

تعمیم توزیع‌های موزون توسط توزیع‌های دومتغیره بر پایه پیشامدهای فازی

رضا پورموسی

بخش آمار، دانشکده ریاضی و کامپیوتر، دانشگاه شهید باهنر، کرمان، ایران

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

معمولاً 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 می‌گیرد. در برخی موارد نیز مشاهدات حاصل از یک فرایند تصادفی با احتمالات متناسب با توابع وزنی ثبت می‌شوند. با حضور این اشکالات، صحت مشخصات مدل و درستی تفسیر داده‌ها از اهمیت زیادی برخوردار است. زیرا یک مدل آماری مناسب، به استنباط بی طرفانه فرایند حتی با وجود داده‌های جانبدارانه کمک کرده و گاهی منجر به ارائه یک راهکار اقتصادی و اطلاعاتی می‌شود. مفهوم توزیع‌های موزون یک رویکرد مشخص برای رفع این اشکالات را فراهم می‌آورد. این رویکرد با تعدیل احتمالات وقوع اتفاق‌های ثبت شده، باعث بهبود مدل آماری مشاهدات می‌شود. به عبارت دیگر زمانی که اخذ نمونه از توزیع اصلی و توزیع تعمیم یافته وزنی امکان پذیر است با انتخاب یک تابع وزن مناسب می‌توان یک برازش مطلوب تر بر روی مشاهدات اعمال

Mathematics Subject Classification (2010): 62A86 , Email: rezapourmousa@yahoo.com .

عبارات و کلمات کلیدی: توزیع موزون، پیشامد فازی، احتمال فازی، تابع عضویت

۱۳۹۹ (انجمن سیستم‌های فازی ایران)

کرد. ایده توزیع‌های موزون که ابتدا توسط فیشر (۱۹۳۴) ارائه گردید در بسیاری از مطالعات آماری مربوط به قابلیت اطمینان و همچنین تجزیه و تحلیل داده‌های زیستی کاربرد دارد. راتو (۱۹۶۵) فرم کلی این خانواده از توزیع‌ها را به منظور مدل سازی داده‌ها، وقتی استفاده از توزیع استاندارد مناسب نیست، ارائه کرد. هدف بسیاری از محققین در سال‌های اخیر، معرفی خانواده‌های جدید از توزیع‌های موزون بمنظور بهبود کارایی مدل‌های آماری است. در این مقاله با استفاده از مفاهیم فازی، به معرفی یک خانواده از توزیع‌های موزون پرداخته و ارتباط آن را با سایر خانواده‌های موجود بیان می‌کنیم. در این مقاله بعد از آشنایی با توزیع‌های موزون آماری در بخش ۲ ارتباط این خانواده از توزیع‌ها با پیشامدهای فازی را در بخش ۳ 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 توزیع‌های موزون

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

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

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

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

$$f_w(x) = \frac{w(x)f(x)}{E(w(X))}, \quad (2)$$

to

$$(3)$$

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 می‌شود. لازم به ذکر است که رابطه (۲) برای متغیرهای تصادفی گسسته نیز برقرار است. با مقایسه توزیع آماره‌های ترتیبی، رکوردها، مدل‌های بریده شده و توزیع‌های چوله می‌توان

آن‌ها را نیز متعلق به خانواده توزیع های موزون دانست.

در قضیه زیر نمایش دیگری از توزیع های موزون ارائه 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:

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

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

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

بر اساس قضیه ۲.۲ مشخص است که تابع $f^*(u) = \frac{w(F^{-1}(u))}{E(w(X))}$ 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 نمایش گرافیکی از نابرابری توزیع درآمد 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

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

داده می‌شود. از خواص این منحنی می‌توان به تابع توزیع و محدب بودن آن اشاره کرد. تامپسون (۱۹۷۶). بارتوسویچ 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 می‌بایست 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

می‌شود. دو عملگر مشهور در این الگوریتم، عملگر ترکیب^۱ و عملگر جهش^۲ می‌باشد و با توجه به کروموزوم‌هایی که این دو عملگر برای نسل بعد تولید می‌کنند و همچنین کروموزوم‌هایی که دارای بهترین ارزش در نسل فعلی هستند را مستقیماً به نسل بعد خواهیم برد و به این عمل، نخبه‌گرایی می‌گوییم.

در تولید نسل‌ها سعی داریم نسل به نسل به کروموزوم‌هایی با ارزش‌های مناسب تری دست پیدا کنیم، اما قبل از استفاده از دو عملگر ترکیب و جهش، می‌بایست از یکی از روش‌های انتخاب استفاده کنیم برای اینکه مشخص شود روی کدام کروموزوم‌ها عمل ترکیب یا جهش را انجام خواهیم داد.

