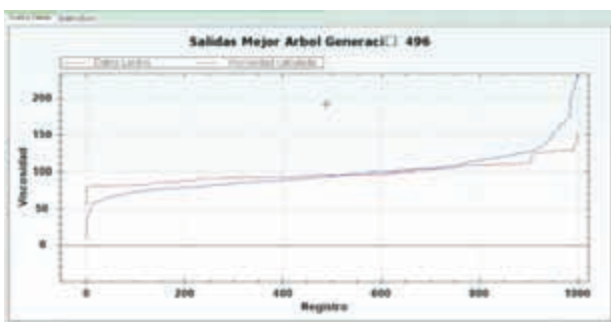
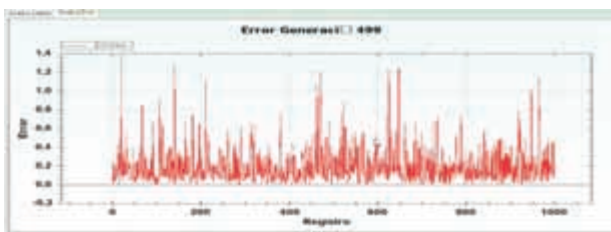
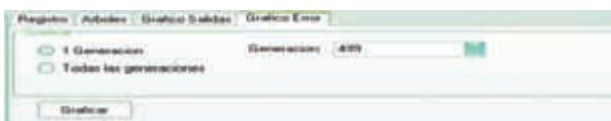


También, mediante la pestaña "Gráfico Salidas", se permite graficar los mejores árboles en cada generación con la opción de describirlos en la disposición en que se leyeron los datos del archivo u ordenarlos en función del eje Y, el de la viscosidad:

El árbol graficado se compara contra la curva de los datos de viscosidad leídos del archivo de datos, los valores del árbol de la generación se explicitan en color azul y los leídos del archivo en color rojo:



En la última pestaña del panel de información se puede escoger el error generado en cada una de las generaciones, y graficarlo o simplemente mostrar una falta general de todo el entrenamiento. Ésta es la falla global calculada entre las salidas de los mejores árboles y los datos de viscosidad leídos del archivo de datos.



De esta forma, se obtiene una solución adecuada para el cálculo de la viscosidad, y de no ser así, el entrenamiento podría ser reiniciado desde el punto en el que se terminó el anterior, para poder partir de la solución encontrada, hasta el momento y hallar la deseada.

Conclusiones

- El índice de viscosidad a pesar de ser una variable de difícil medición, se puede obtener a partir de las variables que intervienen en el proceso no lineal.
- Para una acertada selección de variables no son suficientes los modelos teóricos, sino el apoyo en los procesos y realizar pruebas para determinar el comportamiento del patrón por replicar.
- La programación genética es una herramienta computacional que permite diseñar el modelo, realizar el entrenamiento y la validación a través del modelo, comparando las salidas del programa con los valores dados por el sensor real.
- La metodología de clonación es aplicable a modelos que representan sistemas no lineales.
- Se logró replicar el sensor por mapeo genético evolutivo con base en algoritmos y programación genética, comprobándose que es posible construir sistemas capaces de solucionar problemas con gran calidad.
- La siguiente etapa de la investigación es desarrollar metodologías de diseño para clonación en circuitos integrados, cuyo desarrollo se puede soportar utilizando Field Programmable Gates Arrays FPGA.

- DELGADO, A. (1998) Inteligencia Artificial y Minirobots. ECOE Ediciones. Segunda Ed. pp. 147-168.
- GOLDBERG, D., (1989). Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison Wesley.
- HOLLAND, J. H., (1992) Adaptation in Natural and Artificial Systems, 2a ed., MIT Press.
- MITCHELL, M. (2002). An Introduction To Genetic Algorithms. Eight edition. Cambridge: MIT Press.
- MUÑOZ, A., (2000). Tecnología de clonación artificial on-line de sensores y controladores. Oficina Internacional de Inventiones, Patentes y Marcas, República de Cuba. Registros No. 7-789735.
- _____ (1998). "Cloning process for genetic algorithms: part I, Fundamentals", University of Havana, 15 (2), pp.58-69.
- _____, (1998). "Cloning process for genetic algorithms: part II, Research Topics", University of Havana, 15 (4), pp.170-181.
- PABA, A. y NUÑEZ, C. (2000.) "Implementación de sensores inteligentes utilizando redes neuronales aplicados en procesos de refinación del petróleo". Universidad Autónoma de Bucaramanga. Colombia.
- ZADEH, L., (1975) Fuzzy Logic and Approximate Reasoning, Synthese 30, pp. 407-428.

