進化的計算手法による構造未知線形動的システムの同定

公文俊朗*・鈴木達也**・岩崎 誠***
橋山智訓****・松井信行***・大熊 繁**

System Identification for Structure-Unknown Linear Dynamical System by Evolutionary Computation

Toshiro KUMON*, Tatsuya SUZUKI**, Makoto IWASAKI***,
Tomonori HASIYAMA****, Nobuyuki MATSUI*** and Shigeru OKUMA**

In case that the information of the structure of the system (i.e. order of the system) is not available, a designer must find a suitable structure to represent the system behavior appropriately. Generally speaking, this problem results in a large scale combinatorial search problem. One of the efficient way to solve this kind of problem is to utilize a so-called evolutionary computation. In this paper, we propose a new modeling method for structure-unknown multi-input single-output linear dynamical systems using evolutionary computation. However, even if we use the evolutionary computation, an unreasonably long computational time is often required because of its vast search space. In order to overcome this problem, we try to set the limit of the search space based not on the knowledge of the plant but on AIC (Akaike's Information Criterion). After this process, we apply a genetic algorithm to find a sub-optimal model structure. We also carry out some numerical experiments to show the usefulness of our proposed method from viewpoint of both validity of the structure and accuracy.

Key Words: system identification, modeling, structure unknown system, genetic algorithm

1. はじめに

制御系の設計、解析などを行う上で制御対象を記述するモデリングは重要な役割を持つ。モデリングの問題は、モデル構造の選択、同定アルゴリズムの選択、および推定モデルの評価などの観点から試行錯誤が必要である¹⁾。モデリングの分野において、特に数学モデルで制御対象を記述するシステム同定の多くは ARMA (Auto-Regressive Moving Average) モデルや ARX (Auto-Regressive eXogenous) モデルなどを用い、制御対象に関する先験的な知識を用いることにより伝達関数の次数を決定し、係数パラメータ推定問題として取り扱われることが多かった²⁾。また、制御対象に関する先験的知識が得られない場合は、例えば最小 AIC 推定法によってモデル構造の決定を行うのが通常であった^{3), 4)}。この場合、低次の構造から順に次数を上げてゆき、AIC 評価値が横ばい、

あるいは増加し始めた時点をもとにモデルの構造を決めることになる。しかしながら、制御対象が複数の入出力変数を持つ場合、各変数の最適 (AIC の意味で) な次数を決めるためには、膨大な数の変数の組み合わせを探索対象としなければならず、計算量の面から最小 AIC 推定法のような手法をそのまま適用するのは現実的ではない。

そこで本研究では、対象の構造を事前に知ることができないような多入力-出力系のシステム同定について、遺伝的アルゴリズム (GA)⁵⁾を用いることによって効率の良いモデルの構造 (次数) の探索と係数パラメータの推定が可能な同定手法を提案する。多入力変数の系に対して GA を適用することにより、最小 AIC 推定法を適用した場合より、より少ない計算量で同定モデルを得ることが可能となる。

一般に、多入力-出力線形系の場合、構造を決める要素として次の二点が挙げられる。

(I) 入力変数毎の最大時間遅れ要素

(II) 出力変数の最大時間遅れ再帰項 (最大時間遅れフィードバック要素)

多入力-出力線形系においては、各入力変数を独立に扱い、各入力変数に対する伝達関数モデルを独立に得る方法、すなわち一入出力系の同定法を拡張した手法が適用可能な場合がある。しかしながら、実システムにおいては、各入力信号を独立に扱うことが困難である場合も多く⁶⁾、本論文ではそのような場合を想定して、各入力信号を同時に扱わねばなら

* オークマ (株) 愛知県丹羽郡大口町

** 名古屋大学大学院 名古屋市千種区不老町

*** 名古屋工業大学電気情報工学科 名古屋市昭和区御器所町

**** 名古屋市立大学 名古屋市瑞穂区

* OKUMA Co., Oguchi-cho, Niwa-gun, Aichi

** Nagoya University, Furo-cho, Chikusa-ku, Nagoya

*** Department of Electric and Computer Engineering,
Nagoya Institute of Technology, Showa-ku, Nagoya

**** Nagoya City University, Mizuho-ku, Nagoya

(Received November 8, 1999)

(Revised May 31, 2000)

い場合を対象として考える。

これまでにも文献^{7),8)}等で報告されているように、GAに代表される進化的計算を使ったシステム同定法が提案されているが、それらは一入出力システムにとどまっており、構造に関して既知とした上でのパラメータ探索問題に限られている。一般に多入力一出力システムの構造同定へのGAの適用を考えた場合、(I)と(II)の問題すなわち各変数の時間遅れに制限がない場合は、モデルの入力項と出力項の組み合わせ探索範囲が膨大になり、ただ単にGAを適用するだけでは、所望のモデルが効率よく得られるとは考えにくい。従って、解を効率的に探索するためには探索範囲をあらかじめ限定する必要があると考えられる。ただし、探索範囲の限定において、制御対象に関する事前情報は一切使えない場合を仮定する。そのため、本研究で提案するシステム同定手法においては、以下に述べるような二段階の探索を行う。

