

**СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ АЛГОРИТМИЧЕСКОЙ БАЗЫ ЭВОЛЮЦИОННОГО
СИНТЕЗА НЕЙРОСЕТЕВЫХ МОДЕЛЕЙ ПОТРЕБЛЕНИЯ ЭЛЕКТРИЧЕСКОЙ
ЭНЕРГИИ В КОММУНАЛЬНО-БЫТОВОМ СЕКТОРЕ****Введение**

Генетические алгоритмы (ГА) как вычислительная технология являются общепризнанным лидером в решении задач поиска глобального экстремума в многомерных пространствах на многоэкстремальных рельефах целевой функции. В то же время, как подчеркивают эксперты в данной области, ГА демонстрируют хорошие результаты только в том случае, если их рассматривают как проблемно-ориентированное поисковое средство, адаптированное к содержательным аспектам решаемой задачи.

Вышедшая в 1997 году коллективная монография [1] опиралась при изложении техники эволюционного синтеза нейросетевых компонент систем автоматического управления на тестовые примеры. Для их эффективного решения были соответствующим образом подобраны значения настроечных параметров, управляющих процессами наследования и изменчивости в искусственной популяции решений. Однако, как показала практика последующих лет, эти настройки не обладают абсолютной универсальностью по отношению к предмету исследования. При переходе от тестовых примеров к решению практических задач потребовалось не только видоизменять критерии поиска в каждом конкретном случае, но и перенастраивать частоты применения основных генетических операторов, которые должны обеспечивать развитие эволюционных перестроек в популяции в нужном, с точки зрения содержательной постановки задачи, направлении.

Настоящий доклад призван устранить разрыв между тем, как мы понимали суть эволюционного синтеза накануне выхода монографии [1] в свет, и тем, как мы понимаем ее сегодня, имея опыт синтеза прогностических моделей связанного потребления электричества и тепла (МСПЭТ) в коммунально-бытовом секторе (КБС), а также синтеза регуляторов для управления качеством теплоснабжения жилых массивов (см. напр. [2,3]).

Первая часть доклада посвящена алгоритмическим аспектам эволюционного синтеза, учет которых позволяет существенно повысить эффективность поиска. Вторая часть отражает тот прогресс, которого нам удалось достичь в формулировании целей поискового процесса при работе во вполне конкретной предметной области — управлении крупными теплофикационными системами городов.

Диплоидный ГА

Диплоидная версия ГА (ДГА), в отличие от классической гаплоидной, характеризуется наличием у особи не одной, а двух хромосом. То есть точка в поисковом пространстве описывается двумя векторами, кодирующими ее координаты. Между гомологичными генами, расположенными в разных хромосомах, устанавливаются отношения доминантности, определяющие, какой из них будет использован при декодировании координат решения. Такой подход, как и его биологический прототип, обеспечивает наличие генетического груза (резерва разнообразия особей в популяции) и, как показывает опыт, повышает эффективность работы ГА на сложных задачах, а также при небольших размерах популяции. Обратной стороной подхода является необходимость большего числа вычислительных операций на одну итерацию ГА. Помимо этого диплоидное описание особей требует внесения корректив в классическую схему ГА, разработанную для гаплоидных особей.

В монографии [1] была предложена схема ДГА, дальнейшее развитие которой мы предлагаем.

Введем термины и обозначения, необходимые для дальнейшего описания.

Ген — g^k , $k = \overline{1,4}$,

где g^1 — рецессивное «0»; g^2 — доминантное «0»; g^3 — рецессивное «1»; g^4 — доминантное «1». Обозначения «0» и «1» соответствуют нулю и единице бинарного кода Грея.

Локус — h_i ,

$$h_i \in \{g^1, g^2, g^3, g^4\}.$$

Хромосома — вектор $\mathbf{H} = (h_1, \dots, h_L)$,

где L — количество локусов в хромосоме (длина хромосомы).

Сегмент хромосомы — вектор $\mathbf{S}_j = (h_{l_j}, h_{l_j+1}, \dots, h_{l_j+m_j-1})$, $j = \overline{1, n}$,

где l_j — индекс начального локуса сегмента, $l_j = 1 + \sum_{k=1}^j m_k$, $l_0 = 1$; m_j — длина сегмента хромосомы, $\sum_{j=1}^n m_j = L$;

n — количество сегментов в хромосоме.

