سیستم‌های فازی و کاربردها
سال سوم، شماره دوم (پائیز و زمستان ۱۳۹۹)
صص. ۱۳۱ تا ۱۴۱
شاپای چاپی: ۲۷۱۷-۴۴۰۹
شاپای الکترونیکی: ۲۷۱۷-۳۹۸۴
DOR:20.1001.1.27174409.1399.3.2.7.4

# تعمیم توزیع‌های موزون توسط توزیع‌های دومتغیره برپایه پیشامدهای فازی

**رضا پورموسی**
بخش آمار، دانشکده ریاضی و کامپیوتر، دانشگاه شهید باهنر، کرمان، ایران
تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۱/۱۴ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۶
نوع مقاله: علمی-پژوهشی

**چکیده**
در این مقاله بعد از آشنایی با توزیع‌های موزون و بیان اهمیت آن‌ها در ادبیات آماری، با مفهوم پیشامد و احتمالات فازی آشنا شده و در پایان ارتباط این خانواده از توزیع‌ها با پیشامدهای فازی را بررسی و نحوه تولید و همچنین تعمیم آن‌ها را در محیط فازی بیان می‌کنیم.

## ۱ مقدمه

معمولا گزارش و ثبت مشاهدات در بسیاری از اتفاقات واقعی که با تصادف و تکرار همراه هستند، در طبقات نادرست و غیر تصادفی و همچنین بدون پاسخ صورت می گیرد. در برخی موارد نیز مشاهدات حاصل از یک فرایند تصادفی با احتمالات متناسب با توابع وزنی ثبت می شوند. با حضور این اشکالات، صحت مشخصات مدل و درستی تفسیر داده ها از اهمیت زیادی برخوردار است. زیرا یک مدل آماری مناسب، به استنباط بی طرفانه فرایند حتی با وجود داده های جانبدارانه کمک کرده و گاهی منجر به ارائه یک راهکار اقتصادی و اطلاعاتی می شود. مفهوم

**Mathematics Subject Classification (2010):** 62A86 , **Email:** rezapourmousa@yahoo.com .
**عبارات و کلمات کلیدی:**توزیع موزون، پیشامد فازی، احتمال فازی، تابع عضویت

توزیع های موزون یک رویکرد مشخص برای رفع این اشکالات را فراهم می آورد. این رویکرد با تعدیل احتمالات وقوع اتفاق های ثبت شده، باعث بهبود مدل آماری مشاهدات می شود. به عبارت دیگر زمانی که اخذ نمونه از توزیع اصلی و توزیع تعمیم یافته وزنی امکان پذیر است با انتخاب یک تابع وزن مناسب می توان یک برازش مطلوب تر بر روی مشاهدات اعمال کرد. ایده توزیع های موزون که ابتدا توسط فیشر (۱۹۳۴) ارایه گردید در بسیاری از مطالعات آماری مربوط به قابلیت اطمینان و همچنین تجزیه و تحلیل داده های زیستی کاربرد دارد. رائو (۱۹۶۵) فرم کلی این خانواده از توزیع ها را به منظور مدل سازی داده ها، وقتی استفاده از توزیع استاندارد مناسب نیست، ارایه کرد. هدف بسیاری از محققین در سال‌های اخیر، معرفی خانواده های جدید از توزیع‌های موزون بمنظور بهبود کارایی مدل‌های آماری است. در این مقاله با استفاده از مفاهیم فازی، به معرفی یک خانواده از توزیع های موزون پرداخته و ارتباط آن را با سایر خانواده های موجود بیان می کنیم. در این مقاله بعد از آشنایی با توزیع‌های موزون آماری در بخش۲ ارتباط این خانواده از توزیع‌ها با پیشامدهای فازی را در بخش۳ مورد بررسی قرار داده و در نهایت نتیجه‌گیری می‌شود که این خانواده از توزیع‌ها را می‌توان به کمک پیشامدهای فازی تولید و تعمیم داد.

## ۲ توزیع های موزون

برای معرفی توزیع‌های موزون که ابتدا توسط فیشر (۱۹۳۴) ارایه شدند، بدون برهم‌خوردن کلیت مساله فرض کنید $X$ یک متغیر تصادفی پیوسته با تابع چگالی $f(x)$ باشد.

