

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

С целью снижения времени обучения НС в работе решена актуальная задача распределения НС по процессорам.

Научная новизна работы заключается в том, что впервые предложена новая модель реализации МП на многопроцессорной системе, которая дает возможность получения максимального ускорения, ограниченного числом имеющихся процессоров, за счет распределения однотипных операций умножения, осуществляющихся в процессе функционирования НС.

Практическая ценность работы состоит в том, что проведенные эксперименты, реализующие предложенную модель, показали высокую эффективность. Данная модель реализована с помощью технологии параллельного программирования MPI.

## ПЕРЕЧЕНЬ ССЫЛОК

1. Richard O. Duda, Peter E. Hart, David G. Stork. Pattern classification: Wiley-Interscience; 2nd edition, 2000. – 680 p.

2. Гергель В. П., Стронгин Р. Г. Основы параллельных вычислений для многопроцессорных вычислительных систем: Учебное пособие Нижегородский госуниверситета. – Нижний Новгород, 2003. – 184 с.
3. Саймон Хайкин. Нейронные сети: полный курс, 2-е издание. М.: Издательский дом «Вильямс», 2006. – 1104 с.
4. Миркес Е. М. Учебное пособие по курсу НЕЙРОИНФОРМАТИКА. – Красноярск, 2002. – 347 с.
5. Ben Krose, Patrick van der Smagt. An Introduction to Neural Networks: University of Amsterdam, 1996. – 154 p.

Надійшла 2.03.2007

*In this work the MP model realization on multiprocessing system is offered. The processors organization as a star topology is offered. The given approach allows considerably to lower time of training neural network and enables receptions of the maximal acceleration limited to number of available processors.*

*В даній роботі запропонована модель реалізації багатопроцесорного перцептронного на багатопроцесорній системі при обмеженій кількості процесорів. В якості топології обчислювальної системи запропонована організація процесорів у вигляді зірки. Даний підхід дозволяє значно знизити час навчання нейронної мережі та дає можливість одержання максимального прискорення, що обмежений числом наявних процесорів.*

УДК 519.7:004.93

С. О. Субботін, А. О. Олійник

# СТРУКТУРНИЙ СИНТЕЗ НЕЙРОМОДЕЛЕЙ НА ОСНОВІ ПОЛІМОДАЛЬНОГО ЕВОЛЮЦІЙНОГО ПОШУКУ

*Досліджено проблему структурного синтезу нейромережних моделей. Розроблено метод полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом, що дозволяє одержати різні структури нейромереж, підвищуючи ймовірність знаходження моделі, адекватної розв'язуваній задачі. Проведено експерименти по синтезі моделей залежності стану здоров'я населення від забруднення навколишнього середовища.*

## ВСТУП

Етап вибору оптимальної архітектури нейромоделі є одним з найважливіших завдань при синтезі нейромереж [1], оскільки на цьому етапі формується топологія зв'язків та обираються функції активації нейронів, які надалі визначають принцип функціонування мережі й її ефективність для вирішення досліджуваної задачі. Так, нейромережі, що мають невелику кількість нейронів і лінійні функції активації, як правило, через свої обмежені апроксимаційні здатності не дозволяють вирішувати реальні практичні задачі. У той же час

вибір надлишкової кількості нейронів у мережі призводить до проблеми перенавчання й втрати апроксимаційних властивостей нейромоделі [2, 3].

У наш час структурний синтез нейромережних моделей відбувається за участю експерта в предметній області розв'язуваної задачі, що призводить до значного впливу рівня досвіду й знань експерта на ефективність побудованої нейромоделі [4].

Існуючі методи автоматичного пошуку оптимальної структури нейромережних моделей використовують жадібну стратегію пошуку [5]. Так конструктивні (constructive) методи починають пошук з мінімально можливою архітектурою мережі (нейромережа із мінімальною кількістю шарів, нейронів і міжнейронних зв'язків) і по-слідовно на кожній ітерації додають нові шари, нейрони й міжнейронні зв'язки. При використанні деструктивних методів (destructive) на початковій ітерації оцінюється ефективність нейромоделі, що містить максимально припустиму кількість шарів, ней-

ронів і міжнейронних зв'язків, потім у процесі пошуку структура такої моделі скорочується до найбільш прийнятної.

Однак такі методи внаслідок застосування жадібної стратегії досліджують незначну частину простору всіх можливих структур нейромоделей і схильні до влучення й «застрягання» у локальних оптимумах цільової функції.

