデルの出力, $\hat{y}_2(k)$ が GA を用いない場合の推定モデルの出力である. 本手法ではほとんど誤差

がなく精度の良い同定ができていることがわかる。

図-6 は世代数に対する AIC の変化を示す。世代数が進むにつれて AIC の数値が小さくなっており、GA が良く機能していることがわかる。以上より、本同定において、RBF ネットワークの構造決定に GA を用いることの有効性が確認できた。

表-1. 線形部の推定パラメータ

	a_1	a_2	b_0	b_1
真値	0.800	0.600	0.400	0.200
本手法	0.806	0.599	0.400	0.201
GA なし	0.810	0.593	0.400	0.261

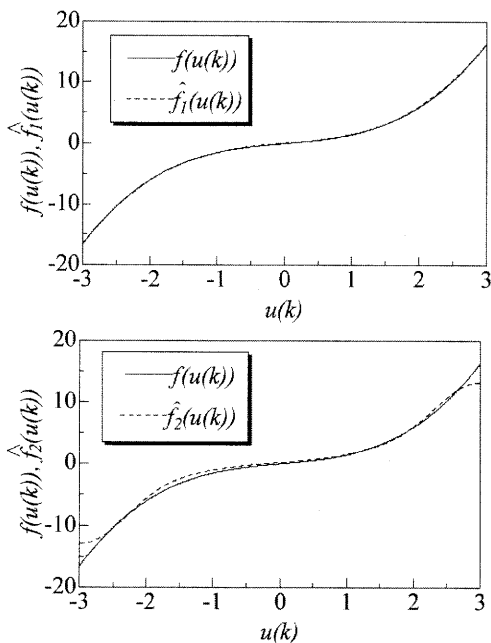


図-4. 真の非線形関数と推定モデルの非線形関数

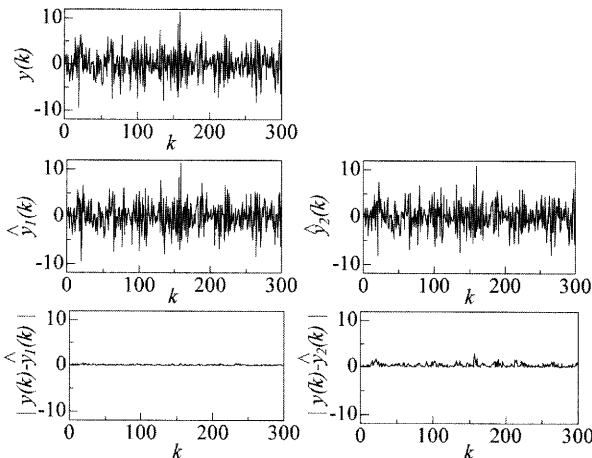


図-5. 真の出力, 推定モデルの出力, 絶対値誤差

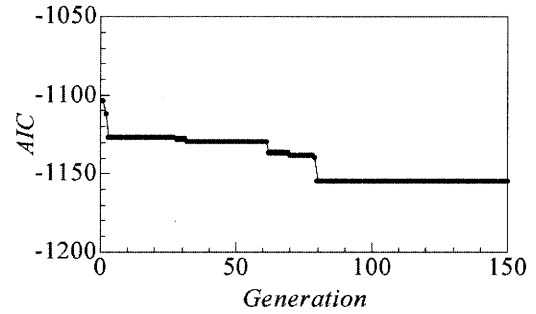


図-6. 世代数に対する AIC

5.2 非線形部が非線形要素及び飽和要素の場合

次のシステムを同定対象とする。

$$\begin{cases} A(q^{-1})y(k) = B(q^{-1})x(k-1) + e(k) \\ f(u(k)) = \begin{cases} -2.0 & (-3.0 \leq u(k) < -1.8) \\ \frac{2.0}{1.2}u(k) + 1.0 & (-1.8 \leq u(k) < -0.6) \\ 0.0 & (0.6 \leq u(k) < 0.6) \\ \frac{2.0}{1.2}u(k) - 1.0 & (0.6 \leq u(k) < 1.8) \\ 2.0 & (1.8 \leq u(k) \leq 3.0) \end{cases} \\ A(q^{-1}) = 1 + 0.8q^{-1} + 0.6q^{-2} \\ B(q^{-1}) = 0.4 + 0.2q^{-1} \end{cases}$$

