

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АЛГОРИТМ ПОСТРОЕНИЯ ПОТЕНЦИАЛЬНОЙ ФУНКЦИИ**Волченко Е.В.**Донецкий государственный институт искусственного интеллекта, г. Донецк
кафедра программного обеспечения интеллектуальных систем

E-mail: lm@etel.dn.ua

Abstract

Volchenko E.V. A genetic algorithm for potential function design. In given clause the technique of construction of a solving rule of likelihood system of recognition is considered by the modified method of potential functions. The method of definition of an opportunity of linear division of classes is described by a cardinal hyperplane. For linearly inseparable classes the genetic algorithm of construction of the potential function, based on likelihood construction of an initial population and a choice of an optimum set of genetic operators is offered. Comparison of results of work of the offered and classical methods of construction of the potential functions, estimating efficiency of use of genetic algorithm with preprocessing for a finding of decision function of trained system of recognition is resulted.

Введение

В статье [1] был предложен модифицированный детерминированный метод потенциальных функций. Его основу составляет новый метод уменьшения размера обучающей выборки путем объединения групп близкорасположенных объектов в мета-объекты, что позволяет, согласно проведенным экспериментальным исследованиям, существенно уменьшить время обучения и распознавания, сократить объем памяти для хранения обучающей выборки и при этом сохранить эффективность распознавания. Существенным недостатком модифицированного метода, на наш взгляд, является зависимость полученной потенциальной функции от порядка следования объектов в обучающей мета-выборке и, как следствие, невозможность управлять количеством слагаемых полученной функции с целью её сокращения. Этот недостаток, согласно [1, 2], обусловлен особенностями работы метода потенциальных функций [3], а именно, последовательным выбором объектов обучающей выборки. Возможным вариантом преодоления этих недостатков, на наш взгляд, является использование нерекуррентных методов обучения, которые позволяют одновременно рассматривать все объекты обучающей выборки. Одним из направлений такого подхода являются генетические алгоритмы.

Оптимизация работы систем распознавания являлась одной из первых задач, в которых применялись генетические алгоритмы. Так в работе [4] описывается реализация генетического алгоритма, формирующего решающее правило системы распознавания. Каждая хромосома, являющаяся возможным решением задачи, представляется в виде бинарного дерева последовательных решений. При распознавании происходит движение по одной из ветвей дерева от корня к листу, содержащему номер класса, к которому будет отнесен классифицируемый объект. Данный алгоритм является достаточно эффективным, однако процесс распознавания занимает значительное время за счет выполнения большого числа сравнений при движении по дереву, а представление хромосом в виде бинарных деревьев требует существенных ресурсов памяти. Недостатком данного алгоритма также является сложный процесс генерации новых хромосом, поскольку используемые мутации (добавление и удаление вершины, изменение структуры дерева, иерархии вершин) могут образовывать циклы, что является недопустимым для двоичных деревьев. В работе [5] описывается генетический алгоритм нахождения разделяющей гиперплоскости, выполняющий подбор её весовых коэффициентов. Однако результатом работы

описываемого алгоритма будет только одна гиперплоскость, разделяющая объекты двух классов в признаковом пространстве и минимизирующая количество неверно классифицируемых объектов. Это приводит к необходимости в дальнейшем выполнять алгоритм, находящий разделяющую функцию для неверно классифицированных объектов.

В данной работе в качестве решающей функции используется потенциальная функция, для построения которой используются генетические алгоритмы. В качестве обучающей выборки используется мета-выборка. Основными особенностями предложенного подхода являются:

- устранение зависимости построенной потенциальной функции от порядка следования объектов обучающей мета-выборки;
- минимизация количества слагаемых решающей функции;
- выполнение предобработки с целью определения необходимости запуска генетического алгоритма;
- построение начальной популяции хромосом генетического алгоритма с учетом положения мета-объектов обучающей мета-выборки в признаковом пространстве;
- уменьшение длины хромосом за счет одновременного вычисления двух фитнес-функций;
- выбор применяемых к хромосоме генетических операторов в зависимости от значения её фитнес-функции.

1 Постановка задачи

В данной работе рассматривается задача построения решающего правила обучающейся вероятностной системы распознавания методом потенциальных функций.

