

2-B ARMA SİSTEM TANIMLAMA İÇİN GENETİK ALGORİTMA YAKLAŞIMI

Ulaş Aşık* Işın Erer** Tayfun Günel**

*İstanbul Teknik Üniversitesi
Bilişim Enstitüsü
Uydu Haberleşmesi ve Uzaktan Algılama Programı
Maslak, İstanbul
ulasasik@yahoo.com

**İstanbul Teknik Üniversitesi
Elektrik-Elektronik Fakültesi
Elektronik ve Haberleşme Mühendisliği Bölümü
80626, Maslak, İstanbul
ierer@ehb.itu.edu.tr tgunel@ehb.itu.edu.tr

Özet: Bu çalışmada sürekli parametrelili genetik algoritma (SPGA) ile 2-B ARMA sürecin katsayıları doğrudan belirlenmiştir. Elde edilen sonucun doğruluğu ARMA sürecin spektrumu çizdirilerek sınanmıştır. SPGA ile kestirilen katsayılar için elde edilen spektrumun gerçek spektruma yakınsadığı gözlenmiştir.

1. Giriş

Genetik algoritma, doğal seleksiyon ve genetik bilimine dayanan bir optimizasyon tekniğidir. Algoritma, doğadan farklı olarak kuralları tanımlanmış olan seleksiyon ile evrilen sayılar popülasyonunu kullanarak optimizasyon yapar. Seleksiyon ve popülasyon ile optimizasyonda kullanılacak fonksiyonu minimum kılmaya çalışır [1]. Global bir optimizasyon yöntemi olan genetik algoritmanın günümüzde işaret işleme, görüntüleme, elektromagnetik, mikrodalga gibi konularda geniş bir uygulama alanı bulunmaktadır [2-5]. Genetik algoritma üzerinde yapılan yoğun çalışmalar, çok değişik yapılarının ortaya çıkmasına neden olmuştur. Değişkenlerin ikilik tabanda kodlandığı ikilik genetik algoritma (İGA) ile değişkenlerin onluk tabandaki değerlerinin alındığı sürekli parametrelili genetik algoritma (SPGA) en çok kullanılan iki çeşittir. İGA'dan farklı olarak SPGA için çaprazlama işlemi ikili sistem yerine ondalıklı sistemde yapılmaktadır [6]. Bu sayede kromozomlar her iterasyonda gerçek değerlerinden ikili sisteme dönüştürülmeden, doğrudan çaprazlanabilmektedirler. Böylece kuantalama hataları minimuma indirilirken, işlem sayısında da azalma olmaktadır. SPGA'da mutasyon işlemi de ondalık sistemde yapılmaktadır. Bunun için her kromozomda rastlantısal olarak seçilen herhangi bir parametrenin değeri ondalık sistemde rastlantısal olarak belirlenen yeni bir değerle değiştirilmektedir. Bu çalışmada SPGA ile 2-B ARMA sürecin katsayıları doğrudan belirlenmiştir

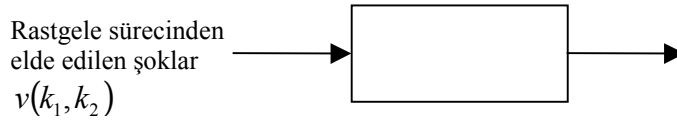
2. Genetik Algoritma

En temel genetik algoritma yapısı beş bileşenden oluşur. Bu yapılar sırasıyla rastgele sayı üretici, kullanılacak fonksiyon ile hesaplamanın yapıldığı ünite ve genetik operasyonlar için eş seçimi, gen değişimi ve mutasyondur. Genetik algoritma, değişkenlerden oluşan bireylerin (kromozomların) tanımlanmasıyla başlar. Optimizasyonu yapılacak N tane değişken var ise bir kromozomu N tane elemandan oluşan bir dizi olarak ele alabiliriz. Her kromozomun algoritmada kullanılan fonksiyon ile hesaplanan bir fitness değeri vardır. Algoritma bu değerleri minimum yapmağa çalışır. Değişkenlerin ve fonksiyonun tanımlanması ve değişkenlerin nasıl kodlanacağına karar verilmesinden sonra ilk popülasyonun yaratılması, değişkenlerin sütunlarını ve Nipop gibi bir sayının satırlarını belirlediği bir matrisin yaratılmasından ibarettir. Genetik operasyonlar için ilk popülasyondaki birey sayısı fazla gelmekte ve algoritmanın performansını azaltmaktadır. İterasyonlarda kullanılmak üzere ilk popülasyonun sahip olduğu kromozom sayısının yarısı kadar kromozoma sahip yeni bir matris elde edilir. Bu matris, ilk matristeki kromozomların fonksiyon ile hesaplanan değerlerine göre sıralanmasından sonra elde edilir. Bütün