Методи еволюційної оптимізації [6] є випадково спрямованими, не використовують жадібну стратегію пошуку й не схильні до зациклення в областях локальних екстремумів, що дозволяє ефективно їх застосовувати для пошуку оптимальної структури нейромережних моделей. Крім того, синтез структури нейромоделі за допомогою методів еволюційної оптимізації дозволяє адаптувати (налагодити, вибрати) топологію мережі до вирішення різних задач без необхідності участі експерта в цьому етапі.

Однак результатом оптимізації за допомогою класичних еволюційних методів є набір рівних між собою рішень або таких рішень, що мало відрізняються, у результаті чого оптимальна структура нейромоделі може не бути знайдена, оскільки класичні еволюційні методи можуть нерівномірно покривати простір пошуку, і значні за розміром області в просторі змінних можуть виявитися недослідженими за обмежену кількість ітерацій.

Метою даної роботи є створення полімодального методу еволюційного пошуку, який підвищує розмаїтість популяції й дозволяє більш рівномірно покривати простір пошуку, результатом якого є не єдине рішення (структура нейромережі), а множина різних рішень, що дозволяє вибрати архітектуру нейромоделі, яка якнайкраще задовольняє зовнішнім критеріям.

## 1 ПОСТАНОВКА ЗАВДАННЯ

Нехай задано максимально припустиму кількість нейронів  $A$  у нейромережі, що використовується для апроксимації залежності за вибіркою вихідних даних  $\langle X, Y \rangle$ , де  $X = \{X_i\}$  – набір значень ознак, що характеризують досліджуваний об'єкт або процес;  $Y = \{y_p\}$  – масив значень вихідного параметру в заданій вибірці;  $X_i = \{x_{ip}\}$  –  $i$ -та ознака у вибірці,  $i = 1, 2, \dots, L$ ;  $x_{ip}$  – значення  $i$ -ї ознаки для  $p$ -го екземпляру вибірки,  $p = 1, 2, \dots, m$ ;  $y_p$  – значення прогнозованого параметра для  $p$ -го екземпляру;  $L$  – загальна кількість ознак у вихідному наборі;  $m$  – кількість екземплярів вибірки.

Тоді задача структурного синтезу нейромоделі полягає у пошуку структури моделі вигляду  $HM = HM(C)$ , для якої  $\xi(HM, X, Y) \rightarrow \min$ , де  $C = C(L, A)$  – матриця, що визначає наявність синаптичних зв'язків між елементами мережі (рецепторами, нейронами);  $\xi(HM, X, Y)$  – критерій, що визначає ефективність

використання нейромережної моделі НМ для апроксимації залежності між набором вхідних параметрів  $X$  і відповідним йому вектором значень вихідного параметру  $Y$ . Як правило, за критерій оптимальності нейромоделі обирають середньоквадратичну помилку:

$$\xi = \sum_{p=1}^m (y_p - y(HM, X_p))^2, \text{ де } X_p - \text{ набір значень оз-}$$

нак для  $p$ -го екземпляру;  $y(HM, X_p)$  – значення виходу нейромоделі НМ, обчислене для набору значень  $X_p$ .

## 2 СТРУКТУРНИЙ СИНТЕЗ НЕЙРОМЕРЕЖНИХ МОДЕЛЕЙ НА ОСНОВІ ЕВОЛЮЦІЙНОЇ ОПТИМІЗАЦІЇ

При використанні еволюційного пошуку для синтезу структури нейромереж необхідно визначити спосіб подання структури мережі в хромосомі й вибрати фітнес-функцію для оцінювання хромосом [5, 7].

Існують такі методи кодування інформації про структуру нейромоделі в хромосомах [5]: пряме кодування, параметричне подання, комбіноване подання, подання у вигляді породжуючих правил, фрактальне подання, популяційне подання, дерево подання.

Найбільш ефективним є пряме кодування, при якому наявність кожного можливого міжнейронного зв'язку безпосередньо описується в бінарній матриці зв'язків  $C$  нейромережі, у якій одиничне значення в комірці  $c_{ij}$  відповідає наявності зв'язку від  $i$ -го до  $j$ -го нейрона. Таким чином, нейронна мережа подається у вигляді матриці суміжності.

Хромосома при прямому кодуванні подається бітовим рядком, що містить інформацію про наявність міжнейронних зв'язків.