**تعریف ۱.۲.** اگر $w : \mathbb{R} \to \mathbb{R}^+$ یک تابع وزن اندازه‌پذیر با امید ریاضی متناهی باشد، تابع توزیع موزون $X$ تحت تابع وزن $w$ به صورت زیر تعریف می شود:

$$\mathrm{F}_W(x) = \frac{1}{E(w(X))} \int_{-\infty}^{x} w(z) f(z) dz. \qquad (1) \quad (1)$$

با مشتق گیری از رابطه (۱) نسبت به $x$ به سادگی می‌توان تابع چگالی موزون $X$ را به صورت

$$\mathrm{f}_w(x) = \frac{w(x)f(x)}{E(w(X))}, \qquad (2)$$

$to$

(۳)

نوشت. در حالت خاص اگر در رابطه (۱) تابع وزن به شکل $w(x) = x$ فرض شود در این صورت $F_W$ توزیع طول اریب نامیده می شود. لازم به ذکر است که رابطه (۲) برای متغیرهای تصادفی گسسته نیز برقرار است. با مقایسه توزیع آماره های ترتیبی، رکوردها، مدل های بریده شده و توزیع‌های چوله می توان آن‌ها را نیز متعلق به خانواده توزیع های موزون دانست.

در قضیه زیر نمایش دیگری از توزیع های موزون ارایه شده است [۳] :

**قضیه ۲.۲.** برای هر تابع توزیع $F$ و تابع وزن $w$ تابع توزیع موزون دارای فرم $F_W(x) = F^*(F(x))$ است که در آن:

$$F^*(u) = \frac{1}{E(w(X))} \int_0^u w\left(F^{-1}(z)\right) dz, \qquad u \in (0,1),$$

**اثبات. با اعمال تغییر متغیر $z = F^{-1}(u)$ در رابطه (۱) می‌توان نوشت:**

$$F_W(x) = \frac{1}{E(w(X))} \int_0^{F(x)} w\left(F^{-1}(u)\right) du = \int_0^{F(x)} f^*(u)\, du = F^*(F(x)).$$

بر اساس قضیه ۲.۲ مشخص است که تابع $f^*(u) = \frac{w\left(F^{-1}(u)\right)}{E(w(X))}$ یک تابع چگالی بدست آمده از توزیع $F^*(u)$ روی بازه $(0,1)$ است. این فرم در توزیع طول اریب به شکل

$$f^*(u) = \frac{F^{-1}(u)}{E(X)}$$

خواهد بود.

یکی از خواص توزیع های موزون ارتباط آن با منحنی لورنز است [۳] . منحنی لورنز یک نماش گرافیکی از نابرابری توزیع درامد در یک جامعه است که در سال ۱۹۰۵ توسط ماکس لورنز معرفی شد. برای متغیر تصادفی $X$ با امید ریاضی متناهی و تابع توزیع $F$ منحنی لورنز $L_X$ به

صورت

$$L_X(p) = \frac{1}{E(X)} \int_0^p F^{-1}(u)\, du, \qquad 0 \le p \le 1$$

داده می‌شود. از خواص این منحنی می‌توان به تابع توزیع و محدب بودن آن اشاره کرد. تامپسون (۱۹۷۶). بارتوسیویچ و اسکولیموسکا (۲۰۰۶) رابطه منحنی لورنز با توزیع های موزون را به صورت قضیه زیر بررسی کرده اند:

پس از مقدار دهی به هر کروموزوم می بایست با توجه به مقدارهایی که به آن داده شده و محدودیت های مسئله ی مورد نظر یک ارزش گذاری برای آن صورت دهیم که برای این ارزش گذاری یک تابع ارزش گذار را متناسب با محدودیت مسئله تعریف خواهیم کرد .

در الگوریتم های ژنتیک از عملگرهایی برای بهبود راه حل ها و بدست آوردن نسل های جدید استفاده می شود. دو عملگر مشهور در این الگوریتم ، عملگر ترکیب[1] و عملگر جهش[2] می باشد و با توجه به کروموزوم هایی که این دو عملگر برای نسل بعد تولید می کنند و همچنین کروموزوم هایی که دارای بهترین ارزش در نسل فعلی هستد را مستقیما به نسل بعد خواهیم برد و به این عمل، نخبه گرایی می گوییم.