iterasyonlarda, kromozom sayısı sabit kalacak bu matrislere sırayla birinci nesil, ikinci nesil , denilmektedir. İterasyonlara kalan nesil matrisleri, eş seçimi için kullanılacak ve elenecekler diye ikiye ayrıldıktan sonra genetik operatörlere geçilir. Eş seçimi için kullanılacak kromozomların oluşturduğu eşleşme havuzu isimli matrisden eş seçimi için kullanılacakların ikisi, iki yeni kromozom oluşturmak için seçilirler. Eşleşme, eş seçme ile belirlenen kromozomlardan yeni kromozomlar elde etme işlemine verilen isimdir. Anne ve babayı temsil eden iki kromozomdan iki yeni kromozom elde etmenin en yaygın yöntemi rastgele bir sayı ile belirlenen noktadan kesilerek ikiye ayrılması ve bu parçaların çapraz olarak değiştirilmesi ile gerçekleşmektedir. En son olarak mutasyon operatörü uygulanır. En basit mutasyon tekniği, populasyon matrisinin bir elemanın silinmesi ile yerine rastgele yaratılan bir değer konması ile suretiyle yapılandırılır. Mutasyon noktaları, iterasyona kalan matrisin rastgele olarak belirlenen noktalarına uygulanır. Yapılacak mutasyon sayısı, mutasyon oranı tarafından belirlenir. Genelde her iterasyonda, iterasyona kalan matristeki değişken sayısının sayısının %1 ile %7 ' si kadar mutasyon yapılır. Yeni oluşturulan kromozomların fitness değerleri hesaplanarak algoritma devam ettirilir. Yukarıda sayılan işlemler birinci nesile uygulanarak yeni nesil elde edilmektedir. Bu işlemler algoritmayı durdurma koşulu sağlanana kadar tekrar edilir. Durdurma işlemi ya bir iterasyon sayısı ile ya da sağlanması istenilen koşul ile gerçekleşir.

3. 2-B Arma Sistemler

Zaman serileri analizinde karşılaşılan en önemli problemlerden biri, geçmiş değerleri verilmiş durağan ayrık-zamanlı bir sürece ilişkin gelecek değerini öngörmektir.



Şekil 1. Stokastik model.

Şekil 1. de gösterildiği gibi, istatistiksel olarak bağımsız şokların doğrusal bir süzgeç girişine uygulanması ile, birbirleri ile yüksek derecede ilişkili gözlemlerden oluşan veri alanı $u(k_1, k_2)$ elde edilebilir. Bu şoklar genelde sıfır ortalamalı ve sabit değişimliliğe sahip bir gauss dağılımına ilişkin rastgele değişkenlerdir. $v(k_1, k_2)$ rastgele süreç oluşturur ve beyaz gauss gürültüsü olarak adlandırılır. Stokastik bir modele ilişkin giriş-çıkış ilişkisi:

$$\begin{array}{l} \text{model çıkışının o} \\ \text{anki değeri} \end{array} + \begin{array}{l} \text{model çıkışının geçmiş} \\ \text{değerlerinin doğrusal} \\ \text{bileşimi} \end{array} = \begin{array}{l} \text{model çıkışının o anki} \\ \text{ve geçmiş değerlerinin} \\ \text{doğrusal bileşimi} \end{array}$$

şeklinde tanımlanır. Üç farklı doğrusal stokastik süreç tanımlanabilir :

- i. Model girişine ait hiçbir geçmiş değer kullanılmadığı özbağımlı (AR) model,
- ii. Model çıkışına ait hiçbir geçmiş değer kullanılmadığı kayan ortalamalı (MA) modeller,
- iii. Model giriş ve çıkışına ait geçmiş değerlerin de kullanıldığı özbağımlı kayan ortalamalı (ARMA) modeller.