При цьому довжина хромосоми дорівнює  $K^2$ , де  $K$  – максимально припустима кількість вузлів (сума загальної кількості ознак у навчальній вибірці даних і максимально припустимої кількості нейронів) у нейромоделі. У випадку структурного синтезу нейромереж прямого поширення всі значення елементів матриці зв'язків, що знаходяться на головній діагоналі й нижче її, дорівнюють нулю, тому хромосому можна спростити, залишивши в ній тільки елементи матриці зв'язків, що перебувають вище головної діагоналі (рис. 1), у результаті чого кількість генів у хромосомі визначається за формулою:  $K \times (K - 1) / 2$ .

Як видно, при такому поданні структури мережі розмір хромосоми є пропорційним квадрату кількості нейронів мережі, внаслідок чого збільшення кількості нейронів у базовій мережі призводить до значного збільшення часу, необхідного на еволюційний пошук.

Перетворення хромосоми в структуру нейромоделі (декодування) відбувається у такий спосіб.

Крок 1. Сформувати матрицю зв'язків нейромережі, що відповідає хромосомі (рис. 1, б).

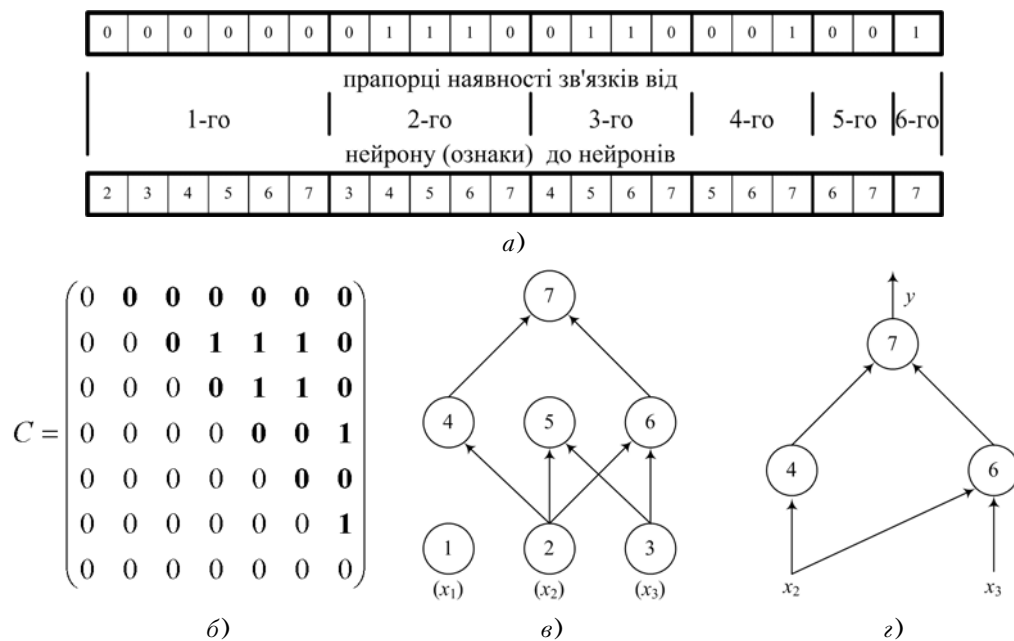


Рисунок 1 – Приклад хромосоми й відповідної їй нейромережі при структурному синтезі:

*a* – хромосома; *b* – матриця зв'язків нейромережі, що відповідає хромосомі;  
*c* – побудований на основі матриці зв'язків граф; *d* – синтезована нейромережа (без надлишкових нейронів і зв'язків)

Крок 2. Побудувати на основі матриці зв'язків граф (рис. 1, *c*).

Крок 3. Синтезувати нейромережу на основі побудованого на попередньому кроці графа, видаливши при цьому нейрони, які не мають вихідних зв'язків до нейронів наступних шарів (рис. 1, *d*).

Для зменшення розміру хромосоми можна використовувати апріорну інформацію про структуру мережі. Так, наприклад, якщо відомо, що між двома сусідніми шарами мережі використовуються повнозв'язні з'єднання, то в такому випадку в хромосомі може бути подана лише інформація про кількість схованих шарів і кількість нейронів на кожному шарі.

У випадку необхідності вибору функції активації нейронів при структурному синтезі в хромосому можна ввести додаткові гени, що містять інформацію про вид функції активації для кожного нейрону.