第一段階では、GAの探索範囲に制限を定めることを目的として、入力変数の最大時間遅れ要素と出力変数の最大時間遅れフィードバック項を最小AIC推定法のみにより（制御対象の事前情報を用いずに）決定する。ただし、ここでは各入力変数の最大時間遅れはすべて同じと仮定する。この仮定によって、最小AIC推定法の探索対象となる入力項と出力項の組み合わせの数は一入出力系の場合と同じとなり、計算量的な負担は少なく済む。しかしながら、この段階で得られるモデルは通常、各入力変数の時間遅れ要素数に関して冗長性を含んでおり、正しいモデル構造よりもより多くのパラメータを含んだ構造が得られることになる。そこで第二段階で、第一段階で限定されたモデル構造の範囲内で、モデルを構成する項の組み合わせ探索をGAを用いて行い、余分な項が削除されたより真のモデル構造に近いモデルを得ることにする。すなわち提案手法においては、第一段階でAIC規範に基づいて構造探索の探索範囲を限定し、第二段階で限定された探索範囲内でGAを用いて正確なモデル構造の探索を行うことになる。

提案手法では、システムの構造に関する先験的な知識を必要とすることなく入出力データのみからモデル推定を行うことが可能となる。得られる同定モデルの構造やパラメータは、必ずしも真のシステムとは一致するとは限らないが、本研究においては、構造が未知であるシステムを同定対象としているため、特性が同定されれば問題ないと考ええる。以下、2章では本研究において提案するアルゴリズムについて具体的に述べる。3章ではノイズを交えたシミュレーションを行い、従来法との比較により本アルゴリズムの有効性を検証する。

2. 提案する同定手法のアルゴリズム

一般にGAを用いて構造が未知である多入力一出力の線形動的システムの同定問題を考えるとき、最適なモデル構造を探索するためには時間遅れを含んだ無限個の項の組み合わせ最適化問題を解かなければならない。この場合、探索範囲が広大となりすぎるため現実的ではない。そこで提案する手法

においては構造探索を以下の二つの段階に分割して実行する。

時間遅れ決定 phase 観測される全ての入力変数ならびに出力変数について、最大時間遅れ要素を最小AIC推定法により決定する。

構造探索 phase 時間遅れ決定 phaseより得られた最大時間遅れの範囲内で入力項と出力項の時間遅れ要素の組み合わせ探索を行うことにより、モデルの構成を行う。

時間遅れ決定 phaseでは、システムに関与する時間遅れの最大値が決定されることにより、モデルを構成するための入力項と出力項の解候補集合が決定される。この段階で構造探索 phaseにおけるモデルの探索範囲が限定されることになる。時間遅れ決定 phaseに対し、構造探索 phaseでは進化的計算であるGAを適用することによりモデルの組み合わせ探索が行われる。すなわち時間遅れ決定 phaseで得られた解候補集合の中で項の組み合わせ最適化を行うことにより余分な項が削除され、より精度が高く、真のモデル構造に近いモデルが得られる。時間遅れ決定 phaseで探索範囲が制限されるため、構造探索 phaseでは効率的なモデル探索が可能となる。

2.1 時間遅れ決定 phase

$x_1(n)$ から $x_m(n)$ まで m 個の入力変数ならびに出力変数 $y(n)$ が与えられているとする。 n はデータ数を表す変数であり、ここでは1から N 個まで与えられているとする。(1)式のように出力再帰項の時間遅れと全ての入力変数の時間遅れを一樣に逐次増やしながら多項式モデル $y^*(n)$ を構成し、AICによる評価値が最小値を示した時点で、入力変数と再帰項の時間遅れ要素の組み合わせを決定する。係数 c_i, c_j, c_k は最小二乗法³⁾によって定める。

