

dr inż. Bogumiła Mrozek
 Instytut Modelowania Komputerowego,
 Wydział Fizyki, Matematyki i Informatyki Stosowanej,
 Politechnika Krakowska,

DOBÓR PARAMETRÓW SYSTEMÓW ROZMYTYCH PRZY UŻYCIU ALGORYTMÓW IMMUNOLOGICZNYCH

Systemy rozmyte są często stosowane w układach identyfikacji i sterowania, w zagadnieniach dotyczących diagnostyki i klasyfikacji oraz w systemach ekspertowych. Systemy rozmyte typu Sugeno można konstruować metodami adaptacyjnymi na bazie danych liczbowych (pomiarowych) wejście/wyjście systemu. Parametry systemów rozmytych dobiera się z wykorzystaniem algorytmów klasteryzacji oraz algorytmów stosowanych do zadań optymalizacji.

Algorytmy immunologiczne odwzorowują procesy adaptacji i zróżnicowane możliwości działania naturalnego systemu immunologicznego. Selekcja klonalna i selekcja negatywna są procesami naturalnego systemu immunologicznego, które najczęściej są odwzorowywane w algorytmach. Algorytm selekcji klonalnej jest stosowany w zadaniach optymalizacji i jest też używany między innymi w zagadnieniach eksploracji danych, klasyfikacji i klasteryzacji. Opisano implementację algorytmu selekcji klonalnej CLONAG, która istnieje w dwóch wersjach - tj. dla zagadnień klasteryzacji oraz dla rozwiązywania zadań optymalizacji. Przedstawiono wnioski z wykonanych testów symulacyjnych porównania algorytmów klasteryzacji dostępnych w Fuzzy Logic Toolbox i algorytmu selekcji klonalnej w zastosowaniu do zagadnień klasteryzacji.

IDENTIFICATION PARAMETERS OF FUZZY SYSTEMS WITH IMMUNE ALGORITHMS

Fuzzy modeling is one of disciplines which is often used in systems identification, control, fault diagnosis, classification and decision support systems. Fuzzy model Sugeno-type is often used in data-driven identification. Construction methods based on fuzzy clustering originate from data analysis, where the concept of fuzzy membership is used to represent the degree to which a given data object is similar to some prototypical object. Over the last few years, there has been an increasing interest in the area of Artificial Immune Systems (AIS) and their applications. In this paper, the applications of the clonal selection have been proposed to obtain fuzzy models from data.

The clonal selection principle establishes the idea that only those cells which recognize the antigens are selected to proliferate. A computational implementation of the clonal selection principle explicitly takes into account the affinity maturation of the immune response. The algorithm, named CLONALG, is primarily derived to perform the machine-learning and pattern recognition tasks. Then it is adapted to solve optimization problems. The numerical learning data are used to determine number of rules and parameters of membership functions in initial fuzzy model with clustering algorithms (Fuzzy Logic Toolbox was used). This initial data-driven fuzzy model is compared with the same model obtained by clustering with clonal selection.

1. WPROWADZENIE

Modelowanie rozmyte jest często stosowane w układach identyfikacji i sterowania, w zagadnieniach dotyczących diagnostyki i klasyfikacji oraz w systemach ekspertowych [5]. Modele rozmyte mogą reprezentować wiedzę o wybranym procesie lub obiekcie technicznym zapisaną w postaci reguł rozmytych **Jeśli-to** (ang. *If-then*). Modele takie buduje się określając strukturę (reguły) i parametry modelu rozmytego, w zasadzie na dwa sposoby:

- a. na podstawie tzw. wiedzy eksperta - arbitralnie określa się liczbę reguł oraz rodzaj, kształt (parametry) i liczbę funkcji przynależności dla każdej zmiennej wejściowej,
- b. z wykorzystaniem dostępnych danych liczbowych – model oparty na logice rozmytej jest generowany przy użyciu algorytmów identyfikacji modeli, które bazują np. na danych archiwalnych, zebranych za pomocą istniejących systemów automatyki.

Popularnym podejściem do problemu identyfikacji modeli rozmytych jest ich zapis w formie sieci neuronowej, opisany np. w [7]. Istnieje wtedy możliwość stosowania, do identyfikacji modeli rozmytych, algorytmów opracowanych dla uczenia sieci neuronowych [4], [6]. Jednak algorytmy gradientowe pierwotnie opracowane dla uczenia sieci neuronowych, charakteryzują się niską wydajnością (np. algorytm wstecznej propagacji błędów).