در تولید نسل ها سعی داریم نسل به نسل به کروموزوم هایی با ارزش های مناسب تری دست پیدا کنیم، اما قبل از استفاده از دو عملگر ترکیب و جهش ، می بایست از یکی از روش های انتخاب استفاده کنیم برای اینکه مشخص شود روی کدام کروموزم ها عمل ترکیب یا جهش را انجام خواهیم داد.

در این قسمت می توان از روش های گوناگونی برای انتخاب تعدادی کروموزوم برای عمل ترکیب و تعدادی کرومزوم برای عمل جهش استفاده کرد که تعداد اینکه چند انتخاب صورت گیرد توسط دو پارامتر نرخ ترکیب و نرج جهش مشخص می شود، که ترجیح می دهیم این دو نرخ به صورت درصد بیان شود تا با توجه به تغییر تعداد جمعیت نیاز به تنظیم مجدد پیدا نکند،

[1] crossover s

[2] mutation

همچنین می بایست توجه شود که مجموع نرخ جهش[۳] و نرخ ترکیب[۴] و نرخ انتخاب نخبگان [۵](که مستقیما به نسل بعد می روند) همگی برابر یک شود، تا اندازه جمعیت در نسل های متفاوت ثابت باقی بماند [۶]، [۷].

برای مدل سازی این باید محیط مسئله را به شکل یک گراف در نظر گرفت و معادل با این گراف یک ماتریس مجاورت را در نظر بگیریم که عناصر این ماتریس بیان کننده ی وزن یال های گراف معرفی شده می باشند که در واقع همان فاصله میان مکان های مختلف محیط مورد نظر ما است که آن مکان ها را به عنوان گره های گراف در نظر گرفته ایم [۸]، [۹]، [۱۰]، [۱۱].

ماتریس شرح داده شده را $W$ می نامیم که ابعاد آن $n * n$ است و $n$ بیان گر تعداد گره های گراف تعریف شده می باشد.

برای جهت یابی ربات ، به یک ماتریس دیگر شبیه به همین ماتریس مجاورت نیاز داریم که از نظر ابعاد دقیقا همانند ماتریس $W$ می باشد ، ولی عناصر این ماتریس اعدادی هستند که بیان گر جهت حرکت ربات برای رفتن از گره ای به گره ی دیگر است ، مثلا می توان کدگذاری را به این گونه تعریف کنیم که عدد یک بیانگر جهت شمال و عدد دو بیانگر شمال شرقی و عدد سه بیانگر شرق و ... باشند ، نام ماتریس تعریف شده برای جهت یابی را $N$ خواهیم گذاشت که ابعاد برابری با $W$ خواهد داشت و ربات توسط این ماتریس، جهت حرکت های خود روی مسیر بدست آمده بدست خواهد آورد.

برای مقدار دهی به کروموزوم ها هر ژن را بیانگر یک گره از گراف در نظر می گیریم و جهت تمایز میان گره ها، به هر کدام یک عدد را نسبت داده و هر ژن نیز با بیان این اعداد به ترتیب، در واقع ترتیب ملاقات گره ها را بیان می کند که این خود فرآیند پیمایش مسیر را بازنمایی کرده است .

نکته دیگری در این جا مورد اهمیت هست که طول مسیر پیمایشی همیشه ثابت نیست و در نتیجه طول کروموزوم هم نمی تواند ثابت باشد .برای رفع این مشکل می توان رویکرد های متفاوتی را در نظر گرفت که یک رویکرد ساده این است هست که یک کران بالا برای فضای کروموزم در نظر گرفت و از سمت چپ به راست مقدار دهی را صورت دهیم و خانه های بی استفاده را مقدار

[3] Mutation-Rate

[4] Crossover- Rate

[5] Elitism

صفر دهیم که مشکلی برای مسیر بدست آمده ایجاد نشود.

همان طور که در مقدمه گفته شد راه حل ها نیاز به ارزش گذاری دارند دو فاکتور معرفی شده فاصله و همچنین تعداد برخورد ها با موانع جهت ارزش گذاری بر روی کروموزوم ها خواهند بود که برای بدست آوردن آن یک تابع برازندگی[۶] تعریف خواهیم کرد که هم معیار فاصله پیمایش شده را در نظر می گیرد و هم موانع را در نظر می گیرد .