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{Model 1. } y^*(n) = c_0 + \sum_{i=1}^m c_i x_i(n) \\ \text{Model 2. } y^*(n) = c_0 + \sum_{i=1}^m c_i x_i(n) + c_{m+1} y^*(n-1) \\ \text{Model 3. } y^*(n) = c_0 + \sum_{i=1}^m c_i x_i(n) + c_{m+1} y^*(n-1) \\ \quad + \sum_{j=1}^m c_{j+m+1} x_j(n-1) \\ \text{Model 4. } y^*(n) = c_0 + \sum_{i=1}^m c_i x_i(n) + c_{m+1} y^*(n-1) \\ \quad + \sum_{j=1}^m c_{j+m+1} x_j(n-1) + c_{2m+2} y^*(n-2) \\ \text{Model 5. } y^*(n) = c_0 + \sum_{i=1}^m c_i x_i(n) + c_{m+1} y^*(n-1) \\ \quad + \sum_{j=1}^m c_{j+m+1} x_j(n-1) + c_{2m+2} y^*(n-2) \\ \quad + \sum_{k=1}^m c_{k+2m+2} x_k(n-2) \\ \vdots \\ \vdots \end{array} \right. \quad (1)$$

このとき、各入力変数の最大時間遅れは常に同じである点に注意されたい。最小二乗法による係数 c_i, c_j, c_k は、(2)式のように行列 Y, C, Ψ を定義し、(3)式から求める。ここでは(1)式におけるModel 2を例としている。 $y(0)$ は初期値である。(2)式においては、与えられた行列 $\Psi^T \Psi$ が正方でない場合もあるため、通常はMoore-Penroseの一般化擬似逆行列⁹⁾が用いられる。

モデルの評価関数としては、多項式モデルの精度とモデルの複雑さ（パラメータ数）を同時に評価する情報量基準を用いる。情報量基準として代表的なものに AIC(Akaike's Information Criterion)¹⁰⁾, BIC(Bayesian Information Criterion)¹¹⁾, MDL(Minimum Description Length)¹²⁾等があるが、本研究では最も簡便に表現され、かつ有効な方法として広く使用されている AIC を採用する。AIC は (4) 式で表される。ここで N はデータ数、 $y(n)$ はシステムの出力値、 $y^*(n)$ は (1) 式におけるモデルの出力値である。また、 S はシステムの出力値 $y(n)$ とモデルの出力 $y^*(n)$ との残差平方和、 $l_{prm} + 1$ は (1) 式におけるモデルのパラメータ数である。評価関数が最小値を示したときにこの段階での解探索を終了する。

$$Y = \begin{bmatrix} y(1) & y(2) & \cdots & y(N-1) & y(N) \end{bmatrix}^T$$

$$C = \begin{bmatrix} c_0 & c_1 & c_2 & \cdots & c_m & c_{m+1} \end{bmatrix}$$

$$\Psi = \begin{bmatrix} 1 & x_1(1) & \cdots & x_m(1) & y(0) \\ 1 & x_1(2) & \cdots & x_m(2) & y(1) \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 1 & x_1(N-1) & \cdots & x_m(N-1) & y(N-2) \\ 1 & x_1(N) & \cdots & x_m(N) & y(N-1) \end{bmatrix}^T$$

(2)

$$C = (\Psi^T \Psi)^{-1} \Psi^T Y \quad (3)$$

$$AIC = N \log S + 2(l_{prm} + 1)$$

$$S = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N (y(n) - y^*(n))^2 \quad (4)$$

2.2 構造探索 phase

ここでは、時間遅れ決定 phase の結果をもとにさらなる構造の探索を行う。解探索のアルゴリズムとして遺伝的アルゴリズム (GA)⁵⁾を用い、余分な項を削除することで準最適な構造を探索する。本 phase ではまず時間遅れ決定 phase において決定された全ての入力変数の集合を Fig. 1 に示すように一次元の染色体にコーディングする。染色体は二進符号で表現される。具体的には、入力変数 $x_1(n)$ から $x_m(n)$ において各々の時間遅れ要素数が d 個であるとし、かつ再帰項の最大要素数が r 個であったとすると染色体は $md + r$ ビットで表される。初期集団として L 個の染色体をランダムに生成する。図中、'1' に相当する項はモデルを構成するのに必要な項であり係数が推定される。'0' に相当する項は不要な項である。染色体は (5) 式のような多項式モデルに変換される。

$$\overbrace{1 \ 0 \ \cdots \ 1 \ 0 \ 1 \ \cdots \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ \cdots \ 1 \ 0}^{md+r \text{ bit}}$$

$$\underbrace{x_1(t) \ x_1(t-1) \ \cdots \ x_1(t-(d-1))}_{d \text{ bit}} \underbrace{x_2(t) \ x_2(t-1) \ \cdots \ x_2(t-(d-1))}_{d \text{ bit}} \cdots \underbrace{x_m(t-(d-1)) \ y(t-1) \ y(t-2) \ \cdots \ y(t-r)}_{r \text{ bit}}$$

Fig. 1 Coding of chromosome

Fig. 2 Flow chart of GA (preselection)

GA においては、比較的少数の染色体群で多様性を維持できる方法とされる preselection¹³⁾に基づいた遺伝的操作を行う。この方法による各世代での遺伝的操作は次の通りである。またその処理の流れを Fig. 2 に示す。

