

## EFFICACITE DES ALGORITHMES GENETIQUES PROCEDANT PAR REDUCTION SUCCESSIVE POUR L'IDENTIFICATION DES PARAMETRES

Reçu le 24/09/2002 – Accepté le 10/05/2004

### Résumé

Cet article présente un algorithme d'identification des paramètres, basé sur les algorithmes génétiques et qui procède par réduction successive du domaine de recherche des différents paramètres à identifier. Pour pouvoir étudier la convergence de cet algorithme, quel que soit le domaine de recherche initial, nous avons utilisé plusieurs intervalles initiaux et deux types de mutation : la mutation uniforme et la mutation gaussienne. L'approche proposée est testée sur un système non linéaire modélisé par des équations différentielles non linéaires représentant le système de Monod. Les résultats obtenus confirment le fait que la réduction des intervalles améliore la convergence des algorithmes génétiques.

**Mots clés:** Algorithmes génétiques, Gaussienne, Mutation, Réduction successive.

### Abstract

In this paper, we describe a parameters identification algorithm based on the use of genetic algorithms and that proceeds by successive reduction of the research space. This approach is used with several initial intervals and two types of mutation : the Uniform mutation and the Gaussian mutation. The proposed approach, is tested on a system modeled by nonlinear differential equations representing the system of Monod. The obtained results confirm the fact that the reduction of the intervals improves the convergence of the genetic algorithms.

**Keywords:** Algorithms, genetic, Gaussian, Mutation, Successive reduction.

L. YOUSFI

N. MANSOURI

Département d'Electronique  
Faculté des sciences de l'ingénieur  
Université Mentouri Constantine  
Route Ain EL Bey  
25000 Constantine (Algérie)

### ملخص

يقدم هذا العمل طريقة للتعريف علي معاملات نظام غير خطي وذلك اعتمادا علي الخوارزمات الجينية وباستعمال التصغير المتتابع لمجال البحث لمختلف المعاملات. للتمكين من دراسة فعلية هذه الطريقة مهما كان مجال البحث الابتدائي، استعملنا عدة تجارب علي نظام غير خطي معرف بمعادلات تفاضلية غير خطية تمثل نظام مونود. لهذا استعملنا مجالات ابتدائية مختلفة ونوعين من التغيرات: التغير الخطي والتغير القوسي. تؤكد النتائج المحصل عليها أن التغير المتتابع لمجالات البحث يحسن تقارب الخوارزمات الجينية.

**الكلمات المفتاحية:** الخوارزمات الجينية، التغير القوسي، التصغير المتتابع.

L'identification des paramètres est l'un des domaines où les algorithmes génétiques sont de plus en plus utilisés pour optimiser des fonctions ou résoudre des problèmes complexes. Cet intérêt s'explique, en grande partie, par la robustesse de ces algorithmes et la simplicité de leur mise en œuvre [1-4].

Les algorithmes génétiques sont naturellement formulés en terme de maximisation et leur principe repose sur l'évolution d'une population choisie dans un espace de recherche initialement spécifié par l'utilisateur. Pour leur utilisation dans un problème de minimisation, la fonction objective est transformée en une fonction d'adaptation définie de manière à ce que son maximum soit égal à 1.

Les algorithmes génétiques ne posent pas de conditions particulières sur la fonction à optimiser mais leurs performances dépendent en grande partie du choix de la population initiale et de l'espace de recherche. Ce dernier ne doit pas être trop grand pour éviter la convergence prématurée et pas trop petit pour ne pas perdre les solutions optimales [5]. L'utilisation d'un intervalle de recherche adaptatif plutôt qu'un intervalle fixe représente une solution simple pour palier à ce problème.

Dans cet article, nous nous intéressons à l'identification des paramètres dans un problème non linéaire, posé en terme de minimisation d'un critère quadratique. Pour cela, nous utilisons un algorithme génétique à codage réel avec des intervalles de recherche adaptatifs. L'algorithme procède par réduction successive des intervalles de recherche, en sélectionnant à chaque étape et après plusieurs exécutions, le meilleur espace susceptible de contenir l'optimum. La sélection se fait sur la base des meilleures valeurs de la fonction d'adaptation. Cette procédure est testée sur un système modélisé par des équations différentielles non linéaires représentant le système de Monod.