У фітнес-функції при структурному синтезі, як правило, враховуються:

- складність синтезованої мережі, що відповідає оцінюваній хромосомі. У цьому критерії враховуються кількість шарів мережі, нейронів на кожному шарі, а також характер, топологія й кількість міжнейронних зв'язків;

- помилка прогнозування або класифікації за синтезованою моделлю.

Структурний синтез нейромоделі на основі еволюційного підходу може бути виконаний як така послідовність кроків [5, 7–8].

Крок 1. Сформувані початкове покоління хромосом, які містять інформацію про структуру мережі.

Крок 2. Виконати оцінювання хромосом поточної популяції.

Крок 2.1. Декодувати кожну хромосому в популяції в архітектуру відповідної нейронної мережі.

Крок 2.2. Навчити кожну нейронну мережу за обраним методом (наприклад, за допомогою методу Левенберга-Марквардта [1]) за допомогою даних з навчальної вибірки (виконати параметричний синтез нейромережі). Початкові значення вагових коефіцієнтів при навчанні задаються залежно від обраного методу параметричного синтезу або випадковим чином.

Крок 2.3. Обчислити значення фітнес-функції хромосом, що враховує помилку нейромережі й складність її архітектури (кількість шарів, нейронів, міжнейронних зв'язків).

Крок 3. Перевірити критерії закінчення пошуку. У випадку задоволення таких критеріїв, виконати перехід до кроку 7.

Крок 4. Вибрати найбільш пристосовані хромосоми для виконання над ними еволюційних операторів схрещування й мутації.

Крок 5. Виконати оператори схрещування й мутації над відібраними раніше хромосомами.

Крок 6. Створити нове покоління з отриманих на попередньому кроці хромосом-нащадків і найбільш

приспособаних хромосом поточного покоління. Виконати перехід до кроку 2.

Крок 7. Зупинення.

### **З ПОЛІМОДАЛЬНИЙ ЕВОЛЮЦІЙНИЙ МЕТОД СТРУКТУРНОГО СИНТЕЗУ НЕЙРОМОДЕЛЕЙ**

При вирішенні завдання структурного синтезу нейромережних моделей цільова функція, як правило, має декілька оптимумів [1–4], розташованих у різних областях простору пошуку. При використанні класичних методів еволюційної оптимізації результатом пошуку є популяція розв'язків, які мало відрізняються один від одного, у результаті чого знайдено рішення може виявитися локальним оптимумом багатоекстремальної функції. Такий розв'язок (структура нейромоделі), як правило, є неефективним при його використанні на практиці, оскільки не забезпечує достатню точність класифікації для даних, які не входять до навчаючої вибірки.

Тому для структурного синтезу нейромоделей доцільним є використання еволюційних методів, здатних до пошуку декількох субоптимальних розв'язків. При використанні традиційних методів еволюційного пошуку до оптимізації полімодальних функцій існує проблема передчасної збіжності до локального оптимуму. Для подолання даної проблеми розроблено дві групи методів: методи відхилення від передчасної збіжності та методи відновлення [9].

Методи першої групи зменшують генетичну збіжність популяції з метою забезпечення її розмаїтості й недопущення зациклення в локальних оптимумах. Однак при такому підході використовуються штрафні функції для зменшення ймовірності появи в популяції схожих розв'язків, що викликає необхідність розрахунку значень таких функцій для кожної хромосоми й, отже, значно сповільнює процес еволюційного пошуку.

Методи відновлення спрямовані на збільшення розмаїтості в популяції шляхом використання стратегії перезавантаження у випадках недостатньої розмаїтості в популяції, що також вимагає значних часових витрат.

У розробленому методі полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом пропонується групувати рішення (хромосоми) у кластери за їхнім розташуванням в просторі пошуку.

Пропонований метод у процесі еволюційного пошуку визначає групи близьких (подібних) хромосом і підвищує розмаїтість популяції шляхом погіршення значень фітнес-функцій хромосом в залежності від близькості до центру їхньої групи, не вимагаючи при цьому обчислення значень штрафних функцій і не використовуючи процедури перезавантаження.

Розроблений полімодальний еволюційний пошук з кластеризацією хромосом передбачає виконання таких кроків.

Крок 1. Задати: кількість оптимумів (оптимальних структур нейромоделей)  $k$ , які необхідно знайти в ході еволюційного пошуку;  $N$  – кількість хромосом у популяції,  $N \gg k$ .

Крок 2. Встановити лічильник ітерацій:  $t = 1$ .