Można zwiększyć efektywność algorytmu uczącego wyznaczając położenia środków funkcji przynależności bliskie ich wartościom optymalnym, jeszcze przed użyciem algorytmów stosowanych do optymalizacji. Stąd jednym z podejść stosowanych w identyfikacji przesłanek modeli rozmytych są różnego typu algorytmy klasteryzacji [4], [5], [7].

Celem poprawy dokładności aproksymacji modeli rozmytych można wykorzystać algorytmy genetyczne. Identyfikacja jest przeprowadzana zazwyczaj w dwóch krokach:

- *Uzyskanie wstępnego modelu rozmytego* - obliczenie parametrów rozmywania przesłanek i konkluzji przy użyciu wiedzy eksperta lub w sposób automatyczny za pomocą wybranego algorytmu klasteryzacji, łącznie z algorytmami redukcji i upraszczania bazy reguł [5], [7].
- *Końcowe strojenie modelu rozmytego* za pomocą algorytmu genetycznego tzn. dobranie prawie wszystkich parametrów struktury modelu, w tym parametrów funkcji przynależności w przesłankach i konkluzjach lub współczynników wielomianu w konkluzjach (Sugeno).

Identyfikacja modeli rozmytych przy użyciu algorytmu genetycznego pozwala na jednoczesne strojenie (dobór) zarówno parametrów przesłanek jak i konkluzji. Zastosowanie klasteryzacji celem wstępnego określenia parametrów funkcji przynależności [4], [5] oraz innych algorytmów do wyznaczenia startowych wartości współczynników funkcji konkluzji (dla modelu Sugeno) ogranicza liczbę koniecznych iteracji algorytmu genetycznego. Mimo powyższych zabiegów, nadal podstawową wadą algorytmów genetycznych jest ich wolna zbieżność i związany z tym długi czas obliczeń, [10], [12].

Algorytmy immunologiczne odwzorowują procesy adaptacji i zróżnicowanych możliwości działania naturalnego systemu immunologicznego. Są one stosunkowo nową techniką optymalizacji i jak podają [3], [9] są jej efektywnym narzędziem. W porównaniu z algorytmami genetycznymi, charakteryzują się wysoką wydajnością [9]. *Selekcja klonalna* i *selekcja negatywna* są procesami naturalnego systemu immunologicznego, które najczęściej są odwzorowywane w algorytmach.

Algorytm selekcji klonalnej jest stosowany w zadaniach optymalizacji i jest też używany w zagadnieniach eksploracji danych, klasyfikacji i klasteryzacji. Tak, więc istnieje możliwość

zastosowania selekcji klonalnej jako wydajnego algorytmu zarówno do wyznaczenia parametrów wstępnego modelu rozmytego jak i do strojenia końcowego.

Algorytmy klasteryzacji umożliwiają dobór parametrów systemu rozmytego wraz z organizacją jego struktury. Algorytmy stosowane w zadaniach optymalizacji dobierają te parametry poprzez minimalizację błędu modelu rozmytego względem modelowanego systemu lub optymalizację przyjętego wskaźnika jakości działania regulatora rozmytego. Na obiecujące możliwości zastosowań algorytmów immunologicznych w systemach rozmytych wskazuje [3].

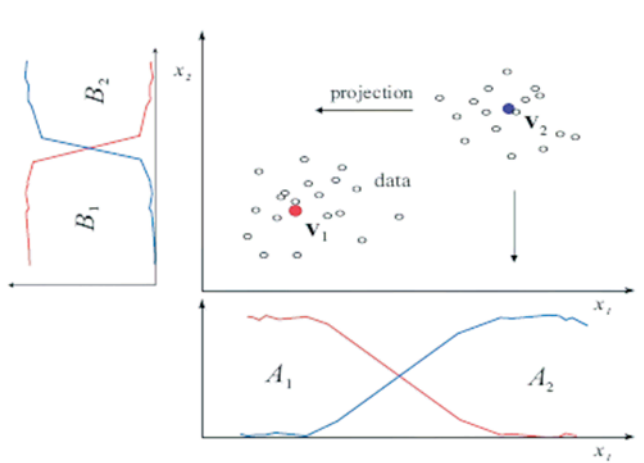
1.1. Podstawowe modele rozmyte

Modele rozmyte różnią się sposobem zapisu reguł, wybranym mechanizmem rozmywania wejść, wnioskowania i wyostrażania. W praktycznych zastosowaniach, najczęściej spotyka się implementacje modeli rozmytych typu Mamdani i Sugeno [4]. Reguły obu modeli mają identyczną postać przesłanek, różnią się konkluzjami.