AR ve MA modeller ARMA modellerin özel durumudur. AR veya MA modeller ile çalışılırken bazı uygulamalar çok yüksek model derecesi kullanımını gerektirebilir. Transfer fonksiyonundaki bir kutup sonsuz sayıda sıfıra veya bir sıfır sonsuz sayıda kutuba karşı geldiğinden MA ya da ARMA modele yakınsamak için çok yüksek dereceli AR model kullanılması gerekir. Spektral domende ARMA sayısal süzgeçleri yoğunlaşma ve yayılmayı belirlerken, AR modeller sadece yoğunlaşmayı gösterebilirler. Bu nedenle, ARMA modelleme ile bir çok stokastik zaman serileri daha doğru şekilde modellenilebilirler. AR parametreleri Yule-Walker denklemleri olarak adlandırılan lineer denklem sisteminin çözümüyle elde edilebilir. Oysa MA ve ARMA parametrelerinin çözümü AR parametrelerine göre daha zordur: doğrusal olmayan denklem sistemlerinin çözümünü gerektirir. Bu nedenle AR süreçler daha yaygın uygulama alanı bulmuştur. 1-B işaretler için AR parametreleri değiştirilmiş Yule-Walker denklemlerinden doğrudan ya da en küçük kareler yöntemi ile elde edilir [7]. AR katsayıları kestirildikten sonra MA katsayılar, Durbin metodu gibi bir yöntem kullanılarak kestirilebilir. [8] 2-B ARMA model katsayılarının en küçük kareler yöntemi ile bulunması Cadzaw ve Agina [9] tarafından, AR ve MA

katsayıların değiştirilmiş Yule-Walker yöntemine dayalı olarak bulunması Zhang ve Cheng [7] tarafından gerçekleştirilmiştir. 2-B süreç için ARMA modeli,

$$u(k_1, k_2) + a_{1,0}^* u(k_1 - 1, k_2) + \dots + a_{M,M}^* u(k_1 - M, k_2 - K) = b_{0,0}^* v(k_1, k_2) + b_{1,0}^* v(k_1 - 1, k_2) + \dots + b_{K,K}^* v(k_1 - M, k_2 - K) \quad (1)$$

2-B fark denklemini sağlar. Burada $a_{1,0} \dots a_{M,K}$ ve $b_{1,0}, \dots, b_{M,K}$ sabitleri ARMA parametreleri olarak adlandırılır (a_i : AR özbağlanımlı, b_i : MA kayan ortalamalı). ARMA sürecin derecesi (M,K) olarak verilir. 2-B süreç için ARMA spektrumu denklem (2) ile hesaplanır. ($a_{0,0} = 1$)

$$P_x(e^{jw_1}, e^{jw_2}) = \frac{\left| \sum_{k_1=0}^{M-1} \sum_{k_2=0}^{K-1} b^*(k_1, k_2) e^{-jk_1 w_1} e^{-jk_2 w_2} \right|^2}{\left| 1 + \sum_{\substack{k_1=0 \\ k_2=0 \\ k_1=k_2 \neq 0}}^{M-1} \sum_{K-1} a^*(k_1, k_2) e^{-jk_1 w_1} e^{-jk_2 w_2} \right|^2} \quad (2)$$