Сегмент объединяет локусы, относящиеся к одной координате точки в поисковом пространстве, количество сегментов в хромосоме равно размерности поискового пространства в вещественном представлении.

$$\mathbf{H} = \{S_1, \dots, S_n\}.$$

$$\text{Генотип особи} — G = \langle \mathbf{H}^A, \mathbf{H}^B \rangle,$$

где \mathbf{H}^A — хромосома, полученная от родителя А; \mathbf{H}^B — хромосома, полученная от родителя В.

$$\text{Популяция} — \text{множество } \Pi = \{G_i\}_{i=1, N},$$

где N — количество особей в популяции (размер популяции).

Приспособленность особи — функция $\Phi(G)$,

$$\Phi(G) = \begin{cases} F(\mathbf{x}), & \text{для задачи максимизации} \\ -F(\mathbf{x}), & \text{для задачи минимизации} \end{cases},$$

где $F(\mathbf{x})$ — целевая функция задачи оптимизации $F: n \rightarrow 1$.

Вещественный вектор координат решения $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_n)$ получается при декодировании диплоидного набора генов особи (векторов \mathbf{H}^A и \mathbf{H}^B). Процедура преобразования диплоидного набора в вещественный вектор координат включает в себя:

а) формирование бинарного вектора $\mathbf{b} = (b_1, \dots, b_L)$ по правилу:

$$b_i = \begin{cases} 1, & \text{если } h_i^A = g^4 \text{ или } h_i^A \in \{g^1, g^3\}, h_i^B \in \{g^3, g^4\} \\ 0, & \text{если } h_i^A = g^2 \text{ или } h_i^A \in \{g^1, g^3\}, h_i^B \in \{g^1, g^2\} \end{cases} \quad (1)$$

б) преобразование сегментов бинарного вектора \mathbf{b} , относящихся к разным координатам поискового пространства, из кода Грея в вещественные значения соответствующих координат вектора \mathbf{x} .

Операции ДГА

Классический репродуктивный план ГА Холанда [1] предусматривает наличие трех генетических операторов, обеспечивающих эффективную работу алгоритма: *кроссовера*, *мутации* и *инверсии*. В данной модификации ДГА мы предлагаем оригинальную версию кроссовера и вводим дополнительный генетический оператор.

Мы также предлагаем использовать несколько отличающуюся от традиционной терминологию. Так, в классической схеме ГА инверсией называется операция расщепления хромосомы на две части и перестановки этих частей при сохранении порядка следования генов в каждой из них. В то же время, в биологии термином *инверсия* обозначается разновидность хромосомной мутации, сопровождающейся изменением последовательности генов на отрезке хромосомы на обратную, а для обозначения хромосомной мутации, сходной с описанной выше инверсией из классического ГА, используются термины *транслокация* или *транспозиция*.

Исходя из этого, мы в данной работе придерживаемся биологической терминологии, и применяем термин *транслокация*, а также дополняем классический набор генетических операторов четвертым — *инверсией*.

Как указано выше, для реализации работоспособной схемы ГА вполне достаточно первых трех операторов, тем не менее, опыты показали, что привлечение *инверсии* в ряде случаев помогает сократить время, необходимое для нахождения глобального решения задачи оптимизации. Тем более, что введение этого оператора не противоречит и идеологии ГА — копирования естественного процесса эволюции, так как он тоже заимствован из природы.

Следует, тем не менее, отметить, что дальнейшее расширение набора генетических операторов путем копирования других известных в биологии видов хромосомных мутаций выглядит уже малоперспективным, так как они связаны со структурными изменениями хромосом, не укладывающимися в выбранную математическую модель особи (укорачивание или удлинение хромосомы, утроение хромосом и пр.).

Ниже приведены описания генетических операторов предлагаемой нами модификации ДГА.

Кроссовер

Рекомбинация

$$\mathbf{H}_1^{rc} = \{S_1^A, \dots, S_{\mu_k-1}^A, S_{\mu_k}^B, S_{\mu_k+1}^A, \dots, S_{\mu_M-1}^A, S_{\mu_M}^B, S_{\mu_M+1}^A, \dots, S_n^A\}, \quad (2)$$

$$\mathbf{H}_2^{rc} = \{S_1^B, \dots, S_{\mu_k-1}^B, S_{\mu_k}^A, S_{\mu_k+1}^B, \dots, S_{\mu_M-1}^B, S_{\mu_M}^A, S_{\mu_M+1}^B, \dots, S_n^B\}, \quad (3)$$

где точка обмена μ_k , $k = \overline{1, M}$ — случайная величина с равномерным законом распределения, $\mu_k \in [1, n]$; количество точек обмена M — случайная величина с равномерным законом распределения, $M \in [0, n]$.