入力 $u(k)$ は $[-3, 3]$ の一様乱数とし、 $e(k)$ は $N(0, 0.01)$ の正規白色雑音とした。入出力データ数はそれぞれ $N = 300$ 個を使用した。RBF の最大個数は $M_{max} = 10$ とした。GA のパラメータは

- (1) 世代数 $G = 150$
- (2) 個体数 $Q = 30$
- (3) ビット長 $L_1 = 10, L_2 = L_3 = 15$
- (4) RBF の中心位置 c_i の探索範囲
 $[c_{max}, c_{min}] = [-3.0, 3.0]$
- (5) RBF の幅 d_i の探索範囲
 $[d_{max}, d_{min}] = [0.01, 10.0]$
- (6) 交叉確率 $P_c = 0.8$
- (7) 突然変異確率 $P_m = 0.03$

GA によって、 $\hat{\Omega} = (\hat{M}, \{\hat{c}_i\}, \{\hat{d}_i\}) = (5, \{-2.25, -1.14, -0.49, 0.65, 1.96\}, \{2.49, 1.43, 1.73, 0.87, 3.75\})$ となった。

多項式 $\{u^i(k); i = 1, 2, \dots, M\}$ を用いて非線形関数を表したもの(多項式モデル)と本手法を比較した。多項式モデルの場合、非線形関数 $f(u(k))$ は次式で表現される。

$$f(u(k)) = \sum_{i=1}^M w_i u^i(k) \quad (15)$$

ここで、多項式の M は次数であるが、本手法の GA で決定した RBF の数と同じの $M = 5$ とした。

線形部パラメータの同定結果を表-2 に示す。表-2 から、本手法のほうが GA を用いない場合よりも真値に近い結果が得られていることがわかる。

表-2. 線形部の推定パラメータ

	a_1	a_2	b_0	b_1
真値	0.800	0.600	0.400	0.200
本手法	0.818	0.597	0.400	0.205
多項式	0.810	0.593	0.400	0.261

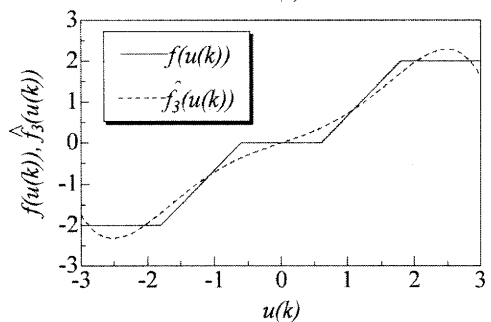
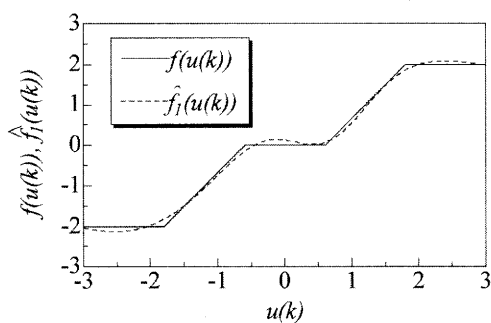


図-7. 真の非線形関数と推定モデルの非線形関数

図-7 に真の非線形関数及び推定モデルの非線形関数を示す。 $\hat{f}_1(u(k))$ が本手法で推定した非線形関数、 $\hat{f}_3(u(k))$ が比較対象の多項式モデルの場合である。GA を用いない場合はズレが生じているが、本手法ではズレはほとんどなく、非線形関数も精度良く推定できていることがわかる。

図-8 に真の出力、推定モデルの出力及びそれらの絶対値誤差を示す。 $y(k)$ が真の出力、 $\hat{y}_1(k)$ が本手法による推定モデルの出力、 $\hat{y}_3(k)$ が多項式モデルの場合の推定出力である。それぞれの手法による出力の平均絶対値誤差 e_{ave}

$$e_{ave} = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N |y(k) - \hat{y}(k)| \quad (16)$$

