

## RBFモデルと遺伝的アルゴリズムによる連続時間非線形システムのオンライン同定

著者	八野 知博, 蓮香 浩一, 高田 等
雑誌名	鹿児島大学工学部研究報告
巻	45
ページ	31-37
別言語のタイトル	ON-LINE IDENTIFICATION OF CONTINUOUS-TIME NONLINEAR SYSTEMS USING RBF MODEL AND GENETIC ALGORITHM
URL	<a href="http://hdl.handle.net/10232/613">http://hdl.handle.net/10232/613</a>

## RBFモデルと遺伝的アルゴリズムによる連続時間非線形システムのオンライン同定

著者	八野 知博, 蓮香 浩一, 高田 等
雑誌名	鹿児島大学工学部研究報告
巻	45
ページ	31-37
別言語のタイトル	ON-LINE IDENTIFICATION OF CONTINUOUS-TIME NONLINEAR SYSTEMS USING RBF MODEL AND GENETIC ALGORITHM
URL	<a href="http://hdl.handle.net/10232/00009247">http://hdl.handle.net/10232/00009247</a>

# RBFモデルと遺伝的アルゴリズムによる 連続時間非線形システムのオンライン同定

八野 知博\* 蓮香 浩一\*\* 高田 等\*

## ON-LINE IDENTIFICATION OF CONTINUOUS-TIME NONLINEAR SYSTEMS USING RBF MODEL AND GENETIC ALGORITHM

Tomohiro HACHINO, Koichi HASUKA and Hitoshi TAKATA

This paper deals with an on-line identification method based on a radial basis function (RBF) network model for continuous-time nonlinear systems. The nonlinear term of the objective system is represented by the RBF network. By the aid of genetic algorithm (GA), the followings are updated on line: the system parameters of the linear terms, the weighting parameters of the RBF, the adjusting parameters of the RBF such as the number, centers and width of the RBF. In order to keep up the diversity of gene, the fitness calculation is improved by the idea of the immune system. Numerical experiments are carried out to demonstrate the effectiveness of the proposed method.

**Keywords:** Identification, On-line, Nonlinear system, Continuous-time system, RBF, Genetic algorithm

### 1. まえがき

実システムのほとんどは非線形特性を有しており、時間と共に変化する時変システムである場合が多い。時変かつ非線形なシステムのモデリングに際しては、オフライン的な同定手法では対処できず、入出力データが観測されるごとに推定モデルを更新していくオンライン的な同定法が求められる。非線形システム同定の分野においては、パラメータに関して線形なモデルである Radial Basis Function (以下 RBF と記す) ネットワークモデルがしばしば用いられる<sup>1)~3)</sup>。さらに、オンライン同定の枠組みでは、Platt による resource allocating network に基づく手法<sup>4)</sup>、Kadirkamanath-

an らによる拡張カルマンフィルタを用いた手法<sup>5)</sup>、Chen らによる  $k$  平均クラスタリングを用いた手法<sup>6)</sup> などが知られている。これらは、RBF の個数、中心位置、幅等を効率よく決定していく手法であるが、いずれも静的システムや離散時間システムを同定対象としたものである。一般に、離散時間モデルのパラメータは物理パラメータと必ずしも一致しておらず、連続時間モデルに基づいて同定を行った方が、解析や制御設計に好都合な場合が多い。

本稿では、連続時間非線形システムを対象とし、RBF ネットワークモデルと遺伝的アルゴリズム<sup>7)</sup> (以下 GA と記す) を用いたオンライン同定について検討する。対象システムの非線形部を RBF ネットワークで表現し、線形項に含まれるパラメータと RBF の重みパラメータおよび調整パラメータ (個数、中心位置、幅) を GA で逐次的に決定していく。なお、GA では、ある程度世代が進むと遺伝子の多様性が失われ、ほぼ一定解に収束する傾向があり、対象システムが時間に

2003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

関して変化した場合、速やかに対応できない可能性がある。そこで、森らによって提案された免疫システムによる最適化手法<sup>8)</sup>に基づいて、遺伝子の多様性維持を図る。すなわち、目的関数を抗原、解候補を抗体とみなし、各抗体の抗体集合における濃度に応じて抗体の産生と抑制を行う。