〔preselection〕 L 個の全染色体群の中から、ランダムに h 個の染色体を選択する。

〔crossover〕 選択された h 個の染色体を親として二組ずつ組み合わせ、新たに h 個の個体を子として生成する。交叉は各遺伝子座において互いに異なる遺伝子 (0 あるいは 1) の組み合わせがある場合のみ、交叉率 P_c で交叉を行う。交叉の具体例を Fig. 3 に示す。Fig. 3 では、親染色体 P1, P2 が交叉することによって子染色体 C1, C2 が生成されることを表す。遺伝子座 a, b ならびに e, f において遺伝子の内容は P1, P2 とも一致するため、C1, C2 にその遺伝子がコピーされる。遺伝子座 c ならびに d では遺伝子の内容が P1, P2 とも異なるため交叉率 P_c で交叉が行われる。選択ならびに生成された計 $2h$ 個の染色体の中から適応度が優れている h 個の個体が、適応度が劣る他の h 個の個体に置き換えられ集団に保存される。

〔mutation〕 突然変異率 P_m で各染色体を選択し、任意の遺伝子座における遺伝子を反転させる。

後述のシミュレーションにおける検討において、遺伝的操作における各パラメータを Table 1 のように設定した。

Table 1 GA parameters

集団個体数 L	200
各世代において選択する個体数 h	4
交叉率 P_c	0.5
突然変異率 P_m	0.003
世代数 generation	500

Fig. 3 Example of crossover

適応度は選択された染色体が (5) 式のような多項式モデルに変換される毎に計算される。多項式モデルの各係数は (3) 式に示した最小二乗法によって求める。適応度として、時間遅れ決定 phase と同じく AIC を用いる。従って本 phase では、(4) 式の $y^*(n)$ を $y_{es}(n)$ に変更するのみである。

$$y_{es}(n) = c_0 + \sum_{i=0}^{d-1} c_{i1}x_1(n-i) + \sum_{j=0}^{d-1} c_{j2}x_2(n-j) + \sum_{k=0}^{d-1} c_{k3}x_3(n-k) - \sum_{l=1}^r c_{l4}y_{es}(n-l) \quad (5)$$

構造探索 phase は適応度が収束するまで繰り返される。時間遅れの最大値が時間遅れ決定 phase で定められているため、構造探索 phase におけるモデルの探索範囲は限られている。そのため時間遅れの項数に制限がない場合よりも短時間でモデルを探索することが可能である。

3. シミュレーションによる検討

3.1 問題設定

入力変数 $x_1(n)$, $x_2(n)$, $x_3(n)$ ならびに出力変数 $y_t(n)$ からなる (6) 式のような三入力-出力システムを例題とした。(6) 式は $x_1(n)$, $x_2(n)$, $x_3(n)$, $y_t(n)$ を Z 変換して表示したものである。 $H_1(z)$, $H_2(z)$, $H_3(z)$ は各入力変数から出力変数への伝達関数である。なお、同定用として用いる出力変数 $y(n)$ は、(7) 式に表すように、真のシステムの出力 $y_t(n)$ に観測雑音 $w(n)$ が伴うものとする。観測雑音 $w(n)$ として、平均 0、分散 0.01 の擬似白色雑音を用いた。

$$Y_t(z) = \begin{bmatrix} H_1(z) & H_2(z) & H_3(z) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1(z) \\ X_2(z) \\ X_3(z) \end{bmatrix} \quad (6)$$

$$y(n) = y_t(n) + w(n) \quad (7)$$

$H_1(z)$, $H_2(z)$, $H_3(z)$ はそれぞれ次のように設定した。

$$H_1(z) = \frac{b_0 + b_1z^{-1} + b_2z^{-2}}{1 + a_1z^{-1} + a_2z^{-2}} \quad (8)$$

$$H_2(z) = \frac{b_3 + b_4z^{-1} + b_5z^{-2} + b_6z^{-3} + b_7z^{-4}}{1 + a_3z^{-1} + a_4z^{-2} + a_5z^{-3} + a_6z^{-4}} \quad (9)$$

$$H_3(z) = \frac{b_8 + b_9z^{-1} + b_{10}z^{-2}}{1 + a_7z^{-1} + a_8z^{-2} + a_9z^{-3}} \quad (10)$$

(8), (9), (10) 式における各係数は次の通りである。

$H_1(z)$:

$$a_1 = -1.83908, a_2 = 0.992337, \\ b_0 = 3.8142 \times 10^{-2}, b_1 = 7.66284 \times 10^{-2}, \\ b_2 = 3.83142 \times 10^{-2}$$