を求めた結果、本手法では $e_{ave} = 0.11015$ 、多項式モデルでは $e_{ave} = 0.13802$ となり、本手法の方が誤差が

小さいことが数値の上からも確認できる。

図-9 は世代数に対する AIC の変化を示す。世代数が進むにつれて AIC の数値が小さくなっており、GA が良く機能していることが確認できる。

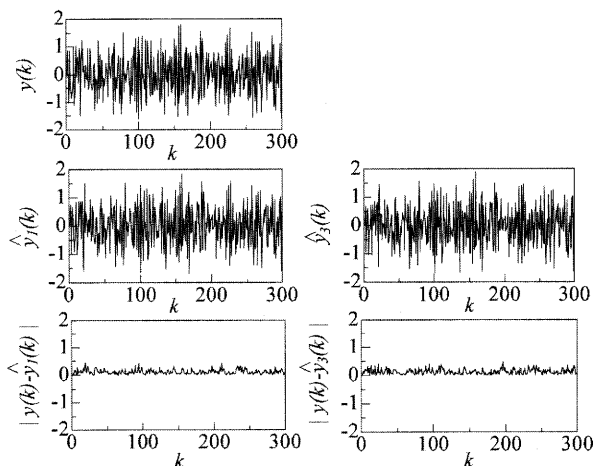


図-8. 真の出力、推定モデルの出力、絶対値誤差

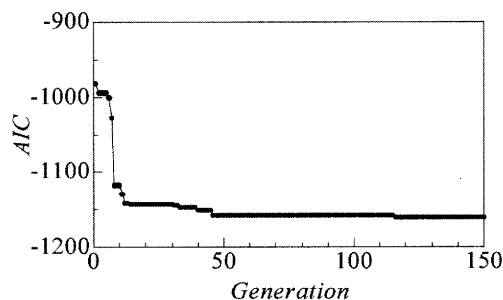


図-9. 世代数に対する AIC

6. 結論

本稿では、RBF モデルと GA を用いた Hammerstein 型離散時間非線形システムの一定同定法を提案した。GA による最適化アルゴリズムに基づき、RBF ネットワークの構造、すなわち RBF の個数、中心位置及び幅を決定し、RBF ネットワークの構築を適切に行うことができた。シミュレーション実験により、出力データが雑音に乱されている場合であっても本同定法が有効であることを確認した。また、非線形部に不感帯や飽和要素などの非線形要素を含むシステムに対しても、従来の多項式モデルによる方法よりも精度良く同定できた。さらに複雑な非線形システムに対する本同定法の有効性の検討、実際のシステムへの適用等が今後の課題である。

参考文献

- 1) S. A. Billings: "Identification of Nonlinear Systems -A Survey" , IEE Proc. Pt. D, Vol.127, No.6, pp.272-285, (1980)
- 2) S. A. Billings and S. Y. Fakhouri: "Identification of Systems Containing Linear Dynamic and Static Nonlinear Elements" , Automatica, Vol.18, No.1, pp.15-26, (1982)
- 3) F. C. Kung and D. H. Shih: "Analysis and Identification of Hammerstein Model Non-linear Delay Systems Using Block-pulse Function Expansions" , Int. J. Control, Vol.43, No.1, pp.139-147, (1986)
- 4) R. Haber and H. Unbehauen: "Structure Identification of Nonlinear Dynamic Systems - A Survey on Input/Output Approaches" , Automatica, Vol.26, No.4, pp.651-677, (1990)
- 5) 足立 修一, 村上 秀幸: "Hammerstein モデルを用いた非線形同定に基づく一般化予測制御系の構成法" , システム制御情報学会論文誌, Vol.8, No.3, pp.115-121, (1995)
- 6) H. Al-duwaish and M. N. Karim: "A New Method for the Identification of Hammerstein Model" , Automatica, Vol.33, No.10, pp.1871-1875, (1997)
- 7) 小林 康秀, 沖 将且, 沖田 豪: "ニューラルネットワークを用いた次数が未知な Hammerstein 系の同定" , 電気学会論文誌, Vol.120-C, No.6, pp.871-878, (2000)
- 8) O. Nelles: "Nonlinear System Identification" , Springer-Verlag, (2000)
- 9) T. Hatanaka, K. Uosaki and M. Koga: "Evolutionary Computation Approach to Hammerstein Model Identification" , Proc. of the 4th Asian Control Conference, pp.1730-1735, (2002)
- 10) B. Ninness and S. Gibson: "Quantifying the Accuracy of Hammerstein Model Estimation" , Automatica, Vol.38, No.12, pp.2037-2051, (2002)
- 11) D. E. Goldberg: "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning" , Addison-Wesley, (1989)
- 12) 北野 宏明 :「遺伝的アルゴリズム」, 産業図書, (1993)
- 13) H. Akaike: "A New Look on the Statistical Model Identification" , IEEE Trans. on Automatic Control, Vol.19, pp.716-723, (1974)