

UN ALGORITMO GENETICO MULTI-OBJETIVO PARA DISEÑO INICIAL DE REDES DE SENSORES

Jessica A. Carballido, Ignacio Ponzoni, Nélica B. Brignole

Grupo de Investigación y Desarrollo en Computación Científica
Departamento de Ingeniería y Ciencias de la Computación
Universidad Nacional del Sur
Av. Alem 1253 – 8000 - Bahía Blanca
ARGENTINA

Grupo de Ingeniería de Sistemas de Procesos
Planta Piloto de Ingeniería Química (PLAPIQUI)
Universidad Nacional del Sur - CONICET
Complejo CRIBABB – Camino La Carrindanga km 7 – CC 717 - Bahía Blanca
ARGENTINA

jcarballido@plapiqui.edu.ar ; ip@cs.uns.edu.ar ; dybrigno@criba.edu.ar

Palabras clave: Diseño de Redes de Sensores, Algoritmos Genéticos, Optimización Multi-Objetivo, Criterio de Convergencia.

Resumen. *En este trabajo se presenta un nuevo criterio de convergencia genotípico para un Algoritmo Genético Multi-Objetivo (AGMO), el cual encuentra una configuración inicial de sensores para diseño de instrumentación de plantas de procesos. Esta inicialización tiene un fuerte impacto en la eficiencia del Análisis de Observabilidad, etapa clave en el diseño de instrumentación. El nuevo criterio de convergencia es fundamental para la aplicación del AGMO a problemas industriales, típicamente de gran escala. Los resultados obtenidos fueron muy satisfactorios, por lo cual se recomienda la aplicación del AGMO en casos reales.*

1 INTRODUCCION

Una de las disciplinas dentro de las ciencias de la computación con más fuerte expansión en las últimas décadas ha sido la Computación Evolutiva (CE)^{1,2,3}. Esta comprende distintos enfoques de simulación de la evolución, entre otros los Algoritmos Genéticos (AGs), las estrategias evolutivas y la programación evolutiva. Todos ellos tienen en común la reproducción (cruzamiento), modificaciones aleatorias (mutación), competencia y selección de individuos que rivalizan en una población.

En particular, los AGs son métodos de búsqueda que utilizan operadores inspirados en la genética natural. En términos generales, los AGs resultan robustos, eficientes y eficaces en problemas de optimización complejos, aunque también poseen otras áreas de aplicación tales como tareas de planificación (routing, scheduling, packing, etc), diseño, simulación e identificación, control y clasificación¹.

Los AGs procesan una población de individuos que representan a las potenciales soluciones del problema. Esta población evoluciona con cada nueva generación hasta que en la última se alcanza la solución. El proceso emplea tres operadores básicos: *selección*, *cruzamiento* y *mutación*. El operador de selección favorece la supervivencia de aquellos individuos con mejores características. Por otro lado, los operadores de mutación y cruzamiento crean nuevos individuos conformados con parte del código genético de sus padres, a fin de recorrer regiones aún no exploradas.

Por su eficiencia y eficacia en problemas de optimización complejos, se decidió utilizar un AG Multi-Objetivo (AGMO) para encontrar la configuración inicial de sensores. En la sección 2 de este artículo se explica el Análisis de Observabilidad (AO), mientras que la vinculación entre los AGMOs y el Diseño de Redes de Sensores (DRS) se introduce en la sección 3. Luego, en la sección 4, se presenta en detalle nuestro AGMO para DRS. Los casos de estudio, junto con los resultados obtenidos, se reportan en la sección 5. Finalmente, en la sección 6 se resumen las conclusiones.

2 ANALISIS DE OBSERVABILIDAD

El objetivo del DRS es determinar qué instrumentos de medición deben ubicarse dentro de la planta, a fin de obtener un buen conocimiento del funcionamiento de la misma. Esta tarea implica determinar no sólo los equipos y corrientes sobre los cuales deben colocarse sensores, sino también sus tipos (por ejemplo, sensores de caudal, temperatura, presión, etc).