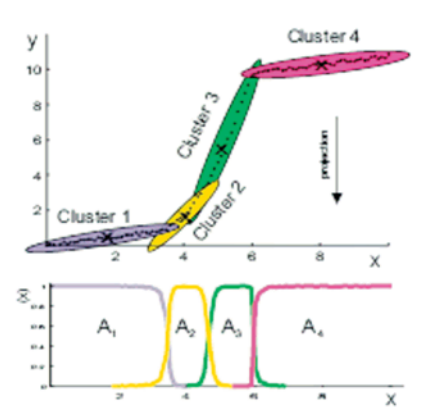
W modelu rozmytym typu Mamdani, konkluzja reguł zawiera zbiór rozmyty. Baza reguł modelu rozmytego typu Mamdani (dla j -tej reguły) przyjmuje postać [4], [7]:

$$\text{Jeśli } (x \text{ jest } A_j) \text{ i } (y \text{ jest } B_j) \text{ to } (z \text{ jest } C_j) \quad (1)$$

gdzie: A_j, B_j, C_j – zbiory rozmyte, jako wartości lingwistyczne (np. mały, duży itp.).



Rys. 1. Identyfikacja funkcji przynależności [11].



Zapis reguł dla modelu typu Sugeno

$$\text{Jeśli } x \text{ jest } A_1 \text{ to } y = a_1 x + b_1$$

$$\text{Jeśli } x \text{ jest } A_2 \text{ to } y = a_2 x + b_2$$

....

Rys. 2. Konstruowanie bazy reguł [11].

Model typu Sugeno w konkluzji ma funkcję. Dla modelu rozmytego typu Sugeno j -ta reguła z dwoma wejściami ma postać:

$$\text{Jeśli } (x \text{ jest } A_j) \text{ i } (y \text{ jest } B_j) \text{ to } z = f_j(x, y) \quad (2)$$

gdzie: x, y - zmienne wejściowe, A_j, B_j - zbiory rozmyte, $f(x, y)$ jest funkcją, z - zmienna wyjściowa, określana ze wzoru defuzyfikacji (wyostrażania) [4], [7].

Funkcja $f(x, y)$ jest najczęściej wielomianem rzędu pierwszego lub zerowego (singleton). Konkluzję j -tej reguły można zapisać w postaci:

$$z_j = f_j(x, y) = p_j x + q_j y + r_j \quad (3)$$

gdzie: p_j, q_j, r_j - współczynniki wielomianu, w modelu rzędu zerowego: $z_j = r_j$

Modele typu Sugeno można stosunkowo łatwo konstruować metodami adaptacyjnymi na bazie danych pomiarowych wejście/wyjście systemu. Stąd, do dalszych rozważań przyjęto model rozmyty typu Sugeno. Na rys. 1 pokazano jak poprzez rzutowanie klasterów danych określa się parametry funkcji przynależności w przesłankach. Konstruowanie bazy reguł, dla modelu typu Sugeno, ilustruje rys. 2. W środkach ciężkości jednowymiarowych klasterów umieszcza się środki (wierzchołki) funkcji przynależności zbiorów rozmytych A_1, A_2, \dots, A_n .

1.2. Algorytmy genetyczne i ewolucyjne.

W algorytmach genetycznych i ewolucyjnych stosuje się pojęcia zapożyczone z genetyki naturalnej. Tworzy się *populację* rozwiązań. Każde rozwiązanie jest nazywane *osobnikiem*. Najczęściej jest on reprezentowany przez jeden *chromosom*, który zawiera zakodowane potencjalne rozwiązanie problemu. Elementy składowe *chromosomu* to uporządkowane ciągi *genów*. W *populacji* dokonuje się *selekcji* (słabe osobniki giną) i stosuje się operatory genetyczne *krzyżowania* i *mutacji*.

W każdej *generacji* (iteracji algorytmu genetycznego) jest oceniane przystosowanie każdego osobnika w danej populacji, za pomocą *funkcji przystosowania*. Na tej podstawie jest tworzona nowa populacja osobników. Reprezentują oni zbiór potencjalnych rozwiązań problemu. Reprodukacja skupia się na osobnikach o najwyższym stopniu przystosowania.

Operatory genetyczne takie jak krzyżowanie i mutacja mieszają owe osobniki, realizując w ten sposób eksplorację przestrzeni rozwiązań.

Kryteria zatrzymania algorytmu genetycznego (ewolucyjnego) to: wykonanie zadanej liczby generacji albo uzyskanie odpowiedniej wartości przystosowania osobników.