Clonación artificial de un controlador on-line, basado en lógica difusa y algoritmos genéticos

Por: ¹BALLESTEROS, R, Javier A.
²GUEVARA, P. Alonso

RESUMEN

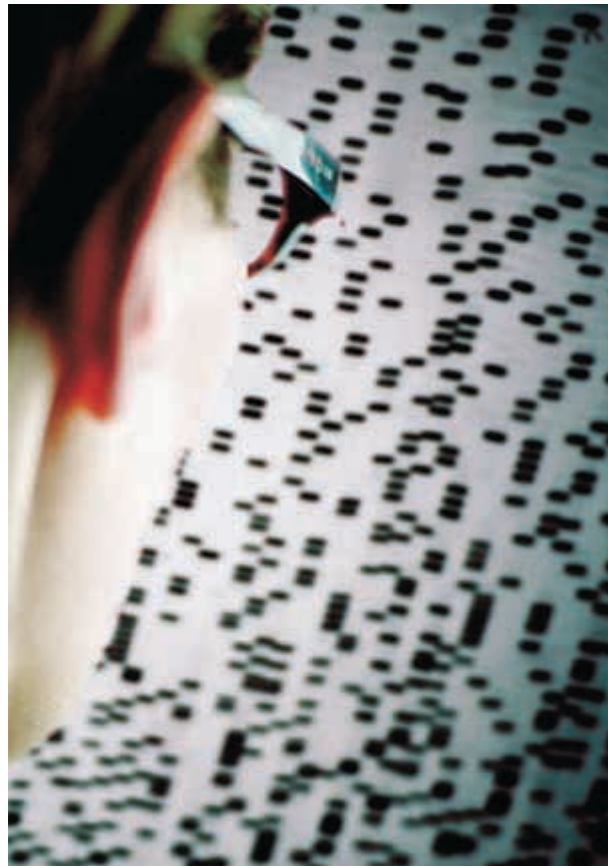
Los Algoritmos Genéticos son procedimientos adaptativos para la búsqueda de soluciones en espacios complejos, inspirados en la evolución biológica, con patrones de operaciones basados en el principio darwiniano de reproducción y supervivencia de los individuos que mejor se adaptan al entorno en que viven. En este artículo se presenta un estudio sobre los Algoritmos Genéticos y la Lógica Difusa, para desarrollar una metodología propuesta y replicar la caja negra de un controlador, utilizando procedimientos de obtención del conjunto de reglas de inferencia, agrupamiento difuso y después aplicar el desarrollo del algoritmo genético simple con algunas alteraciones, buscando el objetivo del trabajo propuesto.

Palabras clave: Algoritmos Genéticos, Lógica Difusa, Control, Clon.

ABSTRACT

Genetic Algorithms are adaptive procedures to the search of solutions in complex spaces, inspired by biological evolution, with operations patterns based on the individuals' reproduction and survival Darwinian's principle of those who adapt better to the environment in which they live. This article develops a study of the Genetic Algorithms and the Diffuse Logic, to develop a proposed methodology and to reply the black box of a controller, using procedures of collecting the set of inference rules, diffuse cluster, and later to apply the simple genetic algorithm development with some alterations, looking for the objective of the proposed work.

Key word: Genetic Algorithms, Diffuse Logic, Control, Cloning.



Metodología de clonación artificial

Agrupamiento difuso

El agrupamiento difuso o también llamado "Clustering", es una metodología, que permite la división del universo de discurso en diferentes grupos. El propósito de este agrupamiento es identificar los "grupos naturales" de datos a lo largo de un "data set", donde este conjunto representa fielmente el comportamiento del sistema [Zadeh, 1965]. Como es evidente, el procedimiento, busca clasificar, de la mejor manera, los datos de entrada en los respectivos clusters. Éstos serán posteriormente reflejados en conjuntos difusos. Este último paso, revela la gran importancia de la teoría del agrupamiento.

Para realizar este tipo de "Clustering" se emplean diversas técnicas, una de las más populares es la denominada "Fuzzy c-means"³ y consiste en un agrupamiento de datos, donde a cada uno le corresponde un grado de pertenencia.

Para implementar el "Fuzzy c-mean", se deben realizar los siguientes pasos:

1. Seleccionar el número de