Uno de los enfoques más empleados para llevar adelante esta tarea se basa en la construcción y análisis de modelos matemáticos. Estos modelos están formados por sistemas de ecuaciones algebraicas no lineales, las cuales representan el funcionamiento de la planta de procesos. El estudio comienza con la definición de una configuración inicial de instrumentación, establecida por un ingeniero con acabado conocimiento del proceso que se está modelando. Sobre la base de este primer diseño, el conjunto de variables que contiene el modelo puede ser particionado en dos subcategorías:

- variables medidas, integrada por todas las variables cuyo valor se conocerá directamente a través de los sensores incluidos en la configuración inicial de instrumentación, y
- variables no medidas, subconjunto formado por las restantes variables del modelo.

Establecida esta primera clasificación, el primer interrogante que se plantea es saber cuáles de las variables no medidas podrán ser calculadas a través de las mediciones y ecuaciones del modelo (variables observables), y cuáles no. Esto permitirá establecer el grado de conocimiento que se tendrá del proceso, con la configuración de instrumentos definida inicialmente. A este tipo de estudio se lo conoce como AO.

En función de los resultados alcanzados por el AO, el ingeniero podrá decidir modificar la configuración de instrumentación propuesta inicialmente. De esta forma, podrá volver observables aquellas variables no medidas que no pueden ser calculadas con los sensores ya ubicados. Esto hace que la tarea de diseñar la instrumentación de una planta se vuelva un proceso iterativo, tal como se esquematiza en la Figura 1.

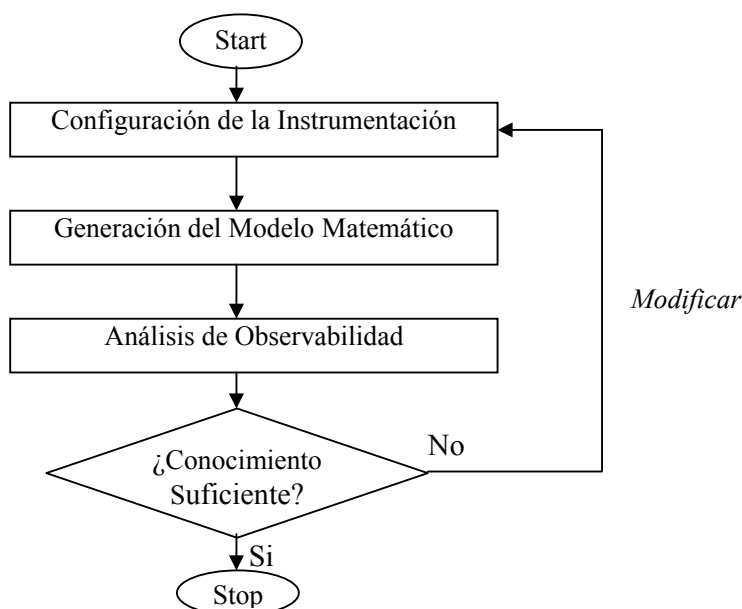


Figura 1: Ciclo del Análisis de Observabilidad

Hay varios criterios que guían el desarrollo del ciclo de análisis de observabilidad. Uno de ellos, consiste en alcanzar el mayor nivel de conocimiento sobre el funcionamiento de un proceso industrial con la menor cantidad posible de instrumentación. Otras metas de interés son la minimización de costos y maximización de los niveles de confiabilidad y seguridad.

Existen varios métodos para efectuar esta tarea^{4,5,6}. Una revisión crítica de las bondades y limitaciones de cada técnica es presentada por Ponzoni *et al.*⁷. De las conclusiones de dicho trabajo se extrae que, de todos los enfoques utilizados, los algoritmos estructurales proveen la mejor alternativa. Esto se debe a que permiten una mayor independencia del grado de no linealidad del modelo matemático que representa el comportamiento de la planta.

El desarrollo de los métodos estructurales para análisis de observabilidad parte de la técnica propuesta por Romagnoli y Stephanopoulos⁸, la cual está estrechamente vinculada con el algoritmo de determinación de orden de precedencia desarrollado por Stadtherr *et al.*⁹. Este

método construye una matriz de ocurrencia $\mathbf{O} = [\mathbf{N}|\mathbf{M}]$ cuyas primeras columnas corresponden a las variables no medidas del modelo (submatriz \mathbf{N}), ubicando las mediciones en las últimas columnas (submatriz \mathbf{M}). Esta matriz de ocurrencia es binaria, siendo $O_{ij} = 1$ si la ecuación i -ésima contiene a la variable j -ésima, y $O_{ij} = 0$ en caso contrario. Luego se efectúa un particionamiento de la submatriz \mathbf{N} que permite categorizar las variables no medidas. El reordenamiento estructural obtenido se muestra en la Figura 2, donde los bloques sombreados indican los sectores que pueden contener elementos no nulos.