本稿は以下のように構成されている。第2節では問題の設定を述べ、第3節では遅延型状態変数フィルタの適用について述べる。第4節では、RBF ネットワークモデルの導出を行い、第5節ではGAによるオンライン同定アルゴリズムについて述べる。第6節では計算機によるシミュレーション実験結果を示し、第7節で結論を述べる。

## 2. 問題の設定

次の一入出力連続時間非線形システムを同定の対象とする。

$$\sum_{i=0}^n a_i p^{n-i} x(t) + f(z(t)) = \sum_{j=0}^m b_j p^{m-j} u(t) \quad (1)$$

( $i \neq n_1, n_2, \dots, n_k, j \neq m_1, m_2, \dots, m_l,$   
 $a_0 = 1, n \geq m$ )

$$z(t) = [p^{n-n_1} x(t), p^{n-n_2} x(t), \dots, p^{n-n_k} x(t), p^{m-m_1} u(t), p^{m-m_2} u(t), \dots, p^{m-m_l} u(t)]^T$$

ここで、 $u(t)$  および  $x(t)$  はそれぞれ入出力信号を表し、 $f(\cdot)$  は未知非線形関数を表す。 $p$  は微分演算子である。事前情報により、 $n, n_i (i = 1, 2, \dots, k), m, m_j (j = 1, 2, \dots, l)$  は既知とする。本稿では、入出力データから線形項に含まれるパラメータ  $\{a_i\}, \{b_j\}$  と未知非線形関数  $f(\cdot)$  をオンラインで同定する。

## 3. 遅延型状態変数フィルタの導入

信号の高次微分を取り扱うために、次の状態変数フィルタ  $F(p)$  を導入する。

$$F(p) = \frac{1}{p^q + \gamma_1 p^{q-1} + \dots + \gamma_q} \quad (q > n) \quad (2)$$

$F(p)$  を (1) 式の両辺に掛けると、

$$\sum_{i=0}^n a_i p^{n-i} x^f(t) + F(p)f(z(t)) = \sum_{j=0}^m b_j p^{m-j} u^f(t) \quad (3)$$

ここで、

$$\begin{cases} x^f(t) = F(p)x(t) \\ u^f(t) = F(p)u(t) \end{cases} \quad (4)$$

である。 $x^f(t), u^f(t)$  およびこれらの高次微分は (4) 式から得ることが出来る。

さて、 $F(p)$  として時間遅れ特性を持つ遅延型状態変数フィルタを選べば、フィルタと非線形関数の交換が可能となり<sup>[9][10]</sup>、 $F(p)f(z(t)) = f(F(p)z(t)) = f(z^f(t))$  が成立する。したがって、(3) 式の左辺第二項のフィルタと非線形関数の順序を交換して

$$\sum_{i=0}^n a_i p^{n-i} x^f(t) + f(z^f(t)) = \sum_{j=0}^m b_j p^{m-j} u^f(t) \quad (5)$$

となる。一般に、バターワースフィルタは遮断周波数  $\omega_c$  以下ではほぼ時間遅れ特性を有することから、本稿では簡単のため、 $F(p)$  として次のバターワースフィルタを用いる。

$$F(p) = \prod_{i=1}^q \frac{1}{(p/\omega_c - \tau_i)} = \frac{1}{(p/\omega_c)^q + \tilde{\gamma}_1 (p/\omega_c)^{q-1} + \dots + \tilde{\gamma}_q} \quad (6)$$

$$\tau_i = \exp(j\theta_i), \quad \theta_i = \frac{\pi}{2} \left( 1 + \frac{2i-1}{q} \right)$$

## 4. RBF ネットワークモデルの導出

RBF ネットワークの概要を図-1 に示す。このネットワークにより任意の非線形関数  $f: R^r \rightarrow R$  は次のように表現できる。

$$f(\mathbf{x}) \simeq w_0 + \sum_{i=1}^M w_i \phi_i(\mathbf{x} - \mathbf{c}_i) \quad (7)$$