$H_2(z)$:

$$a_3 = -3.83668, a_4 = 5.66528, \\ a_5 = -3.8199, a_6 = 0.991544, \\ b_3 = 1.53134 \times 10^{-5}, b_4 = 6.12537 \times 10^{-5}, \\ b_5 = 9.18806 \times 10^{-5}, b_6 = 6.12537 \times 10^{-5}, \\ b_7 = 1.53134 \times 10^{-5}$$

$H_3(z)$:

$$a_7 = -0.6, a_8 = 0.03, a_9 = -0.01, \\ b_8 = 0.6, b_9 = -0.03, b_{10} = 0.01$$

(6) 式を逆 Z 変換し多項式で表現したものが (11) 式である。すなわち、本設定問題における真のシステムのパラメータ数は、(11) 式より 38 個である。

$$y_t(n) = \sum_{i=0}^9 c_{i1}x_1(n-i) + \sum_{j=0}^9 c_{j2}x_2(n-j) + \sum_{k=0}^8 c_{k3}x_3(n-k) - \sum_{l=1}^9 c_{l4}y_t(n-l) \quad (11)$$

3.2 時間遅れ決定 phase

各入力変数に必要な入出力変数の時間遅れ要素を決定する。ここでは入力信号として Fig. 4 から Fig. 6 に示す、互いに異なる疑似白色信号が $x_1(n)$, $x_2(n)$, $x_3(n)$ の三つへ同時に入力されているとし、(1) 式に示した方法に従って時間遅れ要素の最大値を決定する。Fig. 7 にこのときの出力信号 $y(n)$ を示す。データのサンプル数は 250 個/sec である。

Fig. 8 は (1) 式に従って入力項と再帰項の時間遅れを交互に増加させたときの AIC 評価値を表示したものである。横軸は (1) 式における Model 番号を表す。Fig. 8 より、評価値がある時点を超えて増加する傾向である様子が分かる。本 phase において評価値が最小となったのは Model 番号が 34 のモデルであり、その値は -106.43 である。本 phase で最終的に得られたモデルの係数を、変数 x_1 を例として、Table 2 に表す。観測雑音が入力に伴っているため、次数は真値の通りとはならない点に注意されたい。Model 番号が 34 のモデルは

Fig. 4 Input signal x_1 for identification

Fig. 5 Input signal x_2 for identification Fig. 6 Input signal x_3 for identification Fig. 7 Output signal y for identification

Fig. 8 Profile of AIC (1st phase)

各入力変数の最大時間遅れが 16, 出力変数の最大時間遅れが 17 となるモデルである。また、このときのパラメータの数は、定数項も含めると 69 個となる。以下に示す構造探索 phase においては、これらの時間遅れの範囲内で GA に基づいたモデルの準最適構造の探索を行う。

3.3 構造探索 phase

前 phase において、入力変数 $x_i(n)$, 出力変数 $y(n)$ の最大時間遅れがそれぞれ 16, 17 と決定された。これによって構造探索の対象となる解候補の集合が決定されたことになる。またこの場合、Fig. 1 で示した染色体の長さは 68bit となる。以下、この 68bit で表現される解候補集合に GA を適用する。

[解候補集合]

$$\{x_i(t), \dots, x_i(t-16), y(t-1), \dots, y(t-17)\}$$

$$(i = 1 \sim 3)$$

学習用に用いる入出力データは Fig. 4~Fig. 7 に示す時間遅れ決定 phase で用いた入出力データと同じである。

Fig. 9 Profile of AIC (2nd phase)

Fig. 9 は、各世代において h 個の個体を選択し、交叉して生成された $2h$ 個の個体中における最良モデルの適応度 (AIC) の推移を表したものである。本 phase では、初期染色体をランダムに選択し、時間遅れ決定 phase で決定された探索範囲内で、新たに次数の組み合わせ探索を行う。Fig. 9 より、染色体の世代交代が進むにつれ、適応度が時間遅れ決定 phase の最終評価値より改良されていく様子がわかる。最終的に得られたモデルの適応度は -253.109 であり、パラメータ数は定数項も含めると 36 個であった。本 phase で最終的に得られたモデルの係数を、変数 x_1 を例として、後述の最小 AIC 推定法で得たモデルの係数とともに Table 2 に表す。これより、GA を適用することによって不要な項が削除され、より真のモデル構造に近いモデルが獲得できたことになる。

なお、構造探索 phase で得たモデルのパラメータ値は、真のシステムとは一致しないが、後述の周波数特性の比較より問題はないと考える。これは、GA の過程で選択されたモデル構造にあわせてパラメータが調整されるためである。