فرض کنید یک مجموعه به نام مجموعه P وجود دارد که شامل شماره تمامی گره های ممکن می باشد و هنگامی که با مانع مواجه شویم و آن گره غیر قابل عبور باشد، از مجموعه حذف خواهد شد و چون ما مقادیر کروموزوم ها را از میان اعضای این مجموعه انتخاب می شود، دیگر روی مسیر های بدست آمده مسیری با مانع نخواهم داشت و لازم به ذکر هست زمانی که مانع رفع شود شماره گره مجدداً به لیست اضافه خواهد شد و این فرایند حذف و اضافه متناسب با پویایی محیط صورت خواهد گرفت.

تابع برازندگی برای مسئله مسیریابی به شکل زیر تعریف خواهد شد:

$$f(ch) = ((۱ + \rho)^{\alpha} \times \sum_{i \in ch} (\text{Distance}(ch(i).ch(i+۱))))$$

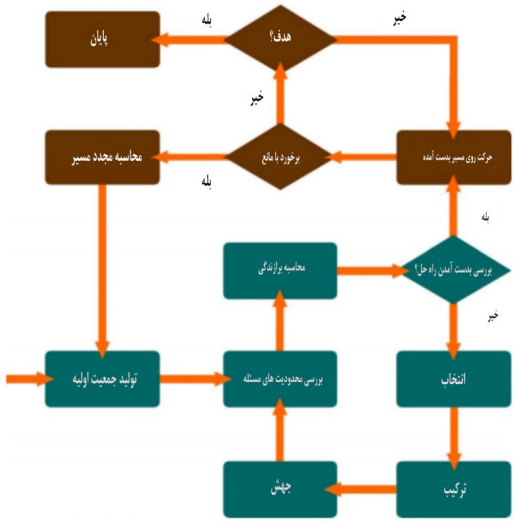
در تابع برازندگی تعریف شده ، کروموزوم ها به عنوان ورودی در نظر گرفته شده اند و برای ازریابی کروموزوم ها طول مسیر هر کدام را محاسبه خواهیم کرد، که برای این کار از تابع Distance استفاده خواهیم کرد که این تابع با گرفتن شماره گره ها به عنوان ورودی و با توجه به فاصله میان گره ها که در ماتریس W نگه داشته شده است، طول مسیر را بدست خواهد آورد . در تابع تعریف شده تعداد برخورد ها با مانع در مسیر پیشنهادی می باشد که فقط با مشاهده موانع پویا ممکن هست موجب افزایش مقدار آن شوند و توسط تابع زیر (۲) مقدار دهی می شود، اما ممکن هست این سوال پیش بیاید که چگونه برخورد با مانع صورت گیرد در حالی که گره ها از دامنه حذف شده اند ، پاسخ این است که محیط پویا هست و ممکن هست مسیر های بهینه ای که از قبل نگه داشته ایم در زمان فعلی محاسبات دارای مانع شده باشند لذا می بایست یک پارامتر برای برخورد با مانع در ارزش گذاری نگه داریم که در اجراهای بعدی (آنلاین) از آن استفاده خواهد شد. پارامتر دیگری که مشاهده می شود می باشد که آن میزان اهمیت برخورد با مانع را نشان می

[6] Fitness Function

دهد که در صورت اهمیت برخورد با مانع برای ما می تواند روی مقدار زیادی تنظیم شود .

$$g(ch) = \begin{cases} \rho + ۱ & . if\ ch(i) \notin P \\ \rho & . otherwise \end{cases}$$

رویکرد کلی در فلوچارت زیر شرح داده می شود(شکل ۱).




شکل ۱: فلوچارت، شکل شماره یک (۱)

پس از محاسبه برازندگی ، بررسی خواهیم کرد که آیا در میان جمعیت فعلی کروموزومی وجود دارد که راه حل مسئله مسیریابی باشد یا خیر؟ در صورتی که هنوز راحل بدست نیامده باشد ، می بایست از دو عملگر ترکیب و جهش استفاده شود که باید از یکی از روش های انتخاب استفاده شود که می توان از روش چرخ رولت [۷]، تورنومنت[۸] و یا رقابت استعماری[۹] استفاده کرد ، اما در این مقاله از روش چرخ رولت برای عمل انتخاب استفاده شده است که از محبوب ترین و پرکاربردترین روش های انتخاب است. در این روش هر یک از کروموزوم ها بسته به میزان مناسب بودنشون