ただし、本稿では RBF として次のガウシアン関数を用いる。

$$\phi_i(\mathbf{x} - \mathbf{c}_i) = \exp\{-\|\mathbf{x} - \mathbf{c}_i\|^2/d^2\} \quad (8)$$

ここで、 $\mathbf{x} \in R^r$  は  $r$  次元入力ベクトル、 $\mathbf{c}_i \in R^r$  は  $i$  番目の RBF の中心位置、 $d \in R^+$  は正の実数で RBF の幅、 $M$  は非負の整数で RBF の個数、 $\|\cdot\|$  はユークリッドノルム、 $w_i \in R$  は  $i$  番目の RBF の重みパラメータである。

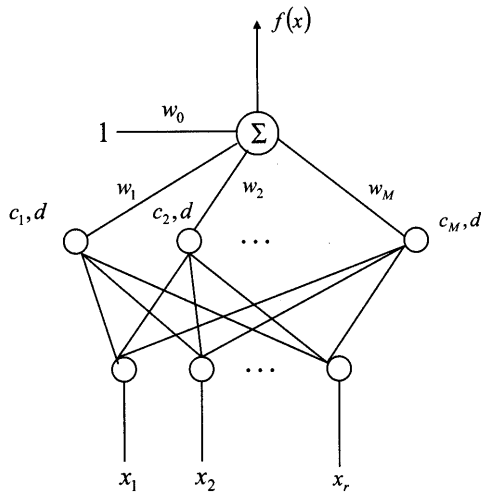


図-1 RBF ネットワーク

さて、(7)式において  $x = z^f(t)$ ,  $r = k + l$  とおくと、(5)式の未知非線形関数は RBF ネットワークを用いて

$$f(z^f(t)) = w_0 + \sum_{i=1}^M w_i \phi_i(z^f(t) - c_i) - \varepsilon(t) \quad (9)$$

と表現される。ただし  $\varepsilon(t)$  は近似誤差である。

(9)式を(5)式に代入すると、次の同定モデルが得られる。

$$p^n x^f(t) = \varphi^T(t) \theta + \varepsilon(t) \quad (10)$$

ただし、

$$\begin{aligned} \varphi(t) &= [\psi_1^T(t), -\psi_2^T(t)]^T \\ \psi_1(t) &= [-p^{n-1}x^f(t), \dots, -p^{n-i}x^f(t), \dots, \\ &\quad -x^f(t), p^m u^f(t), \dots, p^{m-j}u^f(t), \dots, u^f(t)]^T \\ &\quad (i \neq n_1, n_2, \dots, n_k, j \neq m_1, m_2, \dots, m_l) \\ \psi_2(t) &= [1, \phi_1(z^f(t) - c_1), \dots, \phi_M(z^f(t) - c_M)]^T \\ \theta &= [\vartheta_1^T, \vartheta_2^T]^T \\ \vartheta_1 &= [a_1, \dots, a_i, \dots, a_n, b_0, \dots, b_j, \dots, b_m]^T \\ &\quad (i \neq n_1, n_2, \dots, n_k, j \neq m_1, m_2, \dots, m_l) \\ \vartheta_2 &= [w_0, w_1, \dots, w_M]^T \end{aligned}$$

である。

以後、 $t = kT$  ( $T$ : サンプルング周期) ごとに離散化した信号を  $x^f(k)$ ,  $\varphi(k)$  のように記す。

## 5. GA によるオンライン同定

(10)式の同定モデルに基づき、GA を用いてオンライン同定を行う。すなわち、 $\Omega = \{M, \{c_i\}, d, \{w_i\}, \{a_i\}, \{b_j\}\}$  を GA で同定する。この際、免疫システムによる最適化手法<sup>8)</sup>に基づき、目的関数を抗原、 $\Omega$  の解候補を抗体とみなす。また、抗体の集団における濃度を導入し、抗体産生を濃度に応じて抑制することで、抗体の多様性維持を図る。