3.4 構造探索 phase の効果

時間遅れ決定 phase で行ったモデル探索手法は従来の最小 AIC 推定法とはほぼ等価なものであると考えられるが、前節で示したように、さらに構造決定 phase にて GA によるモデル探索を行った方法が、余分な項が削除され、より真の構造に近い適応度の優れたモデルを獲得できることが分かった。また、一般に対象とするシステムによっては、伝達関数の次数が必ずしも $\{z^{-1}, z^{-2}, z^{-3}, \dots, z^{-m}\}$ のように連続しているとは限らず、 $\{z^{-1}, z^{-3}, z^{-5}, \dots, z^{-m}\}$ のように不連続な場合もありうる。この場合、低次の構造から次数を順次増加させる従来の最小 AIC 推定法のような考え方では、真のシステムに近いモデルを得ることは非常に困難となる。この意味でも構造が未知であるシステムの同定に GA を用いることは有効であると考えられる。本節では、時間遅れ決定 phase のみを経て得たモデルと、構造決定 phase まで経た後に得られたモデルの精度を比較することにより、提案する手法の有効性を確認する。

3.4.1 時間応答の比較

Fig. 10 は、同定用に用いた出力データに対する各モデルの出力の比較図である。Fig. 10 以降の図中においては、時間遅れ決定 phase のみを経た後のモデルの出力波形を 1st phase とし、構造決定 phase まで経た後のモデルの出力波形を、1st & 2nd phase とする。(12) 式によるモデル精度 A_C は、時間

遅れ決定 phase のみを経た後のモデルが 1.8502%, 構造決定 phase まで経た後のモデルは 0.736%であった。(12) 式において $y_{model}(n)$ はモデルの出力を表す。また、 N はデータのサンプル数であり、ここでは 250 とした。

$$A_C = \sum_{n=1}^N \frac{(y(n) - y_{model}(n))^2}{y(n)^2} \times 100 \quad (12)$$

一方、汎化能力の検証例として、(13)~(15) 式で表した $x_1(n)$, $x_2(n)$, $x_3(n)$ の各入力を各モデルに印加したときの結果を Fig. 11 に示す。時間遅れ決定 phase のみを経た後のモデルの精度 A_C は 7.621%, 構造探索 phase まで経た後のモデルの精度 A_C は 4.038%であった。

以上より提案する手法においては、GA による探索を経た結果、冗長な項が削除されてパラメータ数が少なくなり、従来の最小 AIC 推定法よりも精度の良いモデルを得ることが可能であるといえる。

$$x_1(n) = \sin(2\pi f_1 n smp) \quad (13)$$

$$x_2(n) = \sin(2\pi f_2 n smp) + \sin(2\pi f_3 n smp) \quad (14)$$

$$x_3(n) = \sin(2\pi f_4 n smp) + \cos(2\pi f_5 n smp) \quad (15)$$

ただし、 $f_1=5$ Hz, $f_2=8$ Hz, $f_3=4$ Hz, $f_4=2$ Hz $f_5=7$ Hz, $smp=1/250$ sec である。

3.4.2 周波数特性の比較

ここでは、同定モデルの周波数特性を真のシステムの周波数特性と比較することにより、提案手法により得られたモデルが真のシステムにどの程度近いかを検討する。

Fig. 12 は、時間遅れ決定 phase のみを経た後に得られたモデルの中で変数 x_1 から出力までの伝達関数の周波数特性を、真のシステムの周波数特性とともに表した図である。共振周波数は正確に同定されているものの、低周波数領域は特性が一致せず、20Hz 以上の高周波数領域では観測雑音の影響のため特性が大きく乱れている。一方、Fig. 13 は、構造

Fig. 10 Outputs of real system and each model

Fig. 11 Outputs of real system and each model

探索 phase まで経た後に得られたモデルの中で変数 x_1 から出力までの伝達関数の周波数特性を表す。20Hz 以上の高周波数領域では、観測雑音の影響のため正確に同定できていないが、Fig. 12 と比較すれば、低周波数領域の特性は一致し、高周波数領域の特性は約 50Hz まで精度良く再現されていると言える。このことは、他の変数 x_2 , x_3 の周波数特性においても同様であった。参考のため、観測雑音がない場合の周波数特性図を Fig. 14 に示す。観測雑音がない場合は、高周波数領域まで特性が一致したモデルが得られていることがわかる。

以上より、周波数領域で評価した場合でも、提案する同定手法の有効性が明らかになった。

3.5 最小 AIC 推定法との比較

提案する手法の有効性を確認するため、本節では最小 AIC 推定法³⁾との比較検討を行う。最小 AIC 推定法とは、モデルの次数決定において、各種の次数の組み合わせに対して最小二乗法によってパラメータを推定し、そのとき (4) 式で示した AIC の値を最小にする次数の組み合わせを最良のモデルとする方法である。