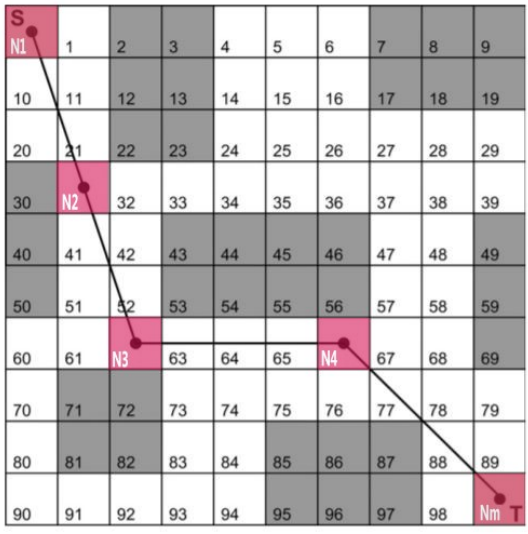
[7] roulette wheel
[8] tournament
[9] Imperialist competitive

(بر اساس تابع برازش) احتمال انتخاب شدن بیشتری پیدا خواهند کرد و به عبارت دیگر هر چه یک کروموزوم بهتر باشه احتمال انتخاب شدن آن برای تولید نسل بعدی بیشتر خواهد بود و برعکس هر چه کروموزوم دارای ارزش کمتری باشد، احتمال انتخاب شدن اون برای نسل بعدی کمتر خواهد بود. پس از انتخاب و انجام عمل ترکیب و جهش مجددا برازندگی برای کروموزوم ها محاسبه می شود و این بررسی صورت می گیرد که اگر به راه حل دست پیدا کنیم، باید با توجه به ماتریس جهت یابی حرکت روی مسیر را بدست آورده و روی آن حرکت کنیم و در صورت عدم برخورد با مانع و رسیدن به هدف کار به اتمام می رسد و در صورت خوردن به مانع، مسیر مجددا محاسبه خواهد شد ( در واقع مجموعه P بروزرسانی خواد شد) و محاسبات از سر گرفته می شود.

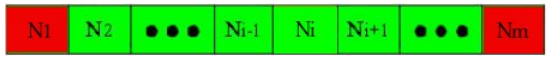
## ۳ شبیه سازی

برای شبیه سازی محیط را یک دانشگاه در نظر گرفته ایم که در آن$m$ دانشکده وجود دارد. ربات همراه قرار هست که $m$ تاییدیه را از $m$ معاون دانشکده دریافت کند. برای مسیریابی به یک گراف برای ورودی الگوریتم نیاز مندیم که در آن مسیر ها و فواصل میان دانشکده ها مشخص شده است. به هر دانشکده یک عدد نسبت می دهیم که این اعداد گره های گراف ورودی می باشند . با فرض اینکه ترتیب دریافت تاییدیه ها اهمیت نداشته باشد و همچنین در نظر گرفتن موانع به صورت تصادفی به صد کروموزوم مقدار دهی اولیه صورت می دهیم. در مقدار دهی اولیه ژن نخست را عددی ثابت در نظر می گیریم، زیرا محل شروع ثابت می باشد. بدیهی است اگر بخواهیم محل پایان هم ثابت باشد آن را همانند شکل زیر ثابت در نظر خواهیم گرفت.

در شکل بالا قسمت های قرمز رنگ نشان دهنده گره شروع و پایان هستد و قسمت های سبز رنگ بیان گر مسیر پیمایشی میان این دو با شرط ملاقات دانشکده ها می باشد. در مجموعه P علاده بر گره هایی دانشکده ها را نشان می دهند، گره های بدون مانع در محیط را نیز قرار خواهیم داد . برای حل این نمونه مسئله با استفاده از الگوریتم ژنتیک در ابتدا باتوجه به مجموعه P به صورت تصادفی به کروموزوم ها مقدار اولیه می دهیم و سپس هر یک از کروموزوم ها را با تابع برازندگی، ارزیابی می کنیم. پس از ارزیابی بررسی می شود که آیا راه حل مورد نظر مسئله در میان راه حل های موجود در جمعیت اولیه وجود دارد یا خیر؟ اگر راه حل وجود داشت که روی مسیر




شکل ۲: شکل شماره دو (۲)




شکل ۳: شکل شماره سه (۳)

بدست آمده حرکت می کنیم و در صورد عدم برخورد با مانع به هدف خواهیم رسید و اگر به راه حل دست پیدا نکرده ایم با استفاده از عملگر های ژنتیک نسل بعد را تولید می شود و پس از ازریابی کروموزوم های نسل جدید، مجددا شرط توقف الگوریتم بررسی خواهد شد.