### 5.1 コーディングとデコーディング

RBF の個数  $M$ 、中心位置  $c_i$ 、幅  $d$ 、未知パラメータ  $\theta$  ( $\{w_i\}, \{a_i\}, \{b_j\}$ ) を二進文字列  $S$  にコーディングする。 $S$  は図-2のように構成されている。 $S_1$  ブロックは線形項パラメータ  $\{a_i\}, \{b_j\}$  に関するブロック、 $S_2$  ブロックは RBF の幅  $d$  に関するブロック、 $S_3$  ブロックは RBF の定数項パラメータ  $w_0$  に関するブロック、 $S_4$  ブロックは RBF の重みパラメータ  $w_i$  ( $i \neq 0$ ) に関するブロック、 $S_5$  ブロックは RBF の個数  $M$  と中心位置  $\{c_i\}$  に関するブロックである。

$S_5$ ブロック	$S_4$ ブロック	$S_3$ ブロック	$S_2$ ブロック	$S_1$ ブロック
$M, \{c_i\}$	$\{w_i\}$	$w_0$	$d$	$\{a_i\}, \{b_j\}$

図-2 コーディング

[ $S_1$  ブロックについて]

線形項パラメータ  $\{a_i\}, \{b_j\}$  に関する  $L_1$  ビットの二進文字列であり、そのデコーディングは次式により実行される。

$$a_i = \frac{a_{imax} - a_{imin}}{2^{L_1} - 1} A_i + a_{imin} \quad (11)$$

$$b_j = \frac{b_{jmax} - b_{jmin}}{2^{L_1} - 1} B_j + b_{jmin} \quad (12)$$

ここで、 $A_i, B_j$  は  $S_1$  ブロックの該当する二進文字列を十進数に変換した値である。

[ $S_2$  ブロックについて]

RBF の幅  $d$  に関する  $L_2$  ビットの二進文字列であり、そのデコーディングは次式により実行される。

$$d = \frac{d_{max} - d_{min}}{2^{L_2} - 1} D + d_{min} \quad (13)$$

ここで、 $D$  は  $S_2$  ブロックの二進文字列を十進数に変換した値である。

[ $S_3$  ブロックについて]

RBF の定数項パラメータ  $w_0$  に関する  $L_3$  ビットの二進文字列であり、そのデコーディングは次式により実行される。

$$w_0 = \frac{w_{max} - w_{min}}{2^{L_3} - 1} W_0 + w_{min} \quad (14)$$

ここで、 $W_0$  は  $S_3$  ブロックの二進文字列を十進数に変換した値である。

[ $S_4, S_5$  ブロックについて]

$S_4$  ブロックは RBF の重みパラメータ  $w_i$  ( $i \neq 0$ ) に、 $S_5$  ブロックは RBF の個数  $M$  と中心位置  $\{c_i\}$  に関する二進文字列である。これらのブロックのコーディング例を図-3 に示す。

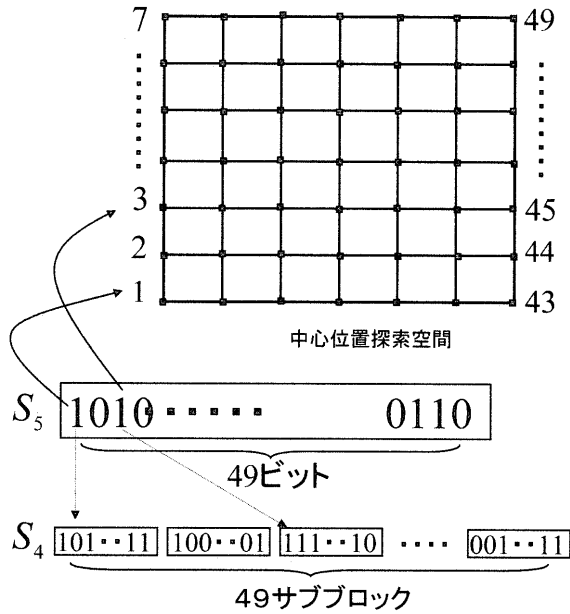


図-3  $S_4, S_5$  ブロックのコーディング例

RBF 中心位置の探索空間上に、中心位置の解候補を予め用意し、番号を割り当てておく。 $S_5$  ブロックは解候補の数 (図-3 の例では 49 個) と同数のビット数で構成されている。また、 $S_4$  ブロックは解候補の数と同数のサブブロックから構成されている。 $S_5$  ブロックの  $k$  番目の遺伝子が "1" であれば解候補の  $k$  番目の中心位置を採用する。"0" であれば採用しない。また、 $k$  番目の中心位置が採用された場合は、 $S_4$  ブロックの  $k$  サブブロック目を (14) 式と同様にデコーディングし、RBF の  $k$  番目の重みパラメータとする。したがって、