Крок 3. Встановити кількість елітних особин (хромосом):  $k_e = k$ .

Крок 4. Ініціалізувати початкову популяцію у вигляді хромосом  $H_j$ ,  $j = 1, 2, \dots, N$ .

Крок 5. Обчислити значення фітнес-функції  $f(H_j)$  для кожної хромосоми  $H_j$ .

Крок 6. Згрупувати хромосоми в  $k$  кластерів за значенням їхніх фітнес-функцій і розташуванням у просторі пошуку.

Крок 6.1. Для кожної хромосоми  $H_j$  обчислити відстань Хемінга (кількість незбіжних генів в однакових позиціях хромосом) до всіх інших хромосом у популяції. Відстань Хемінга  $d(H_j; H_l)$  між хромосомами  $H_j$  та  $H_l$  розраховується за формулою:

$$d(H_j; H_l) = \sum_{i=1}^L |h_{ij} - h_{il}|,$$

де  $L$  – розмір хромосом;  $h_{ij}$  та  $h_{il}$  – значення  $i$ -х бітів хромосом  $H_j$  та  $H_l$ , відповідно.

Крок 6.2. Встановити лічильник сформованих кластерів:  $m = 1$ .

Крок 6.3. Вибрати хромосому з найкращим значенням фітнес-функції як центр  $m$ -го кластеру. При цьому розглядаються хромосоми, ще не згруповані по кластерах.

Шаг 6.4. Ввести в кластер  $(N/k - 1)$  хромосом, найближчих за відстанню Хемінга до хромосоми, що є центром поточного  $m$ -го кластеру. У випадку, якщо  $(N/k)$  – неціле, то для визначення необхідної кількості хромосом в  $m$ -му кластері  $k_m$  (не враховуючи вже присутню хромосому, що є центром кластеру) пропонується використовувати формулу  $k_m = \text{Round}(m/k) - (m - 1) \cdot \text{Round}(N/k) - 1$ , де  $\text{Round}(p)$  – округлене значення  $p$ .

Крок 6.5. Якщо всі кластери сформовані ( $m = k$ ), тоді виконати перехід до кроку 7.

Крок 6.6. Встановити:  $m = m + 1$ . Виконати перехід до кроку 6.3.

Крок 7. Збільшити значення фітнес-функцій хромосом, що не є кращими в кластері, за формулою:

$$f_n(H_j) = \left( \frac{d(H_j; H_{\max, j})}{d(H_j; H_{c, j})} \right)^s f_j,$$

де  $f_n(H_j)$  – нове значення фітнес-функції  $j$ -ї хромосоми;  $f(H_j)$  – значення фітнес-функції до зміни  $j$ -ї хромосоми;  $d(H_j; H_{c,j})$  – відстань Хемінга від  $j$ -ї хромосоми до центра її групи;  $d(H_j; H_{\max,j})$  – максимальна відстань Хемінга в групі  $j$ -ї хромосоми;  $s$  – параметр, що визначає ступінь погіршення значень фітнес-функцій хромосом, що не є центрами кластерів,  $s \geq 1$ .

Крок 8. Відібрати хромосоми для схрещування й мутації.

Крок 9. Застосувати оператори схрещування й мутації до відібраних на попередньому кроці хромосом. Як такі оператори пропонується використовувати класичні еволюційні оператори (наприклад, точкове, однорідне або рівномірне схрещування й просту мутацію).

Крок 10. Сформувати нове покоління. При цьому кращі (елітні) хромосоми в кожному кластері гарантовано переходять у нове покоління.

Крок 11. Якщо  $t = T$ , де  $T$  – максимально задана кількість ітерацій, тоді виконати перехід до кроку 14.

Крок 12. Встановити:  $t = t + 1$ .

Крок 13. Виконати перехід до кроку 5.

Крок 14. Оцінити кожну з  $k$  хромосом, що є центрами кластерів, за допомогою даних тестової вибірки. Вибрати найкращу хромосому. Нейромодель, що відповідає такій хромосомі, приймається як рішення.

Крок 15. Зупинення.

Розроблений метод полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом підвищує розмаїтість популяції й дозволяє більш рівномірно покрити простір пошуку, підвищуючи в такий спосіб можливість відшукування глобального оптимуму й збільшуючи ймовірність успішного виконання процедури оцінки знайдених рішень за допомогою зовнішніх критеріїв на тестовій вибірці, оскільки результатом пошуку є не єдина структура нейромережі, а множина різних розв'язків, що дозволяє вибрати таку нейромережну модель, що якнайкраще задовольняє зовнішнім критеріям оцінювання ефективності нейромоделей.