در این قسمت می‌توان از روش‌های گوناگونی برای انتخاب تعدادی کروموزوم برای عمل ترکیب و تعدادی کروموزوم برای عمل جهش استفاده کرد که تعداد اینکه چند انتخاب صورت گیرد توسط دو پارامتر نرخ ترکیب و نرخ جهش مشخص می‌شود، که ترجیح می‌دهیم این دو نرخ به صورت درصد بیان شود تا با توجه به تغییر تعداد جمعیت نیاز به تنظیم مجدد پیدا نکنند، همچنین می‌بایست توجه شود که مجموع نرخ جهش^۳ و نرخ ترکیب^۴ و نرخ انتخاب نخبگان^۵ (که مستقیماً به نسل بعد می‌روند) همگی برابر یک شود، تا اندازه جمعیت در نسل‌های متفاوت ثابت باقی بماند [۶]، [۷].

برای مدل‌سازی 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 بیان‌کننده‌ی وزن یال‌های گراف معرفی شده می‌باشند که در واقع همان فاصله میان مکان‌های مختلف محیط مورد نظر ما است که آن مکان‌ها را به عنوان گره‌های گراف در نظر گرفته ایم [۸]، [۹]، [۱۰]، [۱۱].

ماتریس شرح داده شده را W می‌نامیم که ابعاد آن $n * n$ است و n بیان‌گر تعداد گره‌های گراف تعریف شده می‌باشد.

برای جهت‌یابی ربات، به یک ماتریس دیگر شبیه به همین ماتریس مجاورت نیاز داریم که از نظر ابعاد دقیقاً همانند ماتریس W می‌باشد، ولی عناصر این ماتریس اعدادی هستند که بیان‌گر جهت حرکت ربات برای رفتن از گره‌ای به گره‌ی دیگر است، مثلاً می‌توان 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 جهت‌یابی را IN خواهیم گذاشت که ابعاد برابری با W خواهد داشت و ربات توسط این ماتریس، جهت حرکت‌های خود روی مسیر بدست آمده بدست خواهد آورد.

برای مقدار دهی به کروموزوم‌ها هر ژن را بیانگر یک گره از گراف در نظر می‌گیریم و جهت تمایز میان

¹crossover s

² mutation

³ Mutation-Rate

⁴Crossover- Rate

⁵Elitism

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 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 نخواهیم 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:

$$f(ch) = ((1 + \rho)^\alpha \times \sum_{i \in ch} (\text{Distance}(ch(i), ch(i+1))))$$

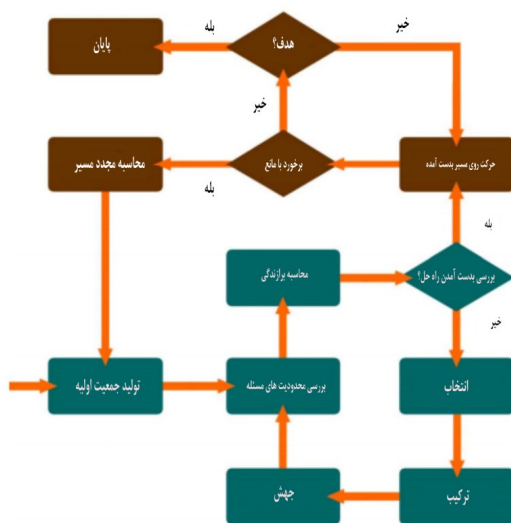
در تابع برازندگی تعریف شده ، کروموزوم ها به عنوان ورودی در نظر گرفته شده اند و برای ارزیابی کروموزوم ها طول مسیر هر کدام را محاسبه خواهیم کرد، که برای این کار از تابع Distance استفاده خواهیم کرد که این تابع با گرفتن شماره گره ها به عنوان ورودی و با توجه به فاصله میان گره ها که در ماتریس W نگه داشته شده 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

⁶ Fitness Function

نشان می‌دهد که در صورت اهمیت برخورد با مانع برای ما می‌تواند روی مقدار زیادی تنظیم شود.

$$g(ch) = \begin{cases} \rho + 1 & . \text{if } ch(i) \notin P \\ \rho & . \text{otherwise} \end{cases}$$

رویکرد کلی در فلوچارت زیر شرح داده می‌شود (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، می‌بایست از دو عملگر ترکیب و جهش استفاده شود که باید از یکی از روش‌های انتخاب استفاده شود که می‌توان از روش چرخ رولت^۷، تورنمنت^۸ و یا رقابت استعماری^۹ استفاده کرد، اما در این مقاله از روش چرخ رولت برای عمل انتخاب استفاده شده است که از محبوب‌ترین و پرکاربردترین روش‌های انتخاب است. در این روش هر یک از کروموزوم‌ها بسته به میزان مناسب بودنشان (بر اساس تابع برازش) احتمال انتخاب شدن بیشتری پیدا خواهند کرد و به عبارت دیگر هر چه یک کروموزوم بهتر باشد احتمال انتخاب شدن آن برای

⁷ roulette wheel

⁸ tournament

⁹ Imperialist competitive

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 مجدداً برازندگی برای کروموزوم‌ها محاسبه می‌شود و این بررسی صورت می‌گیرد 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 می‌رسد و در صورت خوردن به مانع، مسیر مجدداً محاسبه خواهد شد (در واقع مجموعه P بروزرسانی خواهد شد) و محاسبات از سر گرفته می‌شود.