El procedimiento clasifica las variables no medidas (correspondientes a las primeras nm columnas) en observables y no observables, es decir, reordena la submatriz \mathbf{N} de $(a+r+na) \times nm$. Una ecuación es asignada a cada variable observable, por lo tanto, en el patrón de reordenamiento, $a = o$. El algoritmo obtiene una submatriz de orden a con una forma triangular inferior en bloques específica, cuyos bloques sobre la diagonal son cuadrados y pueden ser resueltos secuencialmente. Cada uno de estos bloques se denomina subconjunto de asignación. Tal como se observa en la Figura 2, el subconjunto de ecuaciones redundantes r comprende algunas ecuaciones que dependen de variables observables y medidas (filas rom), mientras que las restantes son función de las mediciones únicamente (filas rm). Por último, las filas correspondientes a na están asociadas a las ecuaciones que contienen variables no observables.

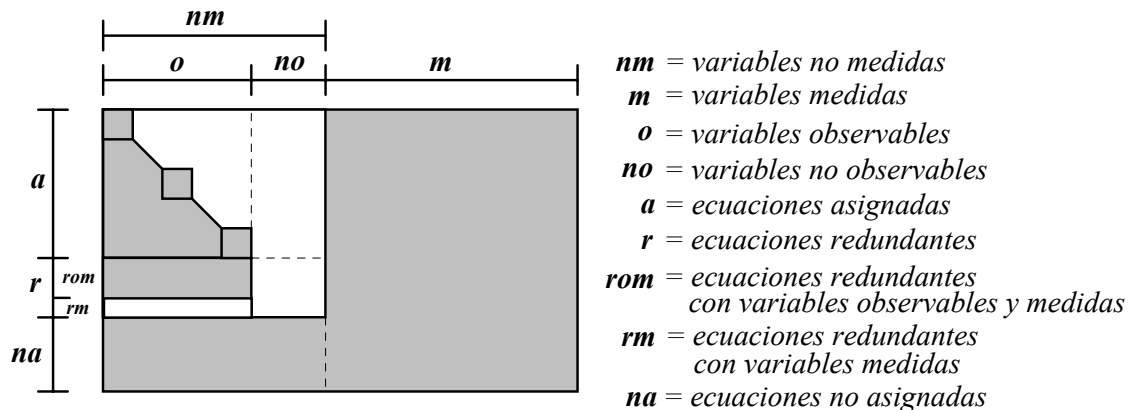


Figura 2: Matriz de ocurrencia reordenada obtenida por Romagnoli y Stephanopoulos

3 AGMO PARA DRS

La cantidad de iteraciones requeridas para lograr la convergencia del AO depende fuertemente del tipo de inicialización que recibe. Debido a que cada corrida del AO es altamente costosa en cuanto a tiempo de cómputo, es deseable minimizar el número de iteraciones. Mejorar la configuración inicial de los instrumentos puede reducir de manera sustancial tal cantidad. En el presente, no existen algoritmos para obtener una inicialización óptima, y por esto son los ingenieros los que eligen los sensores de acuerdo a su experiencia y

conocimientos. Sin embargo, sería útil contar con una herramienta automatizada para dar soporte en esta tarea.

El problema de encontrar una buena configuración de instrumentos para una planta industrial persigue varios objetivos. En general se puede formular el problema como la tarea de “ubicar los sensores de una forma adecuada para lograr un máximo conocimiento de la planta con la mínima cantidad de instrumentos”. Pero al ahondar en las características del problema surgen nuevas metas, tales como costo y confiabilidad, convirtiéndolo en un Problema Multi-Objetivo (PMO).

Diversas áreas de investigación han abordado la cuestión de resolver PsMO. Entre las técnicas estocásticas desarrolladas para tal fin, la más comúnmente usada son los Algoritmos Genéticos Multi-Objetivo (AGMOs). Su frecuente utilización en PsMO se debe básicamente a que tratan con varias posibles soluciones en forma simultánea, y por tal motivo constituyen el enfoque elegido para nuestras investigaciones.