## ۴ نتیجه

همان گونه که در مقدمه بیان شد تاکنون روش های زیادی برای مسئله مسیریابی ارئه شده است. روش پیشنهاد شده در این مقاله را با الگوریتم $A^*$ مقایسه کرده ایم، این الگوریتم از الگوریتم های معروف جستجو، با مرتبه ی اجرایی نمایی می باشد و برای استفاده آن نیازمند به پردازشگر های قدرتمند برای محیط های پیچیده خواهیم بود.[۱۲] الگوریتم $A^*$ نتایج بهتری نسبت به الگوریتم ژنتیک کسب می کند، اما هزینه زمان اجرا سنگینی برای ما دارد به طوری که برای گراف های

نسبتا بزرگ امیدی برای رسیدن به جواب نخواهیم داشت. در آخر این نتیجه گیری را داریم که الگوریتم های اکتشافی همانند الگوریتم ژنتیک با توجه به هوشمندی در رفتار خود، روش مناسبی برای مسیریابی ربات های همراه هستند و با توجه به توانایی پردازشی در ربات های همراه، بسیار بهینه تر از الگوریتم های سنگینی چون $A^*$ عمل خواهند کرد ما مشکلی که در این الگوریتم ها وجود دارد این هست که تضمینی در پیدا کردن جواب بهینه با ما نمی دهند و این غیر قطعی بودن در نگاه اول برای ما کمی ترسناک به نظر می آید، در حالی که اگر بتوان به خوبی آن ها را مدل سازی و طراحی کرد، برای حل مسائلی که در زندگی روزمره با آن مواجه هستیم روشی بسیار مناسب و بهینه ای خواهد بود.

## مراجع

[1] P. Raja and S. Pugazhenthi, Optimal path planning of mobile robots, International Journal of Physical Sciences, 7(2012), p. 1314 –1320

[2] N. Nedjah, L. Coelho and L. Mourelle, Mobile Robots: The Evolutionary Approach, Studies in Computational Intelligence Springer, 50(2007).

[3] D. Q. Zhu, M. z. Van, Survey on technology of mobile robot path planning, Control and Decision,25(2010), p.961-967.

[4] Z.M. Wang, Path Planning and Trajectory Tracking of Mobile Robot, CN Ordnance Industry Press,(2008).

[5] S. O.loon, H. C Yoon, Complete coverage navigation of cleaning robots using triangular cell-based map, IEEE Transactions on Industrial Electronics, 51(2004), p.718- 726.

[6] Y. Hu and S. Yang, A knowledge based genetic algorithm for path planning of a mobile robot, International Conference on Robotics and Automation, (2004).

[7] Q. Li, X. Tong, S. Xie, and Y. Zhang, Optimum path planning for mobile robots based on a hybrid genetic algorithm, Sixth International Conference on Hybrid Intelligent Systems, (2006).

[8] L. Lin, H. Wang, and Q. Wu, Improved genetic algorithms based path planning of mobile robot under dynamic unknown environment. louyang, International Conference on Mechatronics and Automation, (2006).

[9] N. Sadati and J. Taheri, Genetic algorithm in robot path planning in crisp and fuzzified environments, International Conference on Industrial Technology, (2002).

[10] P. Raja and S. Pugazhenthi, Path planning for a mobile robot using real coded genetic algorithm, International Journal of Advanced Robotic Systems, 10( 2009) ,p. 27–39.

[11] Tauã M. Cabreira , Graçaliz P. Dimuro , Marilton S. de Aguiar, An Evolutionary Learning Approach for Robot Path Planning with Fuzzy Obstacle Detection and Avoidance in a Multi-agent Environment, Social Simulation (BWSS), Third Brazilian Workshop (2013)

[12] Jitin Kumar Goyal , K.S. Nagla , A New Approach of Path Planning for Mobile Robots, International Conference on Advances in Computing,Communications and Informatics, (2014).

[13] S. Russel and P. Norvig, Artificial Intelligence: A Modern Approach. Prentice Hall Series, (2003).

[14] David Poole , Alan Mackworth Artificial Intelligence: Foundations of Computational Agents, second edition, Cambridge University Press (2017)