4. SPGA ile 2-B Arma Sistem Tanımlama Örneği

SPGA ile hata matrisini karesel anlamda minimize eden 2-B ARMA süreç katsayıları belirlenmiştir. Hata, 2-B birinci derece ARMA sürecin çıkışından elde edilen veri matrisi $y(k_1, k_2)$ ile ARMA katsayıları SPGA ile belirlenen sürecin çıkış matrisi $y'(k_1, k_2)$ arasındaki farkın karesel ortalaması olarak tanımlanmıştır. SPGA ile hatanın değeri en aza indirmeye çalışılmıştır. İlk popülasyonda 196 tane kromozom yer almaktadır. İterasyon sayısı olarak 1000 alınmıştır. Gen değişimi için ağırlaştırılmış raslantısal eşleme yöntemi kullanılmıştır. Mutasyon sabiti ilk değer olarak 0.07 alınmış ve iterasyonlarda hataya bağlı olarak değiştirilmiştir. SPGA ile ARMA süreç katsayıları bulunmuştur. Çalışmada ARMA modelin transfer fonksiyonu olarak

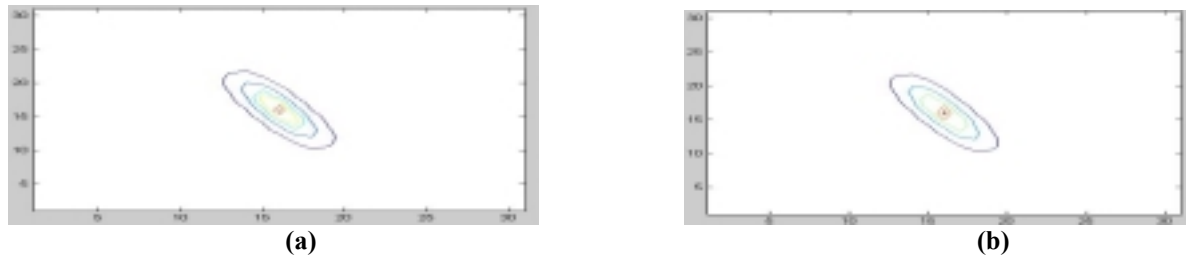
$$H(z_1, z_2) = \frac{Y(z_1, z_2)}{X(z_1, z_2)} = \frac{1 + b_1 z_1^{-1} + b_2 z_2^{-1} + b_3 z_1^{-1} z_2^{-1}}{1 + a_1 z_1^{-1} + a_2 z_2^{-1} + a_3 z_1^{-1} z_2^{-1}} \quad (3)$$

alınmıştır. Bağlıdaki $X(z_1, z_2)$ sistemin girişi, $Y(z_1, z_2)$ ise sistemin çıkışıdır. Gerçek katsayı değerleri ve SPGA ile hesaplanan değerler Tablo 1 de verilmiştir.