В качестве исходных данных задана некоторая обучающая классифицированная выборка объектов $W = \{\vec{W}_1, \vec{W}_2, \dots, \vec{W}_s\}$, каждый из которых относится к классу V_1 или V_2 . Каждый объект задан набором своих признаков $\vec{W}_i = \{w_{i1}, w_{i2}, \dots, w_{in}\}$, где w_{ij} - j -й признак i -ого объекта обучающей выборки.

В результате обучения необходимо найти такую разделяющую функцию (гиперплоскость) $y = f(W)$, которая по своему знаку определяет две области в n -мерном пространстве признаков:

$$\text{sign } y = \text{sign } f(W) = \begin{cases} +1, & \text{если } \vec{W}^i \in V_1 \\ -1, & \text{если } \vec{W}^i \in V_2 \end{cases},$$

где \vec{W}^i - распознаваемый объект.

Задача нахождения такой гиперплоскости методом потенциальных функций сводится, согласно [3], к рекуррентному построению функции вида

$$U(\vec{W}^i, W_k) = \sum_{m=1}^k U(\vec{W}^i, \vec{W}_m),$$

где W_k - множество из k объектов обучающей выборки, включенных в потенциальную функцию;

$$U(\vec{W}^i, \vec{W}_m) = \exp(-\alpha \cdot d^2), \quad d^2 = \|\vec{W}^i - \vec{W}_m\|^2;$$

α - параметр крутизны потенциальной функции, выбираемый эвристически.

Для оценки построенной потенциальной функции в [1] была введена мера $N(U(\vec{W}', W_k))$, равная количеству неверно классифицированных объектов обучающей выборки потенциальной функцией $U(\vec{W}', W_k)$. В качестве эталонного значения N_0 меры $N(U(\vec{W}', W_k))$ для оценки произвольной потенциальной функции было предложено рассчитывать количество неверно классифицированных объектов функцией, включающей в себя все объекты обучающей выборки $N(U(\vec{W}', W_s))$.

Очевидно, что время выполнения классификации прямо пропорционально числу k слагаемых функции $U(\vec{W}', W_k)$. Поэтому при решении задачи нахождения оптимальной разделяющей функции необходимо минимизировать это число без потери качества распознавания, т.е. должны выполняться следующие условия:

$$\begin{aligned} N(U(\vec{W}', W_k)) &= N_0; \\ k &\rightarrow \min. \end{aligned} \quad (1)$$

Введем двоичный вектор

$$\vec{X} = \{X[1], X[2], \dots, X[s]\},$$

где $X[i] = \begin{cases} 1, & \text{если } i\text{-й объект включен в потенциальную функцию;} \\ 0, & \text{иначе.} \end{cases}$

Тогда потенциальную функцию $U(\vec{W}', W_k)$ можно представить в виде:

$$U(\vec{W}', W_k) = U(\vec{W}', \vec{W}_1) \cdot X[1] + U(\vec{W}', \vec{W}_2) \cdot X[2] + \dots + U(\vec{W}', \vec{W}_s) \cdot X[s] = \sum_{m=1}^s (U(\vec{W}', \vec{W}_m) \cdot X[m]). \quad (2)$$

Преобразуем (2) в функцию вида

$$U(\vec{W}', W_k) = U(\vec{W}', \vec{W}_1) \cdot X[1] + U(\vec{W}', \vec{W}_2) \cdot X[2] + \dots + U(\vec{W}', \vec{W}_s) \cdot X[s],$$

где $U(\vec{W}', \vec{W}_i)$ - значение потенциала в точке признакового пространства, соответствующей i -ому объекту обучающей выборки.

Очевидно, что (2) является линейной псевдобулевой функцией

$$U(\vec{W}', W_k) = F(X[1], X[2], \dots, X[s]).$$

Задачей минимизации функции $U(\vec{W}', W_k)$ назовем задачу нахождения вектора значений $\{X[1], X[2], \dots, X[s]\}$, для которого выполняются условия (1). Для решения поставленной задачи применим генетические алгоритмы.