時間遅れ決定 phase においては、入出力変数の時間遅れを交互に増加して最小 AIC 推定法を適用したが、本節では、より細かな時間遅れの組み合わせを対象とする。ただし、本論文で同定対象としている系は多入力系である。今、仮に対象としている系は m 個の入力変数と 1 つの出力変数からなっ

Fig. 12 Frequency responses of Minimum AIC method

Fig. 13 Frequency responses of Proposed method

Fig. 14 Frequency responses without noise

Table 2 Coefficients of the real system and each model

	真のシステム	時間遅れ決定 phase	構造探索 phase(GA)	最小 AIC 推定法
$x_1(n)$	0.0383142	-0.0171019	0.0432642	-0.0013002
$x_1(n-1)$	-0.093594	0.0750774	0.102429	0.094449
$x_1(n-2)$	0.0047482	0.176153	0.0944653	0.200477
$x_1(n-3)$	0.161446	0.194694	0.0495894	0.186039
$x_1(n-4)$	-1.22576	0.236641	0.00992675	0.229059
$x_1(n-5)$	-0.0431696	0.142915	-0.039633	0.123901
$x_1(n-6)$	0.0776783	0.0314718	-0.061876	0.00186039
$x_1(n-7)$	-0.0245288	-0.176794	-0.071299	-0.182006
$x_1(n-8)$	0.00185347	-0.205967	-0.0536456	-0.199149
$x_1(n-9)$	-0.000379902	-0.176794	-0.0300422	-0.184707
$x_1(n-10)$	———	-0.172974	———	-0.172497
$x_1(n-11)$	———	-0.11144	———	-0.0757924
$x_1(n-12)$	———	-0.0636561	———	-0.0217625
$x_1(n-13)$	———	2.91575×10^{-5}	———	0.00261718
$x_1(n-14)$	———	-0.0209457	———	-0.0348857
$x_1(n-15)$	———	0.0457307	0.00658682	0.0262619
$x_1(n-16)$	———	0.108611	———	-0.00833565
$x_1(n-17)$	———	———	———	0.0281521
$x_1(n-18)$	———	———	———	0.0563583
$x_1(n-19)$	———	———	———	-0.0126014

ており、各変数の最大次数を t とすれば、次数の組み合わせは t^{m+1} 通りとなる。1章で述べたように、変数の増加ならびに次数の増加とともにモデルの組み合わせ爆発が起こるため、各々の次数の組み合わせに対して最小 AIC 推定法を適用するのは、計算量の面から現実的ではない。

そのため、本節では簡単のため (16) 式に示すように、入力変数 $x_i(n)$ の次数を同一に扱うことにする。(11) 式に示す真の多項式モデルより、 $x_1(n)$, $x_2(n)$ の最大次数は 9, $x_3(n)$ の最大次数が 8 であるため、入力変数の次数を同一に扱っても大差はないと考える。

$$\begin{aligned}
 y_{aic}(n) = & c_0 + \sum_{i=1}^3 c_i x_i(n) \\
 & + \sum_{p=1}^{20} \left(\sum_{i=1}^3 c_{ip} x_i(n-p) \right) + \sum_{q=1}^{20} c_q y_{aic}(n-q)
 \end{aligned} \quad (16)$$

以下、Fig. 4~Fig. 7 に示した入出力データを用いて、最小 AIC 推定法を適用する。 p ならびに q の最大次数は 20 とした。これは、Fig. 8 において、横軸 equation number が 41 の位置に相当する。

(p, q) の組み合わせに対する AIC 評価値を Fig. 15 に示す。 $(p, q) = (0, 0)$ を起点とした対角線上の断面図が Fig. 8 に相当する。AIC を最小にする (p, q) の組み合わせは $p = 19$, $q = 13$ であるため、モデルのパラメータ総数は定数項も含め 71 個となる。また、そのときの AIC の値は -135.915 であった。変数 x_1 を例として、Table 2 にパラメータ値を表す。以上、AIC 値ならびにパラメータ数の比較より、構造探索 phase における GA を用いた方法によって得たモデルが優れていると言える。

Fig. 15 (p, q) and AIC

4. ま と め

本論文では、多入力一出力である構造未知のシステムについて、先験的知識を必要としない進化的計算によるシステム同定手法を提案した。提案手法においては、システムが持つ入出力変数の時間遅れの最大値を最小 AIC 推定法によって前もって決めることで、モデル構造の探索範囲を制限し、さらに GA を用いて構造探索を行うという、二段階のモデル構造探索を行っている。また、提案する手法の有効性を数値実験を通して検討し、出力の精度、モデル構造の両面において従来の最小 AIC 推定法より優れていることを示した。