Кроссовер

$$\mathbf{H}_1^{cr} = \{\text{cross}(S_1^A, S_1^B), \dots, \text{cross}(S_n^A, S_n^B)\}, \quad (4)$$

$$\mathbf{H}_2^{cr} = \{\text{cross}(S_1^B, S_1^A), \dots, \text{cross}(S_n^B, S_n^A)\}, \quad (5)$$

$$\text{cross}(S^i, S^j) = (h'_1, \dots, h'_{\mu_k-1}, h''_{\mu_k}, \dots, h''_{\mu_k-1}, h'_{\mu_k}, \dots, h''_{\mu_M-1}, h'_{\mu_M}, \dots, h'_{l+m-1}), \quad (6)$$

где точка обмена μ_k , $k = \overline{1, M}$ — случайная величина с равномерным законом распределения, $\mu_k \in [1, n]$; количество точек обмена M — случайная величина с нормальным законом распределения, $M[M]=1$, $D[M]=1$.

При вычислении $\text{cross}(\mathbf{S}_i^A, \mathbf{S}_i^B)$ и $\text{cross}(\mathbf{S}_i^B, \mathbf{S}_i^A)$ используется один и тот же набор точек обмена $\{\mu_k\}$, а при вычислении $\text{cross}(\mathbf{S}_i^A, \mathbf{S}_j^B)$ и $\text{cross}(\mathbf{S}_j^A, \mathbf{S}_i^B)$, $i \neq j$ — произвольные.

Транслокация

$$\mathbf{H}^{trl} = (h_{\mu}, h_{\mu+1}, \dots, h_L, h_1, h_2, \dots, h_{\mu-1}), \quad (7)$$

где точка транслокации μ — случайная величина с равномерным законом распределения, $\mu \in [1, L]$.

Инверсия

$$\mathbf{H}^{inv} = \{S_1, \dots, S_{\mu}^{inv}, \dots, S_n\}, \quad (8)$$

где номер инвертируемого сегмента μ — случайная величина с равномерным законом распределения, $\mu \in [1, n]$.

$$\mathbf{S}^{inv} = (h_l, h_{l+1}, \dots, h_{l+\lambda-1}, h_{l+\lambda+v-1}, h_{l+\lambda+v-2}, \dots, h_{l+\lambda}, h_{l+\lambda+v}, \dots, h_{l+m-1}), \quad (9)$$

где точка инверсии λ — случайная величина с равномерным законом распределения, $\lambda \in [0, m-1]$; длина участка инверсии v — случайная величина с равномерным законом распределения, $v \in [1, m-\lambda]$.

Мутация

$$\mathbf{H}^{mut} = (h_1, \dots, h_{\mu_1-1}, \bar{h}_{\mu_1}, h_{\mu_1+1}, \dots, h_{\mu_2-1}, \bar{h}_{\mu_2}, h_{\mu_2+1}, \dots, h_{\mu_M-1}, \bar{h}_{\mu_M}, h_{\mu_M+1}, \dots, h_L), \quad (10)$$

где точка мутации μ_k , $k = \overline{1, M}$ — случайная величина с равномерным законом распределения, $\mu_k \in [1, L]$; количество мутаций M — случайная величина с нормальным законом распределения, $M[M]=0$, $D[M]=0,002 \cdot L$.

Мутация гена выполняется по правилу:

$$\bar{h} = g^p, \quad g^p \neq h, \quad (11)$$

где p — случайная величина с равномерным законом распределения, $p \in [1, 4]$.

Алгоритм

Представим предлагаемую модификацию ДГА в виде вычислительного алгоритма:

0. Инициализировать популяцию P .

0.1 Генерировать популяцию особей способом а) или б):

- а) бинарный код хромосом и отношения доминантности выбрать случайным образом;
- б) одинарный набор хромосом получить кодированием координат известных решений в код Грея, двойной набор хромосом получить удвоением одинарного, отношения доминантности назначить случайным образом.

0.2 Рассчитать приспособленность особей $\Phi(G_i)$, $i = \overline{1, N}$.

1. Упорядочить популяцию по приспособленности особей $\Phi(G_i) \geq \Phi(G_j)$, $\forall i < j$.