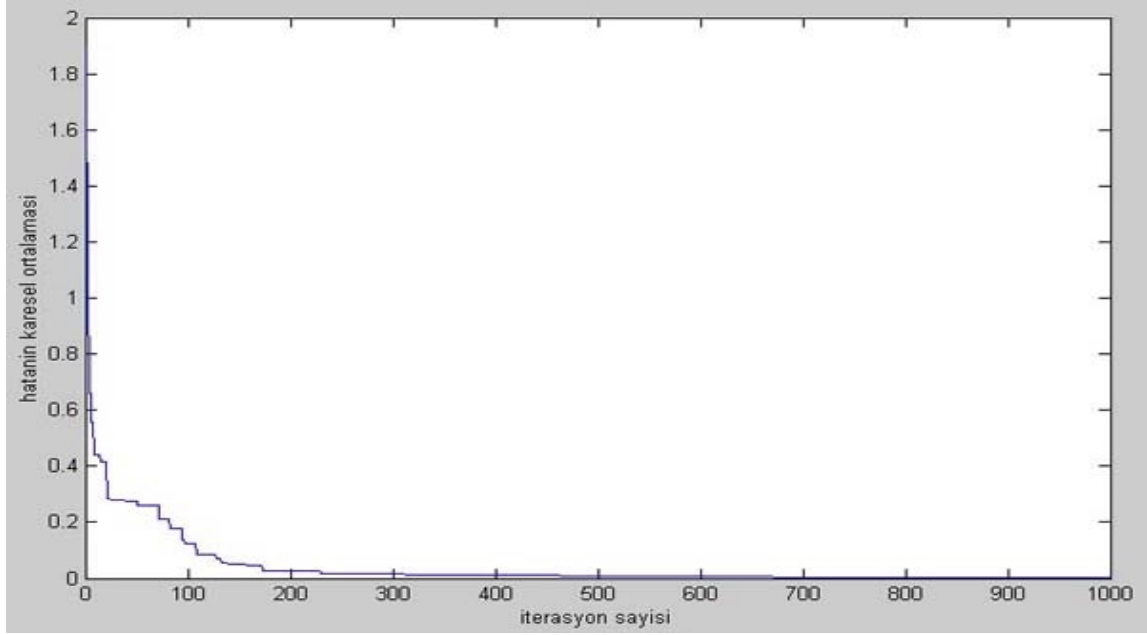
Tablo 1. Katsayı değerleri

| Katsayılar | a_1 | a_2 | a_3 | b_1 | b_2 | b_3 |
|------------------------------|--------|--------|--------|---------|--------|--------|
| Gerçek değerler | 0.5 | 0.1 | 0.25 | -0.25 | 0.6 | 0.3 |
| SPGA ile hesaplanan değerler | 0.4841 | 0.0864 | 0.2717 | -0.2847 | 0.6146 | 0.3043 |

SPGA ile kestirilen katsayılar için denklem (2) uyarınca Şekil 2b görülen ARMA spektrumu çizilmiştir. Kıyaslama amacı ile gerçek katsayılar kullanılarak Şekil 2a görülen ARMA spektrumu çizilmiştir. Şekil 3 de ise hatanın karesel ortalamasının iterasyon ile değişimi verilmiştir.



Şekil 2 (a) gerçek katsayılarla ait spektrum, (b) SPGA ile elde edilen katsayılarla ait spektrum.



Şekil 3. Hatanın iterasyon ile değişimi.

5. Sonuç

Literatürde kullanılan kompleks algoritmalara göre daha basit olan SPGA ile ARMA sürecin katsayıları kestirilmeye çalışılmıştır. Sonuçların test edilmesi amacı ile spektrum çizimine başvurulmuştur. SPGA ile kestirilen katsayılar için elde edilen spektrumun, gerçek katsayılar için çizilen spektruma yakınsadığı gözlenmiştir. Sürecin derecesi arttıkça ARMA katsayılarına yakınsama için geçen sürenin artmasına karşılık, yakınsama hızı yüksek genetik algoritmaların geliştirilmesiyle bu yaklaşım mevcut yöntemlere bir alternatif olacaktır.

Kaynaklar

- [1] J.H. Holland, 'Genetic Algorithms', Scientific American, sf. 44-50, July 1992.
- [2] K.S. Tang, K.F. Man, S.Kwang, Q.He, "Genetic Algorithms And Their Applications", IEEE Signal Processing Magazine, Vol.13, No.7, sf. 22-37, 1996.
- [3] D.S. Weile, E. Michielssen, "Genetic Algorithm Optimization Applied To Electromagnetics: A Review" , IEEE Trans. Antennas and Propagation, Vol.45, No.3, sf.343-353, 1997.
- [4] T.Günel, S.Kent, "An optimization Approach for the Synthesis of Microstrip Radial Stub", AEÜ International Journal of Electron. Commun., Vol.52, No.5, pp.337-340, 1998.
- [5] T. Günel, I. Erer, "Application Of Fuzzy Genetic Algorithm To The Problem Of Synthesizing Circular Microstrip Antenna Elements With Thick Substrates", AEÜ International Journal of Electron. Commun., Vol.56, sf.215-217, 2002.
- [6] R.L. Haupt, S.E. Haupt, Practical Genetic Algorithms, John-Wiley, New York, 1998.
- [7] X. Zhang, J. Cheng, "High Resolution Two-Dimensional ARMA Spectral Estimation", IEEE Trans. on ASSP, sf.765-770, Mart 1991.
- [8] S.M. Kay, Modern Spectral Estimation: Theory and Application, Prentice-Hall, 1987.
- [9] J.A. Cadzow, K. Agino, "Two Dimensional Spectral Estimation", IEEE Trans. on ASSP, sf. 396-401, Haziran 1981.