Le même problème est résolu successivement, en utilisant une mutation uniforme, puis une mutation gaussienne et cela, pour différents intervalles de recherche initiaux. Les résultats obtenus montrent que la réduction des intervalles, associée à un bon choix du type de mutation, améliorent, de façon significative, les performances de l'algorithme.

## 1- FORMULATION DU PROBLEME

Plusieurs type de modèles peuvent être développés pour représenter un même système (logique floue, réseaux de neurones, séries temporelles, etc.) Dans cet article, nous limitons notre attention aux systèmes représentés par un modèle mathématique de la forme:

$$\begin{cases} \dot{y}(t) = f(t, y(t), \lambda) \\ y(0) = y_0 \end{cases} \quad (1)$$

Si l'on suppose que  $Zd(t)$  représente la réponse du système à l'instant  $t$ , l'identification des paramètres va consister à déterminer les paramètres  $\lambda$  tels que le modèle approxime le mieux l'ensemble des données relevées sur le système.

Ceci revient à poser le problème en terme de minimisation d'un critère quadratique représentant l'écart entre les solutions du modèle et les observations faites sur le système à différents instants.

$$\varphi(\lambda) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N |y(t_i, \lambda) - Zd(t_i)|_{R^n}^2 \quad (2)$$

L'étude de l'identifiabilité des paramètres est une étape préalable au processus d'identification. Elle doit permettre de dire si il est possible d'estimer les valeurs des paramètres à partir des données expérimentales.

**Définitions:** Les paramètres d'un système sont dits structurellement globalement identifiables, si  $\lambda^*$ , le minimum de (2), est unique, c'est à dire que tout  $\bar{\lambda}$ , vérifie la relation:

$$\varphi(\bar{\lambda}) = \varphi(\lambda^*) \Rightarrow \bar{\lambda} = \lambda^*$$

Les paramètres d'un système peuvent être également structurellement localement identifiables.

Les paramètres d'un système sont structurellement non identifiables, s'il existe une infinité non dénombrable de solutions.

Il existe plusieurs méthodes pour démontrer l'identifiabilité des paramètres d'un système défini par des équations différentielles [6,7]. Parmi ces méthodes, nous pouvons citer les méthodes basées sur le développement en série de Taylor. Le principe de cette méthode consiste à évaluer à l'instant initial  $t_0$ , la sortie  $y(t)$  et ses dérivées successives. La condition suffisante pour que les paramètres d'un système soient structurellement identifiables est que l'ensemble des équations aient une solution unique  $a_k$  pour le même vecteur de paramètres, c'est à dire :

$$\lim_{t \rightarrow 0} \frac{d^k}{dt^k} (y(t, \lambda)) = a_k \quad k = 0, \dots, \infty$$

## 2- MECANISME DE FONCTIONNEMENT DES ALGORITHMES GENETIQUES (A.G)

Les algorithmes génétiques sont des techniques d'optimisation stochastiques dont les fondements théoriques ont été définis par John-Holland [2]. Ces algorithmes travaillent sur toute une population de chaînes, afin d'effectuer des opérations de recherche sur un domaine de possibilité plus important. Ils diffèrent fondamentalement des méthodes classiques d'optimisation, par la technique de codage des paramètres et l'utilisation de règles de transition probabilistiques.

La population initiale, choisie au hasard, est constituée d'individus représentant des solutions plus ou moins adaptées. Son évolution, d'une génération à une autre, se fait au moyen de trois opérateurs principaux: la sélection, le croisement et la mutation. Le fonctionnement de ces opérateurs est expliqué dans de nombreuses références bibliographiques, on citera à titre d'exemple les références [5] et [8].

Lorsque le codage des individus est du type réel, le codage et le décodage des paramètres n'est plus nécessaire. Le temps de calcul se trouve ainsi réduit car les paramètres apparaissent directement dans le chromosome.

Pour un codage réel, plusieurs types de croisement sont possibles. Nous citerons, en particulier, le croisement arithmétique entier. La particularité de ce dernier réside dans l'introduction d'un nombre aléatoire  $r$  appartenant à l'intervalle  $[0, 1]$ , tel que les enfants  $C_1'$  et  $C_2'$  obtenus après croisement, soient le résultat d'une combinaison linéaire des deux parents  $C_1$  et  $C_2$  :

$$\begin{aligned} C_1' &= rC_1 + (1-r) \cdot C_2 \\ C_2' &= rC_2 + (1-r) \cdot C_1 \end{aligned} \quad (3)$$

La mutation représente le phénomène, bien que assez rare, relatif aux altérations qui peuvent affecter certaines informations héréditaires pendant la phase de reproduction. Les types de mutation les plus connus sont la mutation uniforme et la mutation gaussienne.