2. Удалить из популяции $k_{sel}N$ худших особей.

3. Отобрать $k_{sel}N$ пар родителей из оставшихся $(1 - k_{sel})N$ особей.

4. Произвести $k_{sel}N$ потомков.

4.1 Произвести хромосомы потомка $G^{ofs} = \langle \mathbf{H}_{ofs}^A, \mathbf{H}_{ofs}^B \rangle$.

4.1.1 Произвести хромосому от родителя А \mathbf{H}_{ofs}^A .

4.1.1.1 Провести рекомбинацию хромосом родителя А $\rightarrow \mathbf{H}_1^{rc}$ и \mathbf{H}_2^{rc} .

4.1.1.2 Провести кроссовер хромосом \mathbf{H}_1^{rc} и $\mathbf{H}_2^{rc} \rightarrow \mathbf{H}_1^{cr}$ и \mathbf{H}_2^{cr} .

4.1.1.3 Из \mathbf{H}_1^{cr} и \mathbf{H}_2^{cr} отобрать с равной вероятностью одну из хромосом $\rightarrow \mathbf{H}$.

4.1.1.5 Провести транслокацию генов хромосомы \mathbf{H} с вероятностью $p_{trl} \rightarrow \mathbf{H}^{trl}$.

4.1.1.5 Провести инверсию генов хромосомы \mathbf{H}^{trl} с вероятностью $p_{inv} \rightarrow \mathbf{H}^{inv}$.

4.1.1.6 Провести мутацию генов хромосомы $\mathbf{H}^{inv} \rightarrow \mathbf{H}_{ofs}^A$.

4.1.2 Произвести хромосому от родителя В \mathbf{H}_{ofs}^B .

4.2 Оценить приспособленность потомка $\Phi(G^{ofs})$.

5. Если условия окончания поиска для популяции не выполнены, перейти к пункту 1.

Здесь k_{sel} — коэффициент давления отбора $k_{sel} \in (0,1)$; p_{tr} — вероятность проведения транслокации генов хромосомы; p_{inv} — вероятность проведения инверсии генов хромосомы.

Параметрический синтез нейросетевой МСПЭТ

Нейросетевая МСПЭТ представляет собой предиктор, который по суточной предыстории потребления электроэнергии W_k , предыстории \underline{T}_k , \bar{T}_k и прогнозу \underline{T}_{k+1} , \bar{T}_{k+1} минимальной и максимальной температуры воздуха в течение суток, а также предыстории Q_k и плану Q_{k+1} отпуска тепла от ТЭЦ прогнозирует уровень потребления электроэнергии \hat{W}_{k+1} жилым массивом в следующих ближайших сутках:

$$\hat{W}_{k+1} = NN(\rho_{k+1}, \gamma_{k+1}, \underline{T}_{k+1}, \bar{T}_{k+1}, \underline{T}_k, \bar{T}_k, Q_{k+1}, Q_k, W_k). \quad (12)$$

Здесь $NN(\cdot)$ — преобразование, осуществляемое нейронной сетью РБФ-типа; ρ — фактор продолжительности светового дня; γ — фактор типа дня; k — индекс дня.

В вычислительном отношении задача синтеза МСПЭТ сводится к оптимизационной задаче поиска параметров РБФ-сети, обеспечивающих минимум ошибки прогнозирования на выборке архивных данных за несколько отопительных сезонов. Сложность и многоэкстремальность этой задачи оправдывает применение для ее решения ДГА, как средства глобальной оптимизации. Однако при решении задач моделирования практической направленности знание глобального экстремума является желательным, но не строго необходимым. На практике приветствуется любое улучшение существующего решения. Более того, зачастую задача моделирования формулируется в еще более мягкой постановке — новое решение, синтезируемое в ответ на появление изменений в структуре динамического объекта, должно быть не хуже старого, удовлетворявшего ранее всему комплексу внешних критериев.