۳ شبیه سازی

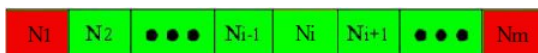
برای شبیه سازی محیط را یک دانشگاه در نظر گرفته ایم که در آن m دانشکده وجود دارد. ربات همراه قرار هست که m تاییدیه را از m معاون دانشکده دریافت کند. برای مسیریابی به یک گراف برای ورودی الگوریتم نیاز مندیم که در آن مسیرها و فواصل میان دانشکده‌ها مشخص شده است. به هر دانشکده یک عدد نسبت می‌دهیم که این اعداد گره‌های گراف ورودی می‌باشند. با فرض اینکه ترتیب دریافت تاییدیه

| | | | | | | | | | |
|----|----|----|----|----|----|----|----|----|------|
| S | | | | | | | | | |
| N1 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 |
| 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 |
| 20 | 21 | 22 | 23 | 24 | 25 | 26 | 27 | 28 | 29 |
| 30 | N2 | 32 | 33 | 34 | 35 | 36 | 37 | 38 | 39 |
| 40 | 41 | 42 | 43 | 44 | 45 | 46 | 47 | 48 | 49 |
| 50 | 51 | 52 | 53 | 54 | 55 | 56 | 57 | 58 | 59 |
| 60 | 61 | N3 | 63 | 64 | 65 | N4 | 67 | 68 | 69 |
| 70 | 71 | 72 | 73 | 74 | 75 | 76 | 77 | 78 | 79 |
| 80 | 81 | 82 | 83 | 84 | 85 | 86 | 87 | 88 | 89 |
| 90 | 91 | 92 | 93 | 94 | 95 | 96 | 97 | 98 | Nm T |

شکل ۲: شکل شماره دو (۲)

ها اهمیت نداشته باشد و همچنین در نظر گرفتن موانع به صورت تصادفی به صد کروموزوم مقدار دهی اولیه صورت می‌دهیم. در مقدار دهی اولیه ژن نخست را عددی ثابت در نظر می‌گیریم، 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.



شکل ۳: شکل شماره سه (۳)

در شکل بالا قسمت‌های قرمز رنگ نشان دهنده گره شروع و پایان هستند و قسمت‌های سبز رنگ بیان‌گر مسیر پیمایشی میان این دو با شرط ملاقات دانشکده‌ها می باشد. در مجموعه P علاوه بر گره‌هایی دانشکده‌ها را نشان می دهند، گره‌های 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 کروموزوم‌ها مقدار اولیه می دهیم و سپس هر یک از کروموزوم‌ها را با تابع برازندگی، ارزیابی می کنیم. پس از ارزیابی بررسی می شود که آیا راه حل مورد نظر مسئله در میان راه حل‌های موجود در جمعیت اولیه وجود دارد یا خیر؟ اگر راه حل وجود داشت که روی مسیر بدست آمده حرکت می کنیم و در صورت عدم برخورد با مانع به هدف خواهیم رسید و اگر به راه حل دست پیدا نکرده ایم با استفاده از عملگرهای ژنتیک نسل بعد را تولید می شود و پس از ارزیابی کروموزوم‌های نسل جدید، مجدداً شرط توقف الگوریتم بررسی خواهد شد.

۴ نتیجه

همان گونه که در مقدمه بیان شد تاکنون روش‌های زیادی برای مسئله مسیریابی ارئه شده است. روش پیشنهاد شده در این مقاله را با الگوریتم A^* مقایسه کرده ایم، این الگوریتم از الگوریتم‌های معروف جستجو، با مرتبه ی اجرایی نمایی می باشد و برای استفاده آن نیازمند به پردازشگرهای قدرتمند برای محیط‌های 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 گراف‌های نسبتاً بزرگ امیدوی برای رسیدن به جواب نخواهیم داشت. در آخر این نتیجه گیری را داریم که الگوریتم‌های اکتشافی همانند الگوریتم ژنتیک با توجه به هوشمندی در رفتار خود، روش مناسبی برای مسیریابی ربات‌های همراه هستند و با توجه به توانایی پردازشی در ربات‌های همراه، بسیار بهینه تر از الگوریتم‌های سنگینی چون A^* عمل خواهند کرد ما مشکلی که در این الگوریتم‌ها 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 آن‌ها 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. Pugazhenthii, 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. Pugazhenthii, 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)