### La Mutation uniforme

L'élément  $C_k$ ,  $k=1:n$ , sélectionné aléatoirement, est remplacé par une valeur aléatoire  $C_k'$  appartenant à l'intervalle de recherche  $[C_k^{\min}, C_k^{\max}]$ .

Dans notre étude, nous avons utilisé une mutation uniforme pour chaque paramètre, c'est à dire que tous les éléments du chromosome (de tous les paramètres) sont remplacés par une valeur  $C_k'$ .

### La Mutation gaussienne

Tous les éléments du chromosome sont mutés, tel que :

$$C_k' = C_k + F_k, \quad k = 1 \dots n \quad (4)$$

$F_k$  représente un nombre aléatoire de distribution gaussienne, de moyenne nulle et de variance adaptative définie par la relation suivante :

$$\sigma_k = \frac{(T-t)}{T} (C_k^{\max} - C_k^{\min}) \quad (5)$$

Le choix des paramètres caractéristiques des algorithmes génétiques, à savoir : la taille de la population, le nombre de générations et les probabilités de croisement  $P_c$  et de mutation  $P_m$ , se font intuitivement, après plusieurs essais.

### 3- ALGORITHME D'IDENTIFICATION DES PARAMETRES

L'optimisation du critère quadratique  $\varphi(\lambda)$ , en utilisant les algorithmes génétiques, revient à maximiser une fonction d'adaptation  $F(\lambda)$  définie comme suit :

$$F(\lambda) = \frac{1}{1 + \varphi(\lambda)} \quad (6)$$

Les paramètres  $\lambda^*$ , pour lesquels la fonction d'adaptation est maximale, correspondent aux paramètres qui minimisent le critère quadratique, et donc les paramètres à identifier.

L'algorithme, décrit dans cet article, utilise les algorithmes génétiques et procède par réduction successive de l'intervalle de recherche. Cette réduction est opérée en plusieurs étapes. La première étape consiste à choisir un intervalle de recherche initial pour faire évoluer l'algorithme génétique. Plusieurs exécutions sont ensuite faites, en choisissant à chaque fois une population différente prise aléatoirement dans l'intervalle considéré. Les optima obtenus, lors des différentes exécutions, sont utilisés pour définir le nouvel intervalle de recherche. La plus petite valeur fixera la borne inférieure du nouvel intervalle alors que la plus grande valeur fixera la borne supérieure.

Après cette réduction, d'autres exécutions sont effectuées et la même procédure est répétée jusqu'à l'obtention des paramètres optimaux ou une fonction d'adaptation presque constante. Si les paramètres optimaux

sont obtenus durant les premières exécutions, la réduction des intervalles n'est pas nécessaire. La figure 1 résume le principe de réduction utilisé dans cet article.

### 4- RESULTATS NUMERIQUES

La procédure de réduction successive des intervalles de recherche, décrite dans le paragraphe précédent, est utilisée pour résoudre un problème d'identification, assez représentatif des systèmes non linéaires. Le problème est résolu successivement, en utilisant une mutation uniforme, puis une mutation gaussienne et cela, pour différents intervalles de recherche initiaux.

Les paramètres génétiques utilisés dans l'algorithme sont les suivants :

- Probabilité de croisement  $P_c = 0.9$  ; Probabilité de mutation  $P_m = 0.03$ .
- Nombre d'individus = **50** ; Nombre de générations = **300**.