4 METODOLOGIA

4.1 Algoritmo Genético Multi-Objetivo

La entrada para el AGMO es la matriz de ocurrencia, construida a partir del modelo matemático del estado estacionario de la planta. Las filas y columnas de dicha matriz corresponden a las ecuaciones y variables del modelo, respectivamente. El AGMO también necesita información acerca del costo y confiabilidad de los sensores para medir cada una de las variables. Estos datos se encuentran almacenados en dos vectores N-dimensionales, donde N es la cantidad total de variables en el modelo.

4.2 Representación genética

Los genotipos de los individuos son cadenas binarias que representan posibles configuraciones, como se muestra en la Figura 3.

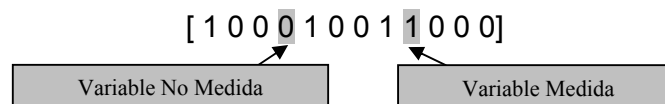


Figura 3: Interpretación del genotipo

La longitud de estas cadenas es N. Dado que la representación de los individuos es la clásica, también se mantienen los operadores clásicos de cruzamiento y mutación.

4.3 Función de aptitud

El objetivo del algoritmo es encontrar el individuo que presente el mejor compromiso entre costo, confiabilidad y observabilidad. Luego, existe un “*trade-off*” entre tres funciones objetivo:

$$\text{Min Costo } (i) = \text{Min } C (i)$$

$$\begin{aligned} \text{Max Confiabilidad } (i) &= \text{Max } R(i) \\ \text{Max Observabilidad } (i) &= \text{Max } Obs(i) \end{aligned}$$

En el resto de esta sección se explicará como se calcula cada una de estas funciones, asumiendo que O es la matriz de ocurrencia, cv y cr son los vectores de costo y confiabilidad respectivamente, e i es un individuo. Finalmente, se explicará el enfoque de agregación¹¹, el cual permite combinar todos los objetivos obteniendo un único valor para la función de aptitud.

4.3.1 Término de costo

El costo total asociado a un individuo es la suma de los valores de los elementos en cv que corresponden a posiciones no nulas en i .

$$C(i) = \sum_{j=1}^N (cv[j] * i[j]) \quad (1)$$

4.3.2 Término de confiabilidad

Siguiendo el mismo razonamiento,

$$R(i) = \sum_{k=1}^N (rv[k] * i[k]) \quad (2)$$

4.3.3 Término de observabilidad

En este caso, el valor buscado no se calcula de una forma tan directa como en los anteriores. Su estimación se basa en una operación matemática denominada Triangularización Hacia Adelante (THA). El algoritmo que la implementa recibe como datos de entrada al individuo i y la matriz O , y retorna el numero de variables cuyos valores se pueden conocer mediante la resolución de pequeños modelos de ecuaciones con las mediciones definidas en i . Este procedimiento involucra los siguientes pasos:

- 1- Definir un clon m a partir del individuo i .
- 2- Utilizando m como máscara, buscar la primer fila en O que contenga solo un elemento no nulo en las posiciones en que m tenga cero. En otras palabras, encontrar la primer ecuación en el modelo que contiene solamente una variable no medida según la configuración definida en i .
- 3- Indicar esa posición en la máscara seteando dicha posición a uno.
- 4- Repetir los pasos 2 y 3 hasta que en un recorrido completo de O no se haya modificado m .
- 5- $THA(i) = \text{cantidad de no nulos en } m - \text{cantidad de no nulos en } i$.

THA retorna la cantidad de unos que se agregaron a m . Este número representa cuantas variables no medidas pueden ser directamente calculadas a partir del sistema de ecuaciones,

asumiendo la configuración definida en i . En resumen, el valor retornado por la función objetivo que calcula la observabilidad es:

$$Obs(i) = FT(i) \quad (3)$$

4.3.4 Enfoque de agregación

Este enfoque requiere un criterio de normalización que compatibilice los valores de $C(i)$, $R(i)$, $Obs(i)$. El procedimiento estándar de normalización consiste en llevar a todos los valores al rango $[0..1]$. Luego:

$$NC(i) = C(i) / (N * MC), C(i) \in [0..MC * N] \quad (4)$$

$$NR(i) = R(i) / N, R(i) \in [0..N] \quad (5)$$

$$NObs(i) = Obs(i) / N, Obs(i) \in [0..N] \quad (6)$$

donde,

- $NC(i)$, $NR(i)$ y $NObs(i)$ son los tres objetivos normalizados.
- MC es el costo máximo de monitorear una variable.
- N es el número total de variables.