本デコーディング法では、 $S_5$  ブロックにおける "1" の個数が RBF の個数  $M$  となる。

## 5.2 同定アルゴリズム

### step 1: 初期候補集団発生

$Q$  個の二進文字列 (抗体) から構成される  $\Omega$  の初期候補集団をランダムに発生させる。時間ステップ  $k=0$ , GA の世代  $g=0$  とする。

### step 2: デコーディング

5.1 節の方法によりデコーディングを行い、解候補  $\tilde{\Omega}_v(k)$  ( $v=1, 2, \dots, Q$ ) を求める。

### step 3: フィルタリング

入出力データに対し、状態変数フィルタによりフィルタリング操作を施し、 $x^f(t)$ ,  $u^f(t)$  およびそれらの高次微分を求める。

### step 4: 適応度計算

(1) 抗原 (目的関数) と抗体 (解候補) の親和度計算  $\tilde{\Omega}_v(k)$  を用いて目的関数

$$J_v(\tilde{\Omega}_v(k)) = \frac{1}{W} \sum_{j=0}^{W-1} \rho^j(k) \left\{ p^n x^f(k-j) - \varphi^T(k-j) \tilde{\theta}_v(k) \right\}^2 \quad (v=1, 2, \dots, Q) \quad (15)$$

を求める。ここで、 $W$  は時間ウィンドウ長、 $\rho(k)$  は忘却係数である。

次に、(15) 式の  $J_v$  を用いて、抗原と抗体  $v$  の親和度  $E_v$

$$E_v = \frac{1}{1 + J_v} \quad (16)$$

を計算する。

(2) 抗体の集団における濃度計算

抗体  $v$  と抗体  $w$  の親和度  $s_{vw}$  は

$$s_{vw} = \frac{1}{1 + H_{vw}(2)} \quad (17)$$

ただし、 $H_{vw}(2)$  は抗体  $v$  と抗体  $w$  の二個体 ( $L$  ビット二進文字列) 間の情報エントロピーであり

$$H_{vw}(2) = \frac{1}{L} \sum_{j=1}^L H_{(vw)_j}(2)$$

$$H_{(vw)_j}(2) = \sum_{i=1}^2 -p_{ij} \log p_{ij}$$

$$p_{1j} = \frac{\text{遺伝子座 } j \text{ に出現した "0" の総数}}{2}$$

$$p_{2j} = \frac{\text{遺伝子座 } j \text{ に出現した "1" の総数}}{2}$$

である。抗体  $v$  の抗体集団における濃度  $C_v$  は

$$C_v = \frac{1}{Q} \sum_{w=1}^Q c_{vw} \quad (18)$$

$$c_{vw} = \begin{cases} 1 & s_{vw} \geq \eta \\ 0 & \text{その他} \end{cases}$$

により計算する。ただし  $\eta$  は濃度計算における閾値である。

### (3) 適応度計算

抗体  $v$  の適応度  $F_v$  を (16),(17) 式を用いて

$$F_v = \frac{E_v}{C_v} \quad (19)$$

により計算する。(19) 式は目的関数 ((15) 式) の値が小さく、かつ集団における濃度 ((18) 式) の値が低い抗体ほど適応度が高くなることを示している。

#### step 5: 複製

適応度に比例した選択確率で複製を行う。すなわち、各抗体  $i$  を  $F_i / \sum_{v=1}^Q F_v$  の確率で複製する。

#### step 6: 交叉

ランダムに抗体のペアを  $Q/2$  個作成し、 $S_1 \sim S_4$  ブロックの各々で一箇所、計四箇所交叉確率  $P_c$  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 7: 突然変異

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 8: 推定モデルの決定

抗体集団内で目的関数値が最も低い抗体  $\tilde{\Omega}_{best}(k)$  から定まるモデルを、時間ステップ  $k$  における推定モデルとする。