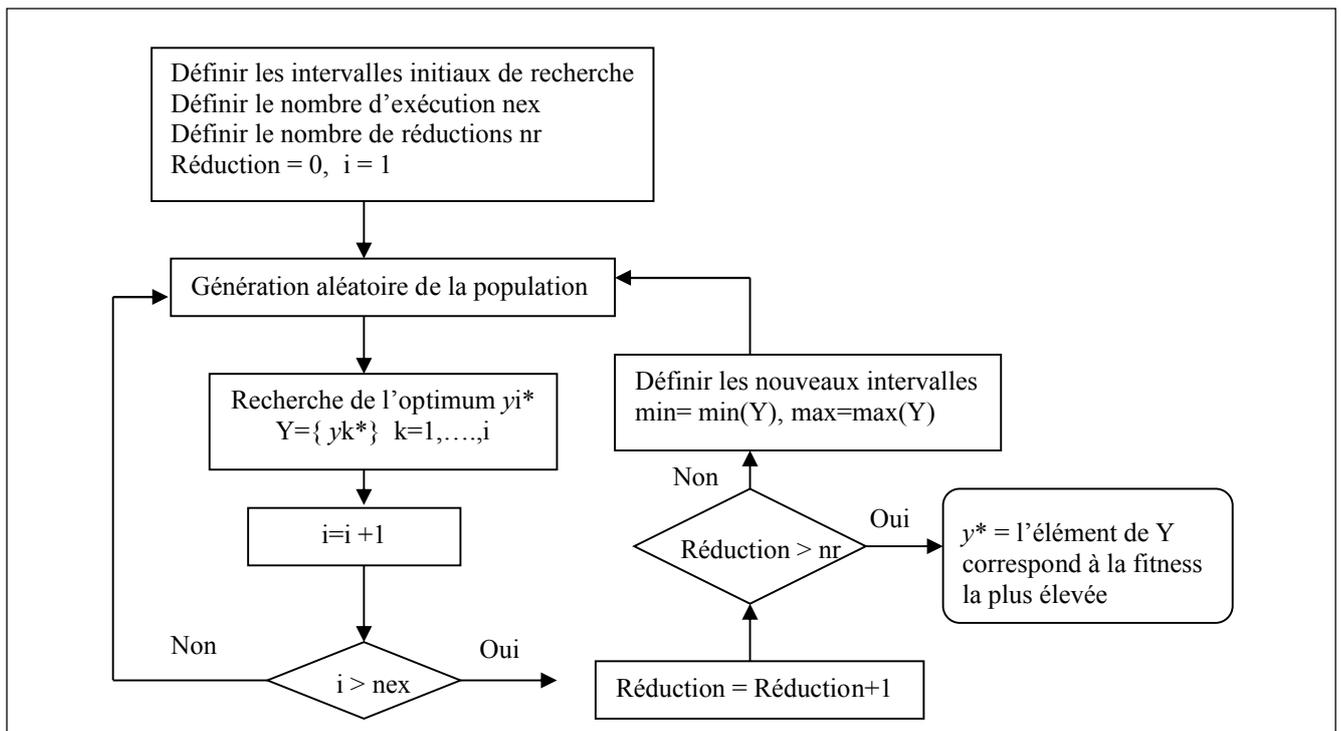
Le problème représente le modèle de Monod. Il modélise l'évolution de la croissance  $C$  et de la consommation en substrat  $S$ , d'un micro-organisme en culture. Ce modèle est constitué de deux équations différentielles:

$$\begin{aligned} \frac{dC}{dt} &= \frac{k_1 SC}{k_2 + S} - k_D C & C(0) &= C_0 \\ \frac{dS}{dt} &= -\frac{1}{Y} \frac{k_1 SC}{k_2 + S} & S(0) &= S_0 \end{aligned} \quad (7)$$

Les paramètres à identifier sont :  $(k_1, k_2, k_D, Y)$ .

On identifiera également un terme  $S_B$  désignant le biais introduit dans la fonction coût, sur la mesure du substrat.

Les données de simulations sont obtenues à partir des valeurs suivantes :



**Figure 1:** Principe de réduction utilisé dans l'algorithme.

$$C_0 = 0.5g/\ell \quad S_0 = 20g/\ell \quad k_1 = 2.5J^{-1}$$

$$k_2 = 10g/\ell \quad k_D = 0.2J^{-1} \quad Y = 0.5 \quad S_B = 2g/\ell$$

Holmberg [9] a démontré que le modèle de Monod était identifiable en considérons que les deux variables d'état  $C$  et  $S$  sont mesurées au cours du temps. Par la suite, plusieurs autres auteurs ont démontré l'identifiabilité du modèle de Monod à partir de données expérimentales parfaites. Une démonstration de l'identifiabilité structurelle du modèle de Monod, en utilisant le développement en série de Taylor est présenté dans la référence [10].

Dans cet article, l'identification des paramètres est entreprise à partir de deux intervalles de recherche initiaux différents, et pour les deux types de mutation.

Les résultats obtenus lors de différentes exécutions sont représentés dans le tableau 1. L'examen de ces résultats fait ressortir que les valeurs de la fonction d'adaptation en utilisant une mutation gaussienne sont plus élevées que ceux obtenus en utilisant une mutation uniforme.