2 Описание методики построения потенциальной функции

Для простоты представления объектов обучающей выборки геометрически в виде точек, расположенных в пространстве признаков Π , следуя работе [1] примем, что каждый

объект обучающей выборки описывается двумя некоррелированными признаками w_1 и w_2 , а система распознавания имеет только два класса в составе алфавита.

Всевозможные расположения объектов такой обучающей выборки можно разделить на две группы:

- 1) классы обособлены в пространстве признаков (классы линейно разделимы), что соответствует рисунку 1;
- 2) классы не обособлены в пространстве признаков (классы пересекаются), что соответствует рисунку 2.

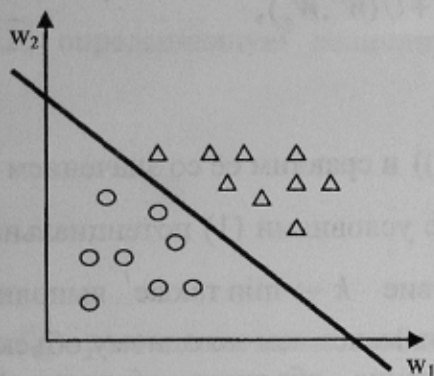


Рисунок 1

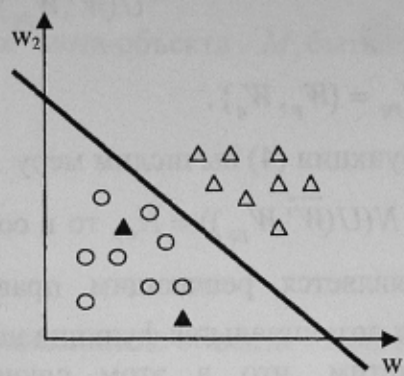


Рисунок 2

Согласно [6], если классы обособлены, то они могут быть разделены одной из бесчисленного множества разделяющих гиперплоскостей. В противном случае для нахождения решающего правила необходимо построить множество гиперплоскостей, в совокупности представляющих одну решающую функцию.

Поэтому для нахождения решающей функции построим сначала одну гиперплоскость Γ и определим, может ли она верно классифицировать все объекты обучающей выборки, а затем, в случае неверной классификации некоторых объектов, продолжим её уточнение.

В следующем разделе предложим метод нахождения такой гиперплоскости Γ , а в последующих разделах – генетический алгоритм для её уточнения.

2.1 Нахождение кардинальной пары

Для нахождения гиперплоскости Γ определим расстояния между всеми парами объектов двух классов исходной обучающей выборки

$$r_{ij} = \|\overline{W}_i - \overline{W}_j\|, \tag{3}$$

где $\overline{W}_i \in V_1, i = 1, |V_1|, |V_1|$ - мощность класса V_1 ;

$\overline{W}_j \in V_2, j = 1, |V_2|, |V_2|$ - мощность класса V_2 .

Найдем пару объектов $(p, q) : p \in V_1, q \in V_2$, расстояние между которыми минимально

$$(p, q) = \arg \arg \min_{i, j} r_{ij},$$

где $i = 1, |V_1|, j = 1, |V_2|$.

Такое расстояние в [7], называется расстоянием Хаусдорфа.

Пару объектов (p, q) обучающей выборки, находящихся друг от друга на расстоянии Хаусдорфа, назовем *кардинальной парой*.

Очевидно следующее.

Утверждение. Если плоскость является разделяющей для линейно разделимых классов, то она проходит между объектами кардинальной пары.

Плоскость Γ , разделяющую два класса объектов и проходящую между объектами кардинальной пары, назовем *кардинальной гиперплоскостью*.

Построим потенциальную функцию (кардинальную гиперплоскость Γ), в которую включим два объекта кардинальной пары

$$U(\vec{W}, W_{pq}) = U(\vec{W}, \vec{W}_p) + U(\vec{W}, \vec{W}_q), \quad (4)$$

где $W_{pq} = \{W_p, W_q\}$.

Для функции (4) вычислим меру $N(U(\vec{W}, W_{pq}))$ и сравним её со значением N_0 .

Если $N(U(\vec{W}, W_{pq})) = N_0$, то в соответствии с условиями (1) потенциальная функция $U(\vec{W}, W_{pq})$ является решающим правилом (условие $k \rightarrow \min$ также выполняется, т.к. произвольная потенциальная функция не может иметь менее чем по одному объекту каждого класса). Заметим, что в этом случае расположение объектов обучающей выборки соответствует рисунку 1 и алгоритм на этом этапе заканчивается, а потенциальная функция (4) может быть использована для распознавания.