#### step 9: 繰り返し

時間ステップ  $k = k + 1$ , GA の世代  $g = g + 1$  とし、step 2 にもどる。

## 6. シミュレーション実験

次のシステムを同定対象とする。

$$\ddot{x}(t) + f(z(t)) = b_0 u(t) \quad (20)$$

ただし、線形項パラメータと非線形関数は、表-1 のように区分一定的に変化するものとする。

入力信号  $u(t)$  として帯域幅 5[rad/s] のランダム信号を用いた。サンプリング周期  $T = 0.01$ [s] とし、

表-1 線形項パラメータと非線形関数

$t$ [s]	$b_0$	$f(z(t))$
[0, 50)	3.0	$(0.8 + 0.4x^2(t))\dot{x}(t) + 4.0x(t)$
[50, 100)	4.0	$(0.9 + 0.5x^2(t))\dot{x}(t) + 4.5x(t)$
[100, 150]	2.0	$(0.9 + 0.5x^2(t))\dot{x}(t) + 4.5x(t)$

$t = 10 \sim 150$ [s] で同定を実行した。(15) 式の時間ウィンドウ長は  $W = 390$  とした。GA の設定パラメータ等は以下の通りである。

- ・個体数:  $Q = 24$
- ・交叉確率:  $P_c = 0.8$
- ・突然変異確率:  $P_m = 0.01$
- ・RBF の中心位置候補:
  - $x^f(t)$  について  $[-3, 3]$ ,  $\dot{x}^f(t)$  について  $[-6, 6]$  の範囲をそれぞれ 7 等分割した計 49 点を候補
- ・濃度計算における閾値:  $\eta = 0.997$

図-4 に線形項パラメータの推定結果を示す。図-5 に真の非線形関数値  $f(z(t))$ , 推定された非線形関数値  $\hat{f}(z(t))$ , およびそれらの絶対値誤差  $|f(z(t)) - \hat{f}(z(t))|$  を示す。さらに、図-6 に RBF の個数の世代に対する推移を示す。

図-4 より、線形項パラメータが区分一定的に変化する場合でも推定パラメータは真のパラメータ値によく追従していることがわかる。また、図-5 より推定された非線形関数値と真の非線形関数値との誤差は小さく、対象システムの非線形部も精度良く同定されていることがわかる。 $t = 50$  および  $t = 100$ [s] 付近で大きな誤差が見られるが、これは対象システムがこれらの時刻で変化しているためと考えられる。図-6 より、最適な RBF の個数は約 15 個から 30 個の間で推移しており、急激な変化は見られなかった。時間と共に単純なシステムから複雑なシステムへ変化するシステムへの適用など、今後検討の必要がある。

## 7. 結論

本稿では、RBF モデルと GA を用いた連続時間非線形システムのオンライン同定法を提案した。免疫システムによる最適化手法に基づき、GA の適応度計算段階で抗体の集団における濃度を評価に取り入れ、遺伝子の多様性を保つことにより、対象システムが変化した場合の同定にも対応できると考えられる。シミュ

レーション実験により、システムが区分一定的に変化する場合においても本同定法が有効であることを確認した。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、免疫システムにおける記憶機能のオンライン同定への適用等が今後の課題である。