Dans une deuxième étape, les intervalles de recherche sont réduits aux valeurs indiquées dans la deuxième ligne du tableau 2 avant que l'identification soit reprise. Cette réduction des intervalles, permet d'obtenir un critère plus faible, donc des paramètres plus précis et ceci, pour les

deux types de mutation. Toutefois, l'utilisation d'une mutation gaussienne donne de meilleurs résultats.

Une deuxième réduction des intervalles est nécessaire, si on désire obtenir des paramètres plus précis. Les résultats obtenus après cette deuxième réduction sont indiqués dans le tableau 3.

**Tableau 3:** Deuxième réduction.

	Deuxième réduction	
	Mutation uniforme	Mutation gaussienne
$k_1$	2.5382	2.5017
$k_2$	10.3631	10.0218
$k_D$	0.2010	0.1997
$Y$	0.5011	0.4998
$S_B$	1.9917	2.0003
$\ F\ $	0.9950	0.9999
$\ \varphi\ $	0.0050	$6.0136 \cdot 10^{-5}$

L'utilisation d'une mutation gaussienne donne un écart très petit, une fonction d'adaptation presque égale à l'unité et donc des paramètres qui se rapprochent plus des valeurs réelles utilisées pour la simulation.

**Tableau 1:** Intervalles de recherche initiaux :  $k_1$ :[1 5] ;  $k_2$ :[8 15] ;  $k_D$ :[0.1 0.3] ;  $Y$ :[0.2 0.6] ;  $S_B$ :[0.5 2.5].

Exécution	Mutation uniforme			Mutation gaussienne		
	Le vecteur des paramètres : $\lambda = [k_1 \ k_2 \ k_D \ Y \ S_B]$	$\ F\ $	$\ \varphi\ $	Le vecteur des paramètres : $\lambda = [k_1 \ k_2 \ k_D \ Y \ S_B]$	$\ F\ $	$\ \varphi\ $
1	[2.584 11.041 0.201 0.478 1.909]	0.3503	1.8543	[2.424 9.276 0.189 0.491 2.171]	0.7276	0.3744
2	[2.410 9.669 0.177 0.480 1.941]	0.7706	0.2978	[2.610 11.219 0.199 0.499 1.905]	0.8593	0.1637
5	[2.639 12.557 0.160 0.464 1.832]	0.3800	1.6314	[2.331 8.893 0.184 0.489 1.803]	0.5524	0.8104
6	[2.594 11.193 0.210 0.501 1.549]	0.2517	2.9732	[2.730 12.762 0.205 0.498 1.702]	0.3843	1.6018
8	[2.470 11.105 0.185 0.473 1.320]	0.1170	7.5486	[2.536 9.502 0.236 0.528 2.025]	0.5978	0.6728
9	[2.501 11.046 0.174 0.483 1.573]	0.2447	3.0864	[2.617 10.998 0.207 0.507 1.976]	0.9580	0.0439
10	[2.656 12.064 0.190 0.518 1.622]	0.2218	3.5082	[2.447 10.204 0.193 0.487 1.653]	0.3358	1.9783

**Tableau 2:** Première réduction.

Exécution	Mutation uniforme			Mutation gaussienne		
	Le vecteur des paramètres : $\lambda = [k_1 \ k_2 \ k_D \ Y \ S_B]$	$\ F\ $	$\ \varphi\ $	Le vecteur des paramètres : $\lambda = [k_1 \ k_2 \ k_D \ Y \ S_B]$	$\ F\ $	$\ \varphi\ $
	$k_1$ :[2.41 2.65] ; $k_2$ :[9.66 12.06] ; $k_D$ :[0.16 0.23] ; $Y$ :[0.46 0.54] ; $S_B$ :[1.32 2.1].			$k_1$ :[2.3 2.73] ; $k_2$ :[8.89 11.21] ; $k_D$ :[0.18 0.24] ; $Y$ :[0.489 0.528] ; $S_B$ :[1.65 2.2].		
1	[2.549 10.465 0.202 0.502 1.970]	0.9837	0.0166	[2.517 10.162 0.200 0.500 1.992]	0.9985	0.0015
2	[2.526 10.235 0.201 0.501 1.993]	0.9977	0.0023	[2.513 10.144 0.199 0.499 2.003]	0.9987	0.0013
3	[2.532 10.346 0.199 0.499 1.997]	0.9940	0.0061	[2.508 10.070 0.200 0.500 1.993]	0.9992	$8.3262 \cdot 10^{-4}$
4	[2.554 10.615 0.200 0.500 1.972]	0.9596	0.0421	[2.495 10.002 0.197 0.498 2.006]	0.9956	0.0045
5	[2.561 10.537 0.204 0.501 1.978]	0.9615	0.0401	[2.488 9.929 0.198 0.498 1.999]	0.9986	0.0014

Pour un intervalle de recherche plus large, les deux types de mutation donnent des fonctions d'adaptation faibles. L'intervalle de recherche est réduit trois fois de suite, avant d'obtenir les paramètres optimaux, comme indiqué dans le tableau 4.