Если $N(U(\vec{W}, W_{pq})) > N_0$, то классы не могут быть разделены одной гиперплоскостью Γ и необходимо дальнейшее уточнение разделяющей функции, которое опишем в следующем разделе.

2.2 Генетический алгоритм построения потенциальной функции

В разделе 1 было показано, что нахождение потенциальной функции соответствует нахождению двоичного вектора $\vec{X} = \{X[1], X[2], \dots, X[s]\}$. Это означает, что для решения поставленной задачи достаточно реализации простого генетического алгоритма [8] с хромосомами, представленными в виде двоичных векторов. На основе изучения особенностей задачи нерекуррентного построения потенциальной функции ниже предложено несколько существенных модификаций генетического алгоритма, а именно: вероятностное упорядоченное формирование хромосом начальной популяции, расчет двух фитнес-функций хромосом [9], выбор генетических операторов в зависимости от значения фитнес-функции хромосом. При этом будем использовать обучающую мета-выборку, состоящую из мета-объектов, методика формирования которой приведена в [1].

2.2.1 Особенности формирования хромосом

По результатам выполнения пункта 2.1 искомая потенциальная функция содержит два слагаемых, соответствующих объектам кардинальной пары. Поскольку в качестве исходных данных для генетического алгоритма используется не исходная обучающая выборка, а мета-выборка, то заменим пару объектов (p, q) парой мета-объектов (Mp, Mq) , в которые были соответственно включены исходные объекты p и q . Таким образом любая потенциальная функция, полученная по результатам работы генетического алгоритма, будет содержать слагаемые $U(\vec{W}, MW_p)$ и $U(\vec{W}, MW_q)$. Используя метод расчета двойной фитнес-функции, описанный в [9], удалим из мета-выборки мета-объекты Mp и Mq . Тогда хромосома генетического алгоритма будет содержать $mn - 2$ гена, где mn - количество мета-объектов обучающей мета-выборки.

2.2.2 Формирование начальной популяции

Согласно результатам исследований, представленных в работах [2, 7], каждый из объектов обучающей выборки с различной вероятностью может влиять на формирование решающей функции. Это объясняется тем, что удаленные от межклассовой границы обучающие объекты после части выполненного обучения, использовавшего уже объекты из области, близкой к границе между классами, не участвуют в корректировке решающей функции. Для вычисления этих вероятностей выполним следующие операции. Для каждого мета-объекта обучающей мета-выборки, следуя работе [6], введем характеристику R_i , $i = 1, mn - 2$, определяющую величину риска для мета-объекта M_i быть распознанным неверно

$$R_i = \frac{r_{in}}{r_{out}},$$

где r_{in} - расстояние от мета-объекта M_i до ближайшего объекта «своего» класса;

r_{out} - расстояние от мета-объекта M_i до ближайшего объекта «чужого» класса.

Упорядочим мета-объекты по убыванию рисков R_i . В результате получим распределение рисков для упорядоченной мета-выборки.

Рассчитаем вероятности неверной классификации

$$P_i = \frac{R_i}{\sum_{j=1}^{mn-2} R_j}.$$

Получим функцию распределения вероятностей неверной классификации

$$F_i = \sum_{j=1}^i P_j.$$

Используя эту функцию, выполним генерацию начальной популяции генетического алгоритма. В отличие от классического метода формирования хромосом, когда для каждого гена определяется его значение, использование функции распределения вероятностей позволяет получить значения всех генов хромосомы за один шаг. Для этого выберем случайное вещественное число $\gamma \in [0,1]$ и определим максимальное число k , для которого выполняется условие

$$k = \max_{1 \leq i \leq mn-2} i : \gamma < F_i.$$

Тогда при генерации очередной хромосомы первые k генов установим равными единице, а остальные – нулю.