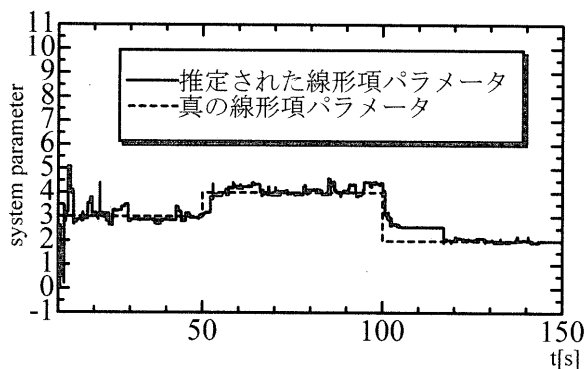


図-4 線形項パラメータ

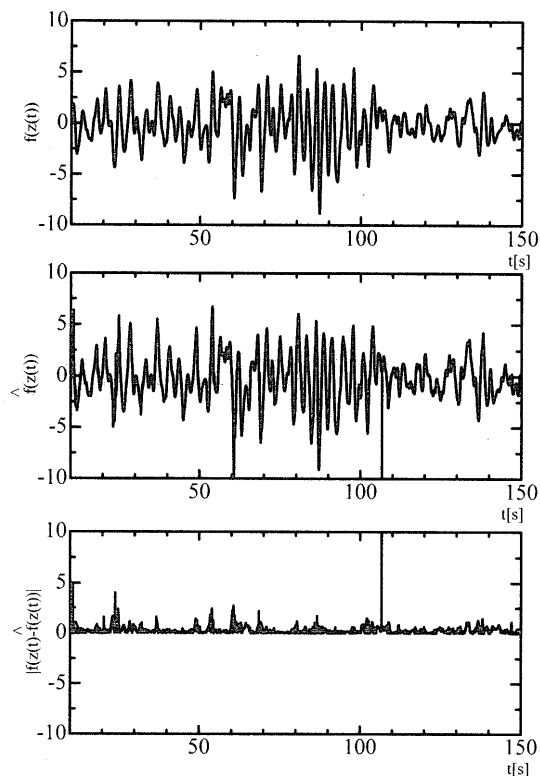


図-5 非線形関数値

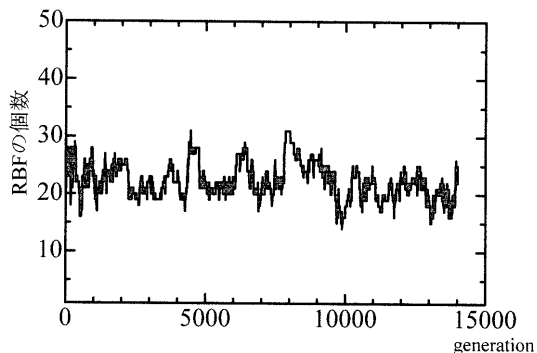


図-6 RBF の個数の推移

参考文献

- 1) S. Chen, S. A. Billings, C. F. N. Cowan and P. M. Grant: "Practical Identification of NARMAX Models Using Radial Basis Functions", *Int. J. Control*, Vol.52, No.6, pp.1327-1350, (1990)
- 2) S. Chen, S. A. Billings, C. F. N. Cowan and P. M. Grant: "Non-linear Systems Identification Using Radial Basis Functions", *Int. J. Systems Sci.*, Vol.21, No.12, pp.2513-2539, (1990)
- 3) T. Hachino, I. Karube, Y. Minari and H. Takata: "Continuous-time Identification of Nonlinear Systems Using Radial Basis Function Network Model and Genetic Algorithm", 12th IFAC Symposium on System Identification, pp.787-792, (2000)
- 4) J. Platt: "A Resource-allocating Network for Function Interpolation", *Neural Computation*, Vol.3, pp.213-225, (1991)
- 5) V. Kadirkamanathan and M. Niranjan: "A Function Estimation Approach to Sequential Learning with Neural Networks", *Neural Computation*, Vol.5, pp.954-975, (1993)
- 6) S. Chen, S. A. Billings and P. M. Grant: "Recursive Hybrid Algorithm for Non-linear System Identification Using Radial Basis Function Networks", *Int. J. Control*, Vol.55, No.5, pp.1051-1070, (1992)



- 7) D. E. Goldberg: "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison-Wesley Publishing Company, Inc., (1989)
- 8) 森一之, 築山誠, 福田豊生: 多様性をもつ免疫的アルゴリズムの提案と負荷割当て問題への応用, 電気学会論文誌C, Vol.113, No.10, pp.872-878, (1993)
- 9) R. H. Kohr: "A Method for the Determination of a Differential Equation Model for Simple Nonlinear Systems", IEEE Trans. on Electronic Computers, Vol.12, pp.394-400, (1963)
- 10) K. M. Tsang and S. A. Billings: "Identification of Continuous Time Nonlinear Systems Using Delayed State Variable Filters", Int. J. Control, Vol.60, No.2, pp.159-180, (1994)