**Tableau 4:** Réduction successive des Intervalles de recherche initiaux :  $k_1$ :[0 10] ;  $k_2$ :[5 20] ;  $k_D$ :[0.1 1] ;  $Y$ :[0.1 2] ;  $S_B$ :[0.5 5] ; Nombre de réduction : 3 ; Nombre d'exécutions par réduction : 1<sup>ère</sup> : 10 ; 2<sup>ème</sup> : 5 ; 3<sup>ème</sup> : 1

	Mutation uniforme	Mutation gaussienne
$K_1$	2.8052	2.6086
$K_2$	12.1444	10.7445
$K_D$	0.1412	0.2147
$Y$	0.5408	0.5146
$S_B$	1.8709	1.9730
$\ F\ $	0.5973	0.9231
$\ \phi\ $	0.6741	0.0833

Ce tableau indique le nombre des réductions faites pour chaque type de mutation, le nombre d'exécutions pour chaque réduction et les paramètres obtenus après la dernière réduction. On remarque que malgré la réduction successive, l'écart reste grand, en comparaison avec celui obtenu dans le premier cas. L'utilisation d'une mutation gaussienne permet d'obtenir un écart plus petit et des paramètres plus proches des paramètres réels utilisés pour la simulation.

### CONCLUSION

L'utilisation des algorithmes génétiques pour l'identification des paramètres donne de bons résultats. L'efficacité de ces algorithmes diminue lorsque le nombre des paramètres à identifier est important ou que le domaine de recherche est large. La procédure de réduction successive des intervalles de recherche, présentée dans cet article, permet de toujours converger vers les solutions

optimales, même si l'on a une augmentation du nombre de réduction, c'est à dire un temps de calcul plus grand.

Les deux types de mutation, uniforme et gaussienne, ont prouvé une grande efficacité, mais l'utilisation d'une mutation gaussienne permet d'obtenir de meilleurs résultats, surtout lorsque le nombre de paramètres à identifier est important et que les paramètres ne sont pas trop petits.

### REFERENCES

- [1]- Goldberg D., "Algorithmes génétiques", Edition Addison-Wesley, France, SA, (1994).
- [2]- Holland J., "Adaptation in natural and artificial systems", Ann Arbor : The university of Michigan Press, (1975).
- [3]- Sareni B., "Algorithmes génétiques standards", Rapport interne CEGELY, R-97-01, (1997).
- [4]- Macro N., "A genetic algorithm compared with a gradient-based method for the solution of an active-control model problem", Rapport INRIA N°2948, (1996).
- [5]- Yong Z. and Sannomiya N., "An improvement of genetic algorithms by search space reductions in solving large-scale flowshop problems", *T.IEE Japan*, Vol.121-C, N°6, (2001), pp. 1010-1015.
- [6]- Pohjanpalo H., "System identifiability based on the power series expansion of the solution", *Math. Biosci.*, Vol 41, (1978), pp. 21-33.
- [7]- Saccomani M.P., Audoly S., Bellu G. and D'Angio L., "A new differential algorithm to test identifiability of non linear systems with given initial conditions", Proceeding of the 40<sup>th</sup> IEEE Conference on Decision and Control, Orlando, Florida USA, (2001).
- [8]- Setnes M. and Roubos H., "G.A-Fuzzy modeling and classification complexity and performance", *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, Vol.8, N°5, (2000).
- [9]- Holmberg A., "On the practical identifiability of microbial growth models incorporating Michaelis-Menten type nonlinearities", *Math. Biosci.*, Vol.62, (1982), pp. 23-43.
- [10]- Muller T.G, Noykova N., Gyllenberg M. and Timmer J., "Parameter identification in dynamical model of anaerobic waste water treatment", *Math. Biosci.*, Vol.177, (2002), pp. 147-160. □