В качестве иллюстрации приведем пример начальной популяции, которая может быть сформирована по предложенному здесь подходу:

$$\begin{aligned}
 X_1 &= \{1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0\} \\
 X_2 &= \{1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0\} \\
 X_3 &= \{1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0\} \\
 X_4 &= \{1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0\}.
 \end{aligned}$$

Далее опишем работу генетического алгоритма.

2.2.3 Выбор генетических операторов и фитнес-функции алгоритма

Согласно постановке задачи в результате работы генетического алгоритма должна быть найдена потенциальная функция, определяющая соответствие некоторой хромосомы условиям (1). Поэтому, исходя из того, что фитнес-функция должна отражать соответствие хромосомы поставленной задаче, очевидно использование в качестве фитнес-функции выражения, состоящего из двух слагаемых, соответствующих поставленным условиям (1). Однако проведенные исследования по выбору вида фитнес-функции показали, что одновременный учет количества слагаемых k и количества неверно классифицированных объектов потенциальной функцией, построенной по некоторой хромосоме, не позволяет получать в генетическом алгоритме оптимальные решения. Исходя из этого, нами была предложена следующая схема учета условий (1).

В качестве фитнес-функции генетического алгоритма будем использовать количество неверно классифицированных объектов хромосомой X_i :

$$FF(X_i) = N(U(\overline{W}^1, MW(X_i))),$$

где $MW(X_i)$ - множество мета-объектов, для которых $X_i[j] = 1, j = \overline{1, mn}$.

При генерации новых популяций в генетическом алгоритме будем использовать стратегию элитизма, согласно которой будем переносить в создаваемую новую популяцию одну хромосому из текущей популяции без применения генетических операторов. Выбор такой хромосомы будем осуществлять среди всех хромосом текущей популяции, имеющих максимальную фитнес-функцию. Хромосомой, которая перейдет в следующую популяцию без применения генетических операторов, будем считать хромосому, имеющую минимальное количество слагаемых. Таким образом, предложенная схема позволяет получать решения, соответствующие условиям (1).

В качестве контрольной выборки, по которой выполняется расчет фитнес-функций хромосом, будем использовать исходную обучающую выборку.

Исходя из особенностей решаемой задачи, для нашего алгоритма представляется естественным выбрать следующие генетические операторы:

- выбор родительских хромосом осуществляется с помощью турнирного отбора, позволяющего с одной стороны учитывать значения фитнес-функций хромосом, а с другой стороны вносить в выбор случайность за счет случайного выбора одной хромосомы из нескольких возможных;
- одноточечный кроссинговер, формирующий потомка из двух родительских хромосом;
- парная мутация, меняющая местами два выбранных гена в хромосоме;
- циклический сдвиг, согласно которому значение i -ого бита присваивается $i-1$ биту для $i = \overline{1, n}$, а n -ому биту присваивается значение 1-ого бита;

— понижающая мутация, которая меняет значение выбранного единичного гена на нулевое, что позволит уменьшать количество слагаемых искомой потенциальной функции (этот оператор применяется, когда рассматриваемая хромосома верно классифицирует все объекты обучающей выборки);

— повышающая мутация, которая меняет значение выбранного нулевого гена на единичное, что позволит увеличивать количество слагаемых искомой потенциальной функции (этот оператор применяется, когда рассматриваемая хромосома неверно классифицирует некоторые объекты обучающей выборки).

Заметим, что выбор парной мутации и циклического сдвига основан на том, что эти генетические операторы не изменяют длины хромосомы, а только изменяют мета-объекты, из которых состоит потенциальная функция, построенная по этой хромосоме. Выбор повышающей и понижающей мутаций влияет именно на длину потенциальной функции, что также является необходимым при решении поставленной задачи. В совокупности эти четыре генетических оператора и позволяют получать решения, удовлетворяющие условиям (1).

Завершение работы генетического алгоритма происходит при выполнении одного из следующих условий:

1) потенциальная функция, построенная по некоторой хромосоме, содержит только два мета-объекта и верно классифицирует все объекты исходной обучающей выборки;

2) создано заданное количество популяций генетического алгоритма.

3 Экспериментальные результаты

Предложенный выше подход к построению потенциальной функции средствами генетических алгоритмов с анализом возможности линейного разделения классов кардинальной гиперплоскостью был реализован программно. Для оценки его эффективности использовалась обучающая выборка, значения признаков объектов которой распределены по нормальному закону, который достаточно распространен в прикладных задачах.