Główne różnice pomiędzy algorytmami genetycznymi i ewolucyjnymi [1], [3] to:

- sposób kodowania chromosomu,
- algorytmy realizujące operatory genetyczne.

1.3. Algorytmy immunologiczne.

Algorytmy immunologiczne używają pojęć zapożyczonych z immunologii, która zajmuje się badaniem reakcji odpornościowo-obronnej organizmów na *patogeny*, czyli wirusy, bakterie, toksyny i inne czynniki chorobotwórcze. Naturalny system immunologiczny jest systemem bardzo skomplikowanym i nie do końca poznany. Przyjmując pewne uproszczenia, buduje się algorytmy imitujące działanie niektórych jego mechanizmów [1], [9].

Algorytmy immunologiczne, posługują się też pojęciami zapożyczonymi z genetyki naturalnej. Istnieją *populacje* składające się z *osobników*, reprezentujących rozwiązania lub dane wejściowe. Każdy osobnik populacji jest reprezentowany identycznie jak w chromosomie dla algorytmu genetycznego.

Osobniki reprezentują *przeciwciała* lub *antygeny* zakodowane w postaci łańcuchów binarnych, liczb rzeczywistych albo są to bardziej rozbudowane struktury, opisujące kompletnie pojedyn-czy obiekt. Każdy algorytm immunologiczny działa na *populacji przeciwciał* i *antygenów* lub samych przeciwciał.

Antygeny (ang. *antibody generator*) wywołują reakcję układu odpornościowego. *Przeciwciała* (ang. *antibody*) rozpoznają *antygeny* i wiążą się z nimi, co z kolei umożliwia zachodzenie innych procesów, takich jak neutralizowanie toksyn, wirusów itp.

W systemach rozmytych, dla najczęściej spotykanych zadań optymalizacji jest stosowana jedynie *populacja przeciwciał*. Reprezentuje ona zbiór potencjalnych rozwiązań zadania. Populacja antygenów nie jest używana (nie musi być używana).

W zdaniach klasteryzacji lub rozpoznawania wzorców, *populacja antygenów* reprezentuje wzorce, które mają być rozpoznane. Natomiast *populacja przeciwciał* tworzy zbiór osobników z wysokim dopasowaniem do populacji (zbioru) antygenów.

Podobnie jak w algorytmach genetycznych, najpierw jest generowana populacja początkowa przeciwciał. Najczęściej proces ten ma charakter losowego doboru elementów tworzących przeciwciało, niekiedy ograniczanego przez określone warunki.

W porównaniu do algorytmu genetycznego, algorytmy immunologiczne w zdecydowanie bardziej naturalny sposób równoważą możliwości eksploracyjne i eksploatacyjne algorytmu, co prowadzi do powstania i stabilnego podtrzymania zróżnicowanych populacji osobników [9].

2. NATURALNY SYSTEM IMMUNOLOGICZNY

Ogólna zasada działania układu odpornościowego *polega na rozpoznawaniu antygenów* na zasadzie "swój-obcy" i eliminowaniu tych ostatnich. W procesie tym uczestniczy kilka typów komórek są tzw. *limfocyty*, czyli białe ciała krwi. Limfocyty można podzielić z grubsza na *limfocyty typu T* i *limfocyty typu B*. Limfocyty T (tzw. wspomagające) dają sygnał do podjęcia akcji obronnej, a limfocyty B rozpoczynają niszczenie *patogenów*.

W naturalnym systemie immunologicznym wyróżnia się dwie warstwy odporności: *nieswoistej (wrodzonej)* i *swoistej (adaptacyjnej)*. Odporność nieswoista nie podlega rozwojowi i modyfikacjom, stąd ten rodzaj odporności nie jest dalej rozpatrywany.

2.1. System odporności adaptacyjnej.

System ten posiada zdolność do ciągłej adaptacji procesu rozpoznawania nowo pojawiających się antygenów oraz przechowywania informacji o już rozpoznanych antygenach. Te procesy, ze względu na wysoką efektywność, stanowią *główny przedmiot zainteresowań informatyków*, jako wzór algorytmów bardzo wydajnych obliczeniowo.

Proces, w którym system uczy się rozpoznawania nowego antygeny nazwano *pierwotną odpowiedzią immunologiczną*. System odporności adaptacyjnej posiada tzw. *pamięć immunologiczną*, dzięki której przechowuje przez pewien czas informacje o rozpoznanym antygenie. Stąd przy kolejnym ataku, antygen jest szybciej rozpoznawany. Skutkuje to natychmiastową reakcją w postaci intensywnego wytwarzania specjalizowanych przeciwciał. Proces ten określa się jako *wtórna odpowiedź immunologiczną*. Limfocyty B i T są głównymi elementami warstwy adaptacyjnej systemu immunologicznego.