#### **4 ЕКСПЕРИМЕНТИ Й РЕЗУЛЬТАТИ ПО МОДЕЛЮВАННЮ ПОКАЗНИКА ЗДОРОВ'Я ДІТЕЙ**

З метою дослідження ефективності запропонованого методу полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом для структурного синтезу нейромоделей вирішувалася практична задача побудови моделей залежності стану здоров'я населення від забруднення навколишнього середовища.

У великих промислових містах України в умовах несприятливої екологічної ситуації актуальним є вивчення впливу показників забруднення навколишнього середовища на стан здоров'я населення й, у першу

чергу, здоров'я дітей, оскільки діти є більш сприйнятливими до впливу екологічних факторів.

У ході проведеного вибіркового дослідження стану здоров'я дітей шкільного віку [10], які проживають у трьох різних за рівнем техногенного навантаження районах міста Запоріжжя (контрольному й двох дослідних) у дітей дослідних районів були виявлені статистично достовірні відхилення показників здоров'я в порівнянні з контрольним районом. Однак необхідно брати до уваги низьку специфічність виявлених змін стану здоров'я. За даними літератури [11] подібні ефекти можуть викликатися крім екологічних й іншими факторами, у першу чергу медико-біологічного й соціального характеру.

Тому актуальним є встановлення кількісного внеску екологічних і інших факторів у формування здоров'я дитячого населення.

Вихідна вибірка складалася з екземплярів, кожний з яких являв собою набір значень характеристик для відповідної дитини, і складалася з 48 ознак, що характеризують екологічні, медико-біологічні й соціально-побутові фактори, які впливають на стан здоров'я дітей.

Перед синтезом моделі залежності стану здоров'я населення від забруднення навколишнього середовища було проведене виділення інформативного набору ознак. Для відбору ознак використовувався еволюційний метод з фіксацією частини простору пошуку [12]. У результаті скорочення розмірності вихідного ознакового набору було залишено 19 ознак:  $x_1$  – район;  $x_2$  – вік, років;  $x_3$  – стать;  $x_4$  – маса, кг;  $x_5$  – рівень фізичного розвитку;  $x_6$  – пульс до навантаження;  $x_7$  – кількість років проживання дитини в даному районі;  $x_8$  – час щоденного перегляду телевізора;  $x_9$  – тривалість нічного сну, годин;  $x_{10}$  – чи займається дитина спортом;  $x_{11}$  – вік матері при народженні дитини, років;  $x_{12}$  – чи була пов'язана робота матері із професійними хворобами до народження дитини;  $x_{13}$  – тип родини (повна, неповна);  $x_{14}$  – протікання вагітності (без ускладнень, з ускладненнями);  $x_{15}$  – чи страждає мати хронічними захворюваннями;  $x_{16}$  – чи страждає батько хронічними захворюваннями;  $x_{17}$  – чи курить батько;  $x_{18}$  – чи курить мати;  $x_{19}$  – середній дохід на одного члена родини на місяць, грн;  $y$  – індекс напруги, що визначає стан здоров'я дитини, у. о.

Для структурного синтезу нейромоделей використовувалися: метод додавання нейронів, метод видалення нейронів, класичний еволюційний пошук і запропонований еволюційний метод полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом, який був програмно реалізований мовою пакета Matlab. Максимально припустима кількість нейронів для всіх методів структурного синтезу – 15, при цьому останній шар нейромоделі містив один нейрон, оскільки модель має один вихід, всі нейрони мали сигмоїдні функції акти-

вації, а як дискримінантні функції використовувалися зважені суми.

Початкові значення параметрів еволюційних методів встановлювалися такими: оператор відбору – з використанням рулетки, оператор схрещування – рівномірний, оператор мутації – точковий, кількість особин у популяції  $N = 100$ , ймовірність схрещування  $p_{скр} = 0,8$ , максимальна кількість ітерацій  $T = 100$ , кількість елітних особин  $N_e = 4$ .