Именно так стоит вопрос, когда речь идет о моделировании процессов связанного потребления топливно-энергетических ресурсов (ТЭР) в КБС. В [2] описаны наши первые попытки синтезировать на базе архивов связанного потребления ТЭР Алексеевским жилым массивом города Харькова нейросетевую прогностическую модель. Среднеквадратичная ошибка запоминания моделью тренировочных данных, сформированных на базе архива за 1995—97 гг., составила не более 3%. Это достаточно высокая точность предсказания, которая соответствовала нашим требованиям. Следует иметь в виду, что главная цель прогнозирования связанного потребления электричества и тепла состоит в том, чтобы определить, в *каком* из диапазонов значений $[W_R, W_{R+1}]$, ассоциированных с определенной градацией R качества теплоснабжения, окажется завтрашнее электропотребление W_{k+1} в случае, если жилому массиву через систему централизованного теплоснабжения будет отпущено то или иное количество тепла Q_{k+1} . То есть, прогнозируя подчиненный, по отношению к планируемому отпуску тепла, спрос на электрическую энергию, мы, по существу, пытаемся прогнозировать качество теплоснабжения жилых массивов. Более того, с точки зрения практического использования МСПЭТ для управления качеством теплоснабжения более важным показателем, становится уже не абсолютная точность ε предсказания величины ожидаемого спроса $|\hat{W}_{k+1} - W_{k+1}| \leq \varepsilon$, а правильность предсказания знака ожидаемого суточного прироста электропотребления $\text{sign}(\Delta \hat{W}_{k+1})$, $\Delta \hat{W}_{k+1} = \hat{W}_{k+1} - W_k$. То есть будет ли этот прирост положителен, отрицателен или нулевой. В первом случае следует ожидать ухудшения качества теплоснабжения, во втором — улучшения, и в третьем случае — сохранения завтрашнего качества на сегодняшнем уровне.

Возвращаясь к первой версии МСПЭТ, отметим, что она с вероятностью $\rho_W = 0,72$ правильно предсказывала знак суточного прироста электропотребления на тренировочных данных. Вероятность правильного предсказания знака приростов экстремальных значений суточной температуры, оцененная нами по архивным данным гидрометеоцентра, в том же периоде времени составила $\rho_T = 0,71$. То есть вероятность ошибки МСПЭТ в предсказании знака прироста суточного электропотребления не превышает вероятности ошибки метеопрогноза.

Ситуация оказалась не столь однозначной, когда в начале отопительного сезона 2000—2001 гг., получив доступ к данным в режиме реального времени, мы попробовали использовать эту же модель для предсказания качества теплоснабжения Алексеевского жилмассива. Оказалось, что МСПЭТ стабильно «завышает» ожидаемое качество теплоснабжения на 10—15 МВт·час, и процент правильного предсказания снизился до $\rho_W = 0,59$.

Выполненный нами перекрестный анализ оперативных данных и архивных данных, которые были положены в основу тренировочного набора, показал, что в структуре объекта моделирования произошли существенные изменения. Вот тогда и встал вопрос о перенастройке ГА с тем, чтобы обеспечить быстрый синтез новой версии МСПЭТ, более полно учитывающей изменения в структуре энергопотребления жилмассивом.

Новый набор тренировочных данных был сформирован на базе архивов за 1998—1999 гг., а также новых данных за 2000 г. Учитывая имеющийся опыт синтеза МСПЭТ, мы отказались от поиска именно глобального экстремума, так как те решения, которые ДГА удавалось находить достаточно быстро, стабильно показывали хороший результат, и задача достижения требуемой точности предсказания могла быть решена с их помощью.

На рис. 1 представлен типичный для синтеза МСПЭТ график изменения целевой функции F особей G_1 и $G_{(1-k_{sel})N}$ в процессе работы ДГА при следующих значениях его настроечных параметров: $N = 30$; $k_{sel} = 0,1$;

$p_{tri} = 0,01; p_{inv} = 0,01.$

$$F = \sqrt{\frac{1}{K} \sum_{k=1}^K (\hat{W}_k - W_k)^2},$$

где K — размер тренировочной выборки.

Как видно, основной процесс отбора претендентов на глобальный экстремум занимает около 1000 эпох. В дальнейшем идет уточнение координат найденного оптимального решения, сопровождающееся истощением как фенотипического, так и генотипического разнообразия в популяции.

Исходя из этого, мы выбрали следующие критерии остановки работы ДГА:

$$C_{ep} > 3000 \text{ или } \Phi(G_1) - \Phi(G_{(1-k_{sel})N}) < 10^{-5},$$

где C_{ep} — количество эпох.