При проведении экспериментов оценивались количество слагаемых потенциальной функции k и количество неверно классифицированных объектов исходной обучающей выборки $N(U(\overline{W}^1, W_k))$, что соответствует условиям (1).

Для проведения сравнительного анализа эффективности применения предложенного в данной статье подхода при построении решающей функции $U(\overline{W}^1, MW(X))$ использовались результаты построения решающих функций простым методом потенциальных функций по исходной обучающей выборке $U(\overline{W}^1, W_k)$ и модифицированным методом потенциальных функций по мета-выборке $U(\overline{W}^1, MW_{mk})$, которые были приведены в статье [1].

При проведении испытаний использовались обучающие выборки длиной 200-1000 объектов. Все значения, приведенные далее, являются средними по 20 проведенным экспериментам. При оценке решающих функций для различной площади пересечения классов рассматривались ситуации, когда классы пересекаются не более чем на 50%. Для непесекающихся классов рассматривалось две ситуации: классы расположены близко друг к другу, классы существенно удалены друг от друга.

Для проведения испытаний использовались следующие параметры генетического алгоритма:

- количество хромосом в популяции 200;
- максимальное количество поколений алгоритма 100;
- вероятности парной, понижающей и повышающей мутаций 1;
- вероятность циклического сдвига 0,1.

В таблице 1 приведена зависимость длины решающей функции и количества неверно классифицированных объектов обучающей выборки от её длины для близкорасположенных,

но не пересікаються класов. В таблиці 2 приведена залежність довжини розв'язуючої функції і кількості невірно класифіцированих об'єктів від площі пересічення класов в ознаковому просторі при розмірі навчальної вибірки 1000 об'єктів (по 500 об'єктів кожного з класов).

Аналіз приведених в таблицях 1 і 2 результатів експериментів показує, що для будь-якого розміру навчальної вибірки і площі пересічення класов довжина розв'язуючої функції $U(\bar{W}', MW(X))$ в середньому на 30% менше довжини $U(\bar{W}', W_k)$ і на 5% більше $U(\bar{W}', MW_{mk})$. При цьому кількість невірних класифікацій об'єктів вихідної навчальної вибірки функцією $U(\bar{W}', MW(X))$ на 70% менше $N(U(\bar{W}', W_k))$ і на 60% менше $N(U(\bar{W}', MW_{mk}))$. Для непересікаються в ознаковому просторі класов в 55% випадків була знайдена кардинальна гіперплощина і генетический алгоритм не виконувався.

Таблиця 1. Залежність довжини потенціальної функції і кількості невірно класифіцированих об'єктів навчальної вибірки від її довжини

Розмір навчальної вибірки	Метод потенціальної функції, реалізований по вихідній вибірці		Метод потенціальної функції, реалізований по мета-вибірці		Генетический алгоритм, реалізований по мета-вибірці	
	k	$N(U(\bar{W}', W_k))$	mk	$N(U(\bar{W}', MW_{mk}))$	$mk(X)$	$N(U(\bar{W}', MW(X)))$
200	3,62	0,55	2,45	0,47	2,61	0
400	4,91	0,85	2,65	0,81	2,77	0
600	5,57	1,12	3,73	1,07	3,94	0
800	6,34	1,18	4,51	1,08	4,19	0
1000	7,79	1,25	4,75	1,1	5,06	0

Таблиця 2. Залежність довжини потенціальної функції і кількості невірно класифіцированих об'єктів навчальної вибірки від площі пересічення класов

Площа пересічення класов, %	Метод потенціальної функції, реалізований по вихідній вибірці		Метод потенціальної функції, реалізований по мета-вибірці		Генетический алгоритм, реалізований по мета-вибірці	
	k	$N(U(\bar{W}', W_k))$	mk	$N(U(\bar{W}', MW_{mk}))$	$mk(X)$	$N(U(\bar{W}', MW(X)))$
Класи суттєво обособлені	3,1	0,5	2,1	0,1	6,7	0
0	7,8	1,25	4,75	1,1	6,2	0
10	13,6	3,4	8,9	3,1	9,4	0,35
20	23,4	5,75	15,5	5,3	16,7	0,85
30	45,6	13,5	34,3	12,3	39,5	4,7
40	74,2	30,8	59,3	26,6	64,3	14,1
50	130,1	55,4	104,2	47,6	117,8	32,6