Як критерій оцінювання синтезованих нейромоделей пропонується використовувати вираз:

$$f = E + \frac{N_w}{N_{w\max}}$$

де  $E$  – помилка прогнозування за синтезованою моделлю;  $N_w$  – кількість синаптичних зв'язків у мережі;  $N_{w\max}$  – максимально можлива кількість зв'язків у мережі. Як помилка прогнозування приймалася середньоквадратична помилка нейромоделі, параметричний синтез якої виконувався за допомогою методу зворотного поширення помилки [1–2].

Таким чином, запропонований критерій дозволяє враховувати як помилку прогнозування за синтезованою нейромоделлю, так і її складність.

У зв'язку з імовірнісним характером роботи еволюційних методів для дослідження їхніх властивостей побудова моделей за допомогою таких методів виконувалася 100 разів для одержання більш об'єктивних усереднених результатів.

У табл. 1 наведені результати синтезу нейромережних моделей залежності стану здоров'я населення від екологічних, медико-біологічних і соціально-побутових факторів.

У методах додавання нейронів і видалення нейронів результатом є нейромережі, що містять всі можливі прямо спрямовані зв'язки від нейронів поточного шару до нейронів наступного шару. Тому, як видно з табл. 1 (стовпець «Кількість зв'язків»), нейромоделі, отримані в результаті структурного синтезу за допомогою еволюційних методів, є більш простими, оскільки містять значно меншу кількість зв'язків. Це викликано тим, що методи еволюційного пошуку, на відміну від методів додавання й видалення нейронів, як оптимізовані параметри використовують не кількість нейронів у мережі, а наявність міжнейронних зв'язків.

Як видно з табл. 1, помилка прогнозування за більшістю синтезованих за допомогою різних методів нейромоделей значно погіршується при використанні даних тестової вибірки. Тому доцільним є застосування розробленого методу полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом, результатом якого є не єдиний, а декілька різних розв'язків (структур нейромереж), деякі з яких забезпечують досить гарні результати й для даних тестової вибірки. Так середньоквадратична помилка нейромоделі зі структурою 4–2–1, розрахована за даними тестової вибірки, становить 0,0097, що незначно гірше в порівнянні з помилкою, розрахованою для даних навчаючої вибірки.

У табл. 2 наведено структуру нейромережі, що забезпечує достатню точність прогнозування як на даних навчаючої вибірки (0,0085), так і на даних тестової вибірки (0,0097).

Результати побудови нейромережних моделей, отримані за допомогою застосування різних методів структурного синтезу, показали, що розроблений метод полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом дозволяє одержати різні структури нейромоделей, підвищуючи в такий спосіб імовірність синтезу

Таблиця 1 – Результати структурного синтезу нейромоделей

№	Назва методу	Середній час, с	Параметри кращої нейромережної моделі				
			Структура	Кількість зв'язків	Значення критерія оцінювання $f$	Середньоквадратична помилка	
						за навчаючою вибіркою	за тестовою вибіркою
1	Метод додавання нейронів	181,2	5–2–1	107	0,3914	0,0093	0,0207
2	Метод видалення нейронів	327,6	4–2–1	86	0,3158	0,0087	0,0193
3	Класичний еволюційний пошук	285,9	4–3–1	53	0,1919	0,0096	0,0162
4	Метод полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом	296,3	4–2–1	47	0,1764	0,0085	0,0097
			5–3–1	56	0,2083	0,0083	0,0178
			3–2–1	42	0,1592	0,0092	0,0232
			4–3–1	49	0,1844	0,0094	0,0114

Таблиця 2 – Структура оптимальної нейромоделі

Номер шару	Номер нейрона в шарі	Входи нейрона (та значення вагових коефіцієнтів)
1	1	ознаки № 1 (0,462), 2 (-7,228), 4 (-0,824), 5 (-1,733), 8 (3,065), 12 (-2,751), 14 (5,488), 16 (4,524)
	2	ознаки № 1 (-0,174), 2 (1,068), 3 (-2,571), 4 (-0,171), 6 (2,353), 7 (-1,384), 8 (-3,205), 11 (-1,518), 12 (1,005), 14 (-7,203), 15 (8,507), 16 (-0,807), 18 (2,13), 19 (-1,031)
	3	ознаки № 1 (3,412), 4 (-2,183), 5 (-3,343), 6 (-1,419), 9 (2,81), 10 (-1,723), 11 (-4,665), 12 (-1,176), 14 (-1,029), 15 (2,073), 16 (-4,616), 17 (-1,152)
	4	ознаки № 4 (1,827), 7 (-3,163), 12 (5,49), 17 (-0,733), 18 (-4,41), 19 (0,161)
2	1	нейрони 1-го шару № 1 (-2,091), 2 (10,55), 3 (2,361)
	2	нейрони 1-го шару № 3 (-0,242), 4 (3,751)
3	1	нейрони 2-го шару № 1 (-0,558), 2 (2,382)

нейромереж, що мають прийнятні апроксимаційні здатності як для даних навчаючої, так і для даних тестової вибірок.