Для оценки эффективности новой методики мы отобрали 20 векторов настроечных параметров МСПЭТ из популяции, полученной в ходе одного из экспериментов после остановки ДГА, и выполнили сопоставительный анализ точности одношагового прогноза соответствующих моделей на оперативных данных за 2001 год. Результаты оказались вполне удовлетворительными — все МСПЭТ, несмотря на различия в параметрах, демонстрировали требуемую точность предсказания электропотребления, а при тестировании их способности предсказывать качество теплоснабжения оказались равноценными.

Объяснение этому может быть найдено в избыточности структуры нейросети. Максимальный размер скрытого слоя РБФ-сети МСПЭТ ограничивался 10 нейронами. Полученные в результате структурного и параметрического синтеза по методике, описанной в [1], РБФ-сети имели от 6 до 9 нейронов скрытого слоя. И все они обеспечивали приблизительно одинаковое качество предсказания. Так как мы не ставили целью получить сеть с минимальной конфигурацией, то, фактически, создали предпосылки для существования множества равноценных решений.

И в этом есть свой смысл. Традиционно эффективность поисковых алгоритмов проверяется на специально сконструированных многоэкстремальных тестовой функциях. Но глобальный экстремум как некая математическая категория есть не более чем абстрактная цель задачи оптимизации. Для практических задач моделирования мощь поискового алгоритма должна оцениваться, скорее, не по точности и скорости нахождения глобального экстремума, а по способности стабильно находить за ограниченное число итераций удовлетворительные решения, достаточно близкие к оптимальному по значению целевой функции. Наличие нескольких вариантов решения повышает ценность модели, открывая дорогу к ее дальнейшей адаптации к новым критериям качества или меняющимся свойствам объекта моделирования.

Заключение

Предложенная схема ДГА и выбранные значения его настроечных параметров обеспечивают стабильный и быстрый синтез МСПЭТ в КБС на базе РБФ-сети в условиях изменяющейся структуры энергоснабжения и потребления моделируемого жилмассива. Время синтеза МСПЭТ на компьютере класса Pentium-200 не превышает 25 минут, что делает осуществимым практически ежедневное автоматическое обновление модели при поступлении новых оперативных данных.

Благодарности

Исследование выполнено в рамках фундаментальной НИР МЗ409 «Методы нейронных сетей и генетических алгоритмов при программном обеспечении усовершенствования комплексного энергоснабжения потребителей в условиях энергорынка». В работе использованы данные, предоставляемые в онлайн режиме аппаратно-программным комплексом «Зевс» (<http://www.users.kharkiv.com/zeus>), разработанным совместными усилиями ГП «Харьковская ТЭЦ-5» и АК «Харьковоблэнерго».

Список литературы:

1. Генетические алгоритмы, искусственные нейронные сети и проблемы виртуальной реальности / Г.К. Вороновский и др. — Х.: Основа, 1997. — 112 с.
2. Г.К. Вороновский, В.Б. Клепиков, М.В. Коваленко, К.В. Махотило. Нейросетевая модель связанного потребления тепловой и электрической энергии крупным жилым массивом города // Вестн. Харьк. гос. политехн. ун-та. Сер. «Электротехника, электроника и электропривод», Выпуск 113. — Х: ХГПУ, 2000. — С. 363—366.
3. Г.К. Вороновский. Эволюционный синтез полиномиального алгоритма программного управления отпуском тепла от ТЭЦ бытовым потребителям // Энергетика: економіка, технології, екологія. 2001, № 2. — С. 9—12.

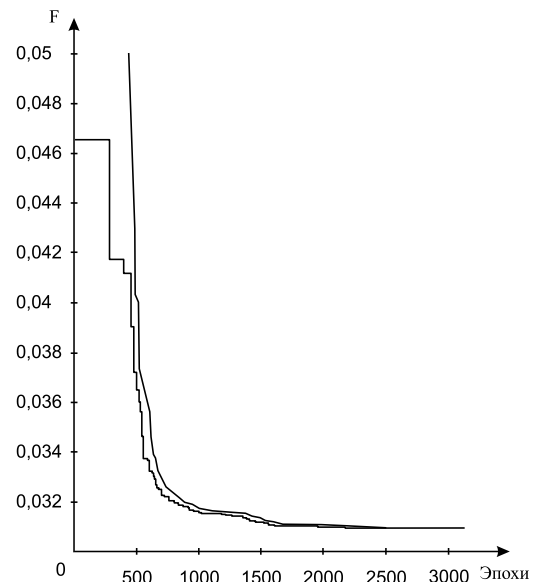


Рис. 1. Изменение целевой функции в процессе работы ДГА