Finalmente, para los tres objetivos considerados en este artículo, la función de aptitud $F(i)$ puede definirse como:

$$F(i) = NR(i) + NObs(i) + 1 - NC(i) \quad (7)$$

Nuestro algoritmo busca maximizar $F(i)$, cuyos valores siempre están entre 0 y la cantidad total de objetivos individuales. Por la forma en que fue diseñada, la Ecuación 7 puede ser fácilmente extendida para el caso en que se persigan más objetivos.

$$F(i) = \sum_{p=1}^n NOM_p + m - \sum_{q=1}^m NOM_q \quad (8)$$

donde,

- n es la cantidad de objetivos a maximizar.
- m es la cantidad de objetivos a minimizar.
- $NOM_p \in [0..1]$ es el p-ésimo objetivo normalizado a maximizar.

- $NOM_q \in [0..1]$ es el q-esimo objetivo normalizado a minimizar.
- $F(i) \in [0..n+m]$.

La situación óptima, $F(i) = n+m$, ocurre cuando todos los objetivos a maximizar son 1 y los objetivos a minimizar son 0.

4.4 Criterio de convergencia

Nuestra condición de terminación se basa en el concepto de esquemas. Un esquema es una plantilla que permite establecer similitudes entre los cromosomas. Un esquema se representa mediante una cadena de símbolos del conjunto $\{0,1,\#\}$, donde $\#$ es un *wildcard*. Por ejemplo, la cadena 011001 es una instancia del esquema 01##0#.

Según Radcliffe¹², si dos padres son instancias de un mismo esquema el hijo también será una instancia de ese esquema. En particular, si un esquema acarrea alto fitness a sus instancias, la población tenderá a converger sobre los bits definidos en ese esquema. Una vez que converja, todos los vástagos serán instancias de ese esquema. Luego, si el método que resuelve el problema está eficazmente implementado, la solución será una instancia de dicho esquema.

Por esta razón, nuestro criterio de convergencia analiza los genotipos de los individuos hasta que un alto porcentaje de los mismos sea instancia de un mismo esquema. A continuación se explica mediante un algoritmo el criterio de terminación suponiendo una población p de m individuos de longitud n .

ALGORITMO PARA CONTROL DE CONVERGENCIA DEL AGMO

Entrada: población p de m individuos con n genes;

porcentaje α de individuos que coinciden en un β por ciento de genes.

Información Auxiliar: vector de frecuencias c de longitud n

- 1- Inicializar i en 1.
- 2- Analizar el i -ésimo alelo de toda p , es decir desde $p[1, i]$ hasta $p[m, i]$, obteniendo la cantidad c_i de veces que aparece un no nulo en la posición i en toda la población p .
- 3- Incrementar i .
- 4- Si i es mayor que n {finalizó el recorrido de los genes}
 - ir al Paso 5
 - sino
 - ir al Paso 2
- 5- Contar cuantos c_i (o su complemento, $p - c_i$) corresponden a porcentajes mayores que α
- 6- Si esa cantidad representa un porcentaje superior a β
 - terminar ejecución del AG {el criterio de convergencia fue satisfecho}
 - sino
 - continuar con el AG.

El control de convergencia se realiza en todas las generaciones. Si la población o los genotipos tuvieran un gran tamaño, sería recomendable realizarlo cada una cantidad fija de generaciones. De esta forma, se evitaría perjudicar al algoritmo con una sobrecarga de cómputo significativa en su ejecución.

5 EXPERIMENTOS Y RESULTADOS

Se implementó un algoritmo auxiliar de Búsqueda Exhaustiva (BE) para obtener óptimos en instancias pequeñas del problema. Este algoritmo utiliza la misma función de aptitud que el AGMO, aplicándola a todo el espacio de búsqueda.

Los casos de estudio analizados fueron tres, correspondientes a modelos matemáticos con 10, 12 y 14 variables. Para todos los casos el tamaño de la población del AGMO fue de 150 individuos. Las probabilidades de mutación y cruzamiento fueron 0,1 y 0,7 respectivamente. Las matrices \mathbf{O} fueron generadas aleatoriamente con un 3% de elementos no nulos.