### ВИСНОВОК

У роботі вирішено завдання структурного синтезу нейронних мереж за допомогою методів еволюційного пошуку.

Наукова новизна роботи полягає в тому, що для структурного синтезу нейромоделей розроблено метод полімодального еволюційного пошуку з кластеризацією хромосом, який рівномірно покриває простір пошуку і підвищує можливість відшукування глобального оптимуму, збільшуючи ймовірність успішного виконання процедури оцінки знайдених рішень за допомогою зовнішніх критеріїв на тестовій вибірці.

Практична цінність результатів роботи полягає в тому, що:

– створено програмне забезпечення, яке реалізує запропонований метод структурного синтезу нейромоделей;

– вирішено завдання синтезу нейромережних моделей залежності стану здоров'я населення від екологічних, медико-біологічних і соціально-побутових факторів.

### ПЕРЕЛІК ПОСИЛАНЬ

1. Омату С., Халид М., Юсоф Р. Нейроуправление и его приложения / Пер. с англ. под ред. А. И. Галушкина, В. А. Птичкина. – М.: ИПРЖР, 2000. – 272 с.
2. Круглов В. В., Борисов В. В. Искусственные нейронные сети: Теория и практика. – М.: Горячая линия – Телеком, 2001. – 382 с.
3. Руденко О. Г., Бодянский Е. В. Основы теории искусственных нейронных сетей. – Харьков: Телетех, 2002. – 317 с.
4. Минаев Ю. Н., Филимонова О. Ю., Лиес Б. Методы и алгоритмы идентификации и прогнозирования в ус-

- ловиях неопределенности в нейросетевом логическом базисе. – М.: Горячая линия – Телеком, 2003. – 205 с.
5. Yao X. Evolving Artificial Neural Network // Proceedings of the IEEE. – 1999. – № 9(87). – P. 1423–1447.
  6. The Practical Handbook of Genetic Algorithms. Volume II. New Frontiers / Ed. L. D. Chambers. – Florida: CRC Press, 2000. – 421 p.
  7. Maniezzo V. Genetic Evolution of the Topology and Weight Distribution of Neural Networks // IEEE transactions on neural networks. – 1994. – № 1(5). – P. 39–53.
  8. Romaniuk S. G. Applying Crossover Operators to Automatic Neural Network Construction // IEEE transactions on neural networks. – 1994. – № 4. – P. 750–752.
  9. Eiben A.E., Hintering R., Michalewicz Z. Parameter Control in Evolutionary Algorithms // IEEE Transactions on Evolutionary Computation. – 1999. – № 3. – P. 124–141.
  10. Кирсанова Е. В., Субботин С. А. Обобщенный метод кластер-регрессионной аппроксимации в задаче моделирования показателя здоровья детей // Радиоэлектроника. Информатика. Управление. – 2004. – № 1. – С. 62–67.
  11. Вельтищев Ю. Е. Экологически детерминированная патология детского возраста // Российский вестник периматологии и педиатрии. – 1996. – № 2. – С. 5–12.
  12. Subbotin S., Oleynik A. The feature selection method based on the evolutionary approach with a fixation of a search space // Modern problems of radio engineering, telecommunications and computer science: Proceedings of the IX International Conference TCSET'2006 (21–25 February 2006). – Lviv: Publishing house of Lviv Polytechnic, 2006. – P. 574–575.

Надійшла 5.03.2008

*Исследована проблема структурного синтеза нейросетевых моделей. Разработан метод полимодального эволюционного поиска с кластеризацией хромосом, позволяющий получить различные структуры нейросетей, повышая вероятность нахождения модели, адекватной решаемой задаче. Проведены эксперименты по синтезу моделей зависимости состояния здоровья населения от загрязнения окружающей среды.*

*The problem of structural synthesis of neural network models is considered. The polymodal evolutionary search method with a chromosomes clustering is developed, allowing to develop various structures of neural networks with good computational capabilities. Experiments on model synthesis of health state dependence from the environmental population are lead.*