При дослідженні особливостей роботи генетического алгоритму було отримано, що умова $N(U(\bar{W}', W_k)) = N_0$ виконується на перших кроках роботи алгоритму. Фактично ж вся робота генетического алгоритму свелася до мінімізації довжини потенціальної функції. На малюнку 3 наведено типовий приклад залежності кількості складових потенціальної функції від номера покоління генетического алгоритму. Таким чином, можна стверджувати, що використання мета-вибірки і запропонованого методу формування початкової популяції дозволяє на перших кроках отримати оптимальну за якістю розпізнавання потенціальної функції, а генетический алгоритм за рахунок вибраного набору генетических операторів дозволяє мінімізувати її довжину.

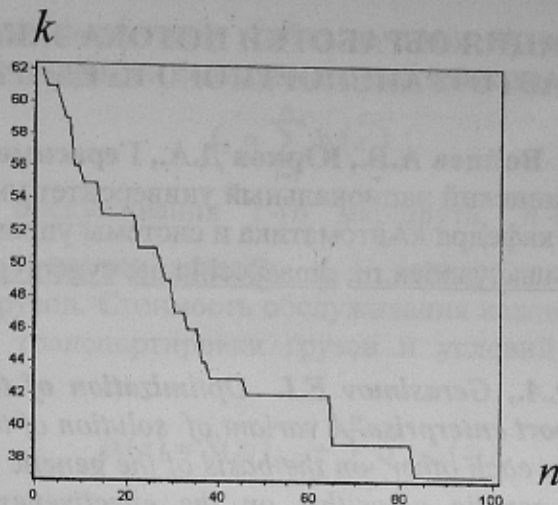


Рисунок 3 – Залежність кількості слагаємих потенціальної функції від номера покоління генетического алгоритма

Выводы

В настоящей работе предложена методика построения решающего правила обучающейся системы распознавания по модифицированному методу потенциальных функций. Для определения возможности линейного разделения классов было предложено использовать кардинальную гиперплоскость. Для нахождения потенциальной функции в случае линейной неразделимости классов был предложен генетический алгоритм, особенностями которого являются вероятностное построение начальной популяции и выбор набора генетических операторов, что позволило не только получить оптимальную по качеству распознавания потенциальную функцию, а и минимизировать её длину. Проведенные эксперименты показали преимущества предложенного подхода по сравнению с простым методом потенциальных функций, реализованным как по исходной обучающей выборке, так и по мета-выборке.

Автор благодарен И.С. Грунскому за ряд полезных замечаний, способствовавших улучшению статьи.

Литература

1. Е.В. Волченко Модифицированный метод потенциальных функций// Бионика интеллекта, 2006, №1(64) С. 86-92
2. Жук А.В. Обучаемые классификаторы в статистических испытаниях// Искусственный интеллект, 2005, №1 –с.168-179
3. Айзерман М.А., Браверман Э.М., Розоноэр Л.И. Метод потенциальных функций в теории обучения машин. – М.: Наука, 1970. – 384 с.
4. Букатова Л.И. Эволюционное моделирование: идеи, основы теории, приложения. – М.: Знание, 1981. – 64с. – (Новое в науке и технике. Сер. «Математика, кибернетика»; № 10).
5. Haleh Vafaie, Kenneth de Jong Genetic algorithms as a tool for restructuring feature space representations. - Computer science department George Mason University Fairfax, 1997.
6. Горелик А.Л., Скрипкин В.А. Методы распознавания. Учебное пособие для вузов. – М.: Высшая школа, 1977. – 222 с.
7. Загоруйко Н.Г. Прикладные методы анализа знаний и данных. – Новосибирск: Издательство института математики, 1999. – 270 с.
8. Goldberg D.E. Genetic algorithms in search, optimization and machine learning. - Addison-Wesley Reading, MA, 1989.
9. Е.В.Волченко Генетический алгоритм бисекции графов// Искусственный интеллект, 2007, №1 С. 232-236.