Se realizaron 100 corridas de cada uno de los casos de estudio. Las variables de performance analizadas fueron las siguientes:

- GBest: generación en que se obtiene el mejor valor.
- GConv: generación en la cual el algoritmo converge.
- Hit Ratio: porcentaje de obtención del óptimo.

$C1$, $C2$ y $C3$ corresponden a los casos con 10, 12 y 14 variables respectivamente. A continuación se muestran los resultados obtenidos.

Tabla 1: Valores promedio de cien corridas

	$C1$	$C2$	$C3$
Hit Ratio	64%	58%	22%
GConv	31	57	26
GBest	21,83	38,44	12,34

Analizando los valores de GConv para los casos $C1$ y $C2$ de la Tabla 1, vemos que la convergencia del algoritmo se demora el doble del tiempo para el segundo. Esto muestra un buen comportamiento de la condición de terminación ya que es lógico que al aumentar el espacio de búsqueda, la evolución demore más generaciones. Sin embargo, GConv disminuye notoriamente para $C3$. Esto puede deberse a que en este último caso el tamaño de la población fue pequeño comparado con el espacio de búsqueda.

Si observamos conjuntamente los valores de Hit Ratio, vemos nuevamente que en los dos primeros casos encuentra la solución una cantidad aceptable de veces. El resultado obtenido para $C3$, bajos valores de Hit Ratio y GConv, confirma que el algoritmo sufrió convergencia prematura.

6 CONCLUSIONES

En este artículo se describe un AGMO que desarrollamos especialmente para proveer una inicialización de configuración de instrumentos conveniente para algoritmos de AO estructural. Un aspecto innovador de este trabajo es introducción de un criterio de convergencia genotípico adecuado que por sus características permitirá lograr una terminación satisfactoria en problemas de gran tamaño, los cuales surgen naturalmente en el diseño riguroso de redes de sensores para plantas de procesos industriales.

El desempeño del prototipo se evaluó mediante el análisis de casos de estudio académicos. Los resultados obtenidos mostraron un comportamiento coherente del criterio de terminación. Asimismo fue detectado un problema de convergencia prematura, el cual surge al aumentar exponencialmente el tamaño del espacio de búsqueda con tamaño de población constante. Se puede concluir que manteniendo un tamaño de población proporcional al del espacio de búsqueda, el AGMO es aplicable a problemas reales.

7 REFERENCIAS

- [1] Goldberg, D.E. Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley Pub Co, 1989.
- [2] Michalewicz, Z. Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, 3ra edición revisada, Springer Verlag, 1996.
- [3] Gen, M., Cheng, R. Genetic Algorithms and Engineering Optimization, Wiley Series in Engineering Design and Automation, John Wiley & Sons, 2000.
- [4] Kretsovalis, A. y Mah, R.S.H. "Observability and Redundancy Classification in Generalized Process Networks - I. Theorems", *Comp. & Chem. Engng.*, 12, 1988, pp. 671-687.
- [5] Kretsovalis, A. y Mah, R.S.H. "Observability and Redundancy Classification in Generalized Process Networks - II. Algorithms", *Comp. & Chem. Engng.* 12, 1988, pp. 689-703.
- [6] Crowe, C. M. "Observability and Redundancy of Process Data for Steady State Reconciliation", *Chem. Eng. Sci.*, 44, 1989, pp. 2909-2917.
- [7] Ponzoni I., Sánchez M.C., Brignole N.B. "A New Structural Algorithm for Observability Classification", *Industrial & Engineering Chemistry Research*, Vol. 38, No. 8, 1999, pp. 3027-3035.
- [8] Romagnoli, J.A. y Stephanopoulos, G. "On the Rectification of Measurement Errors for Complex Chemical Plants", *Chem. Engng. Sci.*, 35, 1980, pp.1067-1081.
- [9] Stadtherr, M.A.; Gifford, W.A. y Scriven, L.E. "Efficient Solution of Sparse Sets of Design Equations", *Chem. Engng. Sci.*, 29, 1974, pp. 1025-1034.
- [11] Coello Coello C. A., A Comprehensive Survey of Evolutionary Based Multiobjective Optimization Techniques", <http://www.lania.mx/~ccoello>.
- [12] Radcliffe N. J., Equivalence Class Analysis of Genetic Algorithms, *Complex Systems* 5, 1991.