今後の課題として、提案したアルゴリズムにおいて必要となる具体的な計算量の評価、ならびに非線形システム同定への拡張が挙げられる。

なお、本研究は（財）名古屋産業科学研究所『創発型ソフ

トコンピュータの開発』プロジェクトの一部として行われた。

参 考 文 献

- 1) 秋月影雄, 花崎泉: システム同定の実際, 電気学会論文誌 C, **115-c-7**, 855/859 (1995)
- 2) 中溝高好: 信号解析とシステム同定, コロナ社 (1988)
- 3) 計測自動制御学会編: システム同定, コロナ社 (1994)
- 4) 足立修一: ユーザーのためのシステム同定理論, コロナ社 (1993)
- 5) 北野宏明編: 遺伝的アルゴリズム, 産業図書 (1993)
- 6) 公文俊朗, 鈴木達也, 岩崎誠, 橋山智訓, 松井信行, 大熊繁: 進化的計算を用いた構造未知システムのモデリング, 平成 10 年電気学会産業応用部門全国大会講演論文集, **3**, 369/372 (1998)
- 7) 加藤貴紀, 畠中利治, 魚崎勝司: 遺伝的アルゴリズムを用いた伝達関数の極の推定, 第 37 回計測自動制御学会学術講演会講演予稿集, 19/20 (1998)
- 8) 三輪昌伸, 岩崎誠, 松井信行: 遺伝的アルゴリズムによる制御系の次数およびパラメータの同定, 平成 10 年度電気学会東海支部連合大会講演論文集, p.259 (1998)
- 9) Stephen Wolfram: Mathematica, A System for Doing Mathematics by Computer, Addison Wesley (1992)
- 10) 鈴木義一郎: 情報量基準による統計解析入門, 講談社 (1995)
- 11) H.Akaike: An Objective Use of Bayesian Models, Ann. Inst. Statist. Math., **29**, 9/20 (1977)
- 12) 山西健司: ワンポイント講座 MDL 原理, 日本ファジイ学会誌, **10-1**, 43/50 (1998)
- 13) David E. Goldberg: Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley (1989)

[著 者 紹 介]

公 文 俊 朗

1995 年豊橋技術科学大学大学院工学研究科修士課程修了, 同年オークマ(株)入社, 現在に至る。ソフトコンピューティング手法を用いたシステム同定の研究に従事。電気学会会員。

鈴 木 達 也 (正会員)

1991 年名古屋大学大学院工学研究科修士課程後期課程修了(工学博士)。同年名古屋大学工学部助手, 95 年同講師, 98 年 9 月より一年間 U.C. Berkeley 客員研究員, 現在に至る。ロボパスト制御, 学習制御を用いたモーションコントロール, 離散事象システム論に基づいたインテリジェントシステムに関する研究に従事。94 年システム制御情報学会奨励賞, 95 年電気学会論文賞, 96 年日本ロボット学会研究奨励賞をそれぞれ受賞。電気学会, システム制御情報学会, 日本ロボット学会, IEEE の各会員。

岩 崎 誠

1991 年名古屋工業大学大学院工学研究科修士課程修了。同年名古屋工業大学助手, 2000 年同助教授, 現在に至る。運動制御の研究に従事。電気学会, 精密工学会, IEEE の各会員(工学博士)。

橋 山 智 訓 (正会員)

1996 年名古屋大学大学院工学研究科修士課程後期課程修了。同年, 名古屋大学大学院工学研究科助手, 97 年(財)名古屋産業科学研究所 創発型ソフトコンピュータの開発プロジェクト主任研究員, 2000 年名古屋市立大学講師, 現在に至る。知識獲得を中心とするソフトコンピューティング手法, 進化的ハードウェア等の研究に従事。日本ファジイ学会, 電気学会, 人工知能学会, 認知科学会, IEEE の各会員(工学博士)。

松 井 信 行 (正会員)

1968 年名古屋工業大学大学院修士課程修了。同年名古屋工業大学助手, 講師, 助教授を経て, 86 年同電気情報工学科教授, 2000 年より名古屋工業大学副学長, 現在に至る。パワーエレクトロニクスおよびモーションコントロールの研究と教育に従事。電気学会, IEEE の各会員(工学博士)。

大 熊 繁 (正会員)

1972 年名古屋大学大学院修士課程電気工学専攻修了。74 年ケース・ウェスタン・リザーブ大学大学院修士課程システム工学専攻修了。77 年名古屋大学大学院博士課程電気工学専攻修了。同年名古屋大学工学部電気工学科助手, 講師, 助教授を経て 90 年同教授, 現在に至る。ロボティクス, パワーエレクトロニクス, 創発型ソフトコンピュータに関する研究に従事。電気学会, 日本ロボット学会, システム制御情報学会, 日本機械学会, IEEE の各会員(工学博士)。