Limfocyty B są *przygotowywane do produkcji przeciwciał* o określonej strukturze molekularnej, przystosowanej do rozpoznawania określonej grupy antygenów.

Limfocyty T realizują *mechanizm rozpoznawania "swój-obcy"*. Uczestniczą one w tzw. odpowiedzi typu komórkowego, wywołując bezpośrednią reakcję zwalczania antygeny. Rozróżnia się, co najmniej 4 typy limfocytów T.

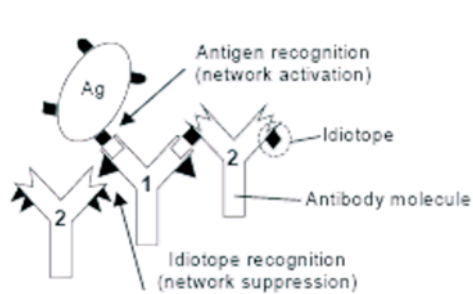
Zarówno limfocyty B oraz T, jak i antygeny, wyposażone są w trójwymiarowe struktury chemiczne otaczające ich powierzchnię. Struktury te skonstruowane są z różnych sekwencji protein, które odgrywają główną rolę w wiązaniu przeciwciała z antygenem. *Fragment powierzchni antygeny* zawierający taką strukturę jest określany jest jako *epitop*.

Limfocyty B (komórki typu B – ang. *B-cells*) są otoczone przez zespół receptorów (Ab) - przeciwciał. Każde przeciwciało jest zbudowane ze specyficznego rodzaju białek wydzielanych przez pobudzone limfocyty B, tworząc kształt litery Y (rys. 3). Na każdym z ramion znajduje się struktura, nazywana *paratopem*, pozwalającą na dopasowanie do *epitopów* antygeny. Przeciwciało posiada również epitopy. Siła wiązania epitop-paratop jest określana jako *stopień dopasowania*. Reprezentuje on stopień powinowactwa przeciwciała w stosunku do antygeny.

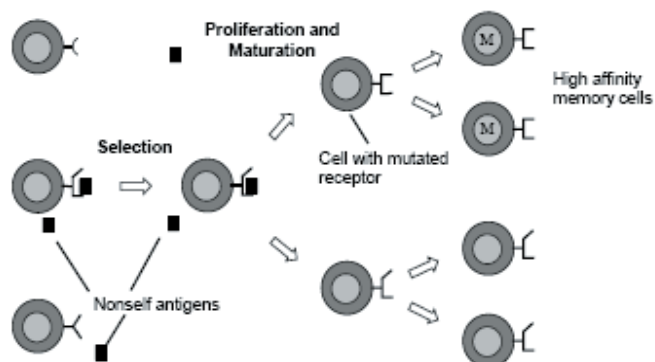
Na powierzchni każdego limfocyty znajduje się około 100 tys. receptorów (przeciwciał). Jeden limfocyt B zawiera kopie identycznych przeciwciał. Uaktywnienie komórki limfocyty B zachodzi po przekroczeniu pewnego progu dowiązań, jednak do pobudzenia komórki niezbędna jest jeszcze współpraca limfocytów T (dokładniej Th ang. *helper*).

Rolą limfocytów Th jest przeciwdziałanie rozpoznawaniu własnych komórek jako antygenów. W systemie immunologicznym *jeden typ epitopu antygeny* może stymulować kilka różnych limfocytów B. Oznacza to, że w reakcji immunologicznej bierze udział liczna populacja klonów, różniących się stopniem dopasowania (ang. *affinity*).

W systemie immunologicznym występuje ogromna liczba bardzo zróżnicowanych limfocytów. Jednak dany antygen może być rozpoznany jedynie przez niewielką ich część. Duże zróżnicowanie limfocytów pozwala na rozpoznawanie szerokiej gamy różnych antygenów, lecz liczba komórek pierwotnie rozpoznających antygen jest zbyt mała by go zwalczyć.



Rys. 3. Schematyczna budowa receptora komórki typu B i antygeny [1]



Rys. 4. Mechanizm selekcji klonalnej [1]

Stąd, system immunologiczny został wyposażony w *mechanizm selekcji klonalnej*. Jego zadaniem jest namnożenie odpowiednich przeciwciał, uczestniczących w walce z antygenem. W systemie immunologicznym istnieje także *mechanizm selekcji negatywnej*, który działa na limfocyty T, rozpoznające własne komórki.

2.2. Mechanizm selekcji klonalnej.

Aktywacja limfocyty B inicjuje reakcję systemu immunologicznego, powodującą namnożenie przeciwciał rozpoznających określony antygen.

Uaktywnione limfocyty B zaczynają intensywnie dzielić się, produkując wiele krótko żyjących klonów [1], [9]. Następnie klony te przechodzą proces *hipermutacji somatycznej*, celem wytworzenia lepiej dopasowanych przeciwciał (ang. *high affinity cells*). Proces ten przypomina mutację genetyczną, jednak jego intensywność jest o wiele większa. Etap ten określa się jako *proliferacja* (klonowanie) [9] (rys. 4).

W rezultacie powstaje populacja zmutowanych klonów. Jest ona poddawana ocenie stopnia dopasowania do antygeny. Klony słabo wiążące antygen są usuwane z organizmu (*apoptoza*). Natomiast klony o wysokim stopniu dopasowania przekształcają się po pewnym czasie w komórki plazmatyczne albo komórki pamięciowe (*proces dyferencjacji*) [9] (rys. 4).

Komórki plazmatyczne produkują wolne przeciwciała, które łącząc się z antygenem wskazują go komórkom żernym do eliminacji.

Komórki pamięciowe pozostają w organizmie przez dłuższy czas i biorą aktywny udział we wtórnej odpowiedzi immunologicznej.

3. ALGORYTM SELEKCJI KLONALNEJ.

Algorytm selekcji klonalnej można podzielić na dwa etapy: *etap ekspansji klonalnej*, bazujący na naturalnym mechanizmie selekcji klonalnej oraz *etap hipermutacji*.

Ekspansja klonalna jest odpowiedzialna za wyselekcjonowanie najlepiej dopasowanych przeciwciał i namnożenie ich proporcjonalnie (ale niekoniecznie) do ich stopnia dopasowania.

Hipermutacja realizuje proces dojrzewania przeciwciał, przekształcając namnożone klony w taki sposób, aby niektóre z nich osiągnęły lepszy stopień dopasowania niż ich poprzednicy.

W literaturze opisano kilka implementacji algorytmu selekcji klonalnej jak na przykład: AINE (Timmis 2000), aiNET (Castro i Zuben 2001), CLONAG [1], [2], [3] oraz [8]. Do dalszych rozważań przyjęto algorytm CLONAG. Przede wszystkim wynika to z faktu, że istnieje on w dwóch wersjach - tj. dla zagadnień dotyczących rozpoznawania wzorców (klasteryzacji [8]) oraz dla rozwiązywania problemów optymalizacji [1], [2].

Stąd, algorytm CLONAG można stosować do automatycznego generowania modeli rozmytych typu Sugeno, zarówno na etapie wstępnym jak i przy ich końcowym strojeniu.

3.1. Algorytm CLONAG w wersji dla zadań rozpoznawania wzorców (klasteryzacji)

Algorytm CLONAG, w wersji dla rozpoznawania wzorców umożliwia wyodrębnianie klasterów tj. skupień danych. Wprowadza się następujące oznaczenia: **Ab** – dostępny zbiór przeciwciał, **Ag** – populacja antygenów do rozpoznania, **Ab_{m}** – zbiór przeciwciał pamięci, **Ab_{r}** – reszta ze zbioru przeciwciał. Schemat takiego działania CLONAG, opisano poniżej [2]:

1. Losowy wybór antygeny **Ag_j** ($Ag_j \in Ag$) i prezentuje się go wszystkim przeciwciałom ze zbioru $\mathbf{Ab} = Ab_{\{r\}} \cup Ab_{\{m\}} (r + m = N)$;
2. Określa się wektor **f_j**, który zawiera ich podobieństwo (dopasowanie) do wszystkich N przeciwciał w zbiorze **Ab**
3. Wybór *n* przeciwciał o najwyższym stopniu dopasowania ze zbioru **Ab** tworzących nowy zbiór **Ab^j_{n}** przeciwciał z wysokim stopniem dopasowania względem antygeny **Ag_j**
4. Wybranych *n* przeciwciał będzie klonowane (reprodukowane) niezależnie i proporcjonalnie do ich stopnia dopasowania (podobieństwa) do antygeny, generując zbiór klonów **C^j**: im wyższy stopień dopasowania tym większa liczba klonów jest generowana dla każdego z *n* wybranych przeciwciał;
5. Zbiór **C^j** jest poddawany ocenie w procesie dojrzewania podobieństwa (ang. *affinity maturation process*) odwrotnie proporcjonalnie do podobieństwa z antygenami, generując popu-

lację C^{j*} dojrzałych klonów: wyższy stopień podobieństwa, to mniejszy współczynnik mutacji.

6. Określa się wektor podobieństwa f_j^* dla dojrzałych klonów C^{j*} w relacji do antygeny Ag_j ;
7. Ze zbioru dojrzałych klonów C^{j*} , ponownie wybiera się osobnika (Ab_j) o najwyższym podobieństwie w relacji do Ag_j , jako kandydata do wprowadzenia do zbioru komórek pamięci $Ab_{\{m\}}$. Jeśli stopień dopasowania tego przeciwciała względem Ag_j jest większy niż jakiegoś przeciwciała z pamięci systemu, wtedy Ab_j^* zastąpi to przeciwciała w zbiorze pamięci przeciwciała.
8. Zastąpienie d przeciwciała ze zbioru $Ab_{\{r\}}$ z najniższym stopniem podobieństwa względem Ag_j , przez nowe osobniki.

Po prezentacji wszystkich M antygenów ze zbioru Ag i wykonaniu 8 kroków jak powyżej, możemy powiedzieć, że *generacja* (iteracja) jest kompletna.

3.2. Algorytm CLONAG w wersji dla zadań optymalizacji.

Algorytm CLONAG w zastosowaniu do rozwiązywania zadań optymalizacji to nieco zmodyfikowana wersja tego algorytmu [2], opisanego w rozdziale 3.2.

Należy wykonać modyfikacje jak poniżej:

- W kroku 1, nie ma populacji antygenów, która ma być rozpoznana, ale pojawia się funkcja celu, którą się optymalizuje tj. wyznacza się jej minimum albo maksimum. W tym przypadku, współczynnik dopasowania przeciwciała odpowiada obliczaniu wartości funkcji celu dla danego przeciwciała: każde przeciwciała Ab_i reprezentuje element przestrzeni wejścia. Ponadto, nie określa się populacji antygenów do rozpoznania i cała populacja Ab będzie tworzyć zbiór pamięci. Dlatego nie ma potrzeby utrzymywania odrębnego zbioru pamięci $Ab_{\{m\}}$.
- W kroku 7, wybiera się n przeciwciała, aby utworzyć zbiór Ab , zamiast wybierać pojedyncze najlepsze osobniki Ab^* .

4. BADANIA SYMULACYJNE.

Fuzzy Logic Toolbox (FLTBx) [4] jest biblioteką pakietu *MATLAB-Simulink*, umożliwiającą projektowanie modeli rozmytych typu Mamdani i Sugeno. Biblioteka ta zawiera zestaw funkcji oraz interfejsy, które ułatwiają tworzenie oraz identyfikację modeli i regulatorów rozmytych.

FLTBx zawiera funkcje *fcm* i *subclust*, które realizują algorytmy klasteryzacji odpowiednio metodą *c*-środków i klasteryzacji różnicowej (ang. *subtractive clustering*). Posiada też dwie funkcje (*genfis2* i *genfis3*), które generują struktury reprezentujące modele rozmyte typu Sugeno, w oparciu o dane wejście/wyjście.

Liczba i parametry funkcji przynależności w przesłankach są określane poprzez algorytmy odpowiednio: klasteryzacji różnicowej i metodą *c*-środków. Jako funkcje przynależności przyjęto domyślnie funkcje Gaussa. Wartości współczynników wielomianu w konkluzjach są wyznaczane metodą najmniejszych kwadratów.

Algorytm CLONAG, w wersji realizującej zadanie klasteryzacji, zaimplementowano do funkcji *genfis2*. Dla wybranych danych testowych porównywano środki i wielkości klastery, określone przez wymienione wyżej algorytmy klasteryzacji.

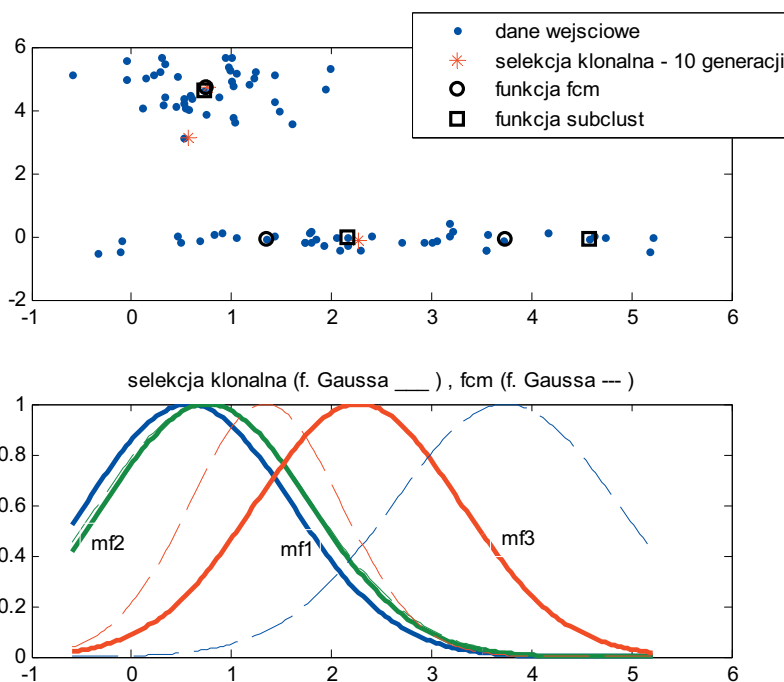
Wygenerowano wstępne modele typu Sugeno za pomocą algorytmów klasteryzacji, dostępnych w *FLThx*. i przy użyciu algorytmu selekcji klonalnej. Uzyskano rozkład funkcji przynależności jak na rys. 5.

5. UWAGI KOŃCOWE.

Dla przyjętych danych testowych położenie środków klastrów były uzależnione od zastosowanej metody klasteryzacji i jej parametrów. Jednak dla uzyskania stabilnego położenia środków klastrów algorytmowi selekcji klonalnej wystarczyło 10 iteracji. Natomiast np. algorytm *c*-środków (f_{cm}) potrzebował ich 20.

Zwraca się uwagę, że dla rozpatrywanych danych testowych, algorytm *c*-środków (funkcja f_{cm}) wymaga podania liczby klastrów. Natomiast funkcja *subclust* (klasteryzacja różnicowa) wymaga w zasadzie określenia wielkości klastra. Oba te algorytmy tworzą klastry o kształcie kulistym.

Określenie skupień (klastrów) danych z wykorzystaniem selekcji klonalnej jest znacznie mniej uzależnione od arbitralnych decyzji użytkownika.



Rys. 5. Dane testowe, środki klastrów i funkcje przynależności uzyskane metodami klasteryzacji

LITERATURA

1. de Castro L. N. and Timmis J. I., *Artificial Immune Systems: A Novel Paradigm to Pattern Recognition*, in *Artificial Neural Networks in Pattern Recognition*, J.M. Corchado, L. Alonso, and C. Fyfe (eds.), SOCO-2002, University of Paisley, UK, 2002.
2. de Castro L. N. and Von Zuben F. J., *Learning and Optimization Using the Clonal Selection Principle*, IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Special Issue on Artificial Immune Systems, 6(3) 2002.

3. de Castro L. N. and Timmis J. I., *Artificial Immune Systems as a Novel Soft Computing Paradigm*, Soft Computing Journal, 7(7), 2003.
4. *Fuzzy Logic Toolbox User's Guide*, The MathWorks, Inc.
5. Robous H., Setnes M., *Compact fuzzy models and classifiers through model reduction and evolutionary optimization*, in *The practical handbook of genetic algorithms: Applications*, Chapman&Hall/CRC, 2001.
6. Mrozek B., *Projektowanie regulatorów rozmytych w środowisku MATLAB/Simulink*, Pomiary Automatyka Robotyka 11/2006.
7. Ross T. J., *Fuzzy logic with engineering applications*, John Wiley&Sons, 2004.
8. Wierzchoń S.T., Kuźelewska U., *Stable clusters formation in an artificial immune system*, Conference on AIS, University of Kent at Canterbury, UK 9-11.09.2002.
9. Wierzchoń S. T., *Sztuczne systemy immunologiczne. Teoria i zastosowania*, Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT, Warszawa 2001.
10. Wnuk P., *Zastosowanie algorytmu PSO do optymalizacji sposobu rozmywania w modelach TSK*, Pomiary Automatyka Kontrola, nr 9/2005.
11. Babuska R., <http://www.dcsc.tudelft.nl/~babuska/talks.html>, *Fuzzy Clustering with Applications*.
12. Mrozek B., *Strojenie parametrów regulatorów rozmytych z wykorzystaniem Genetic Algorithm Tool*, V Konferencja CMS' 05, Kraków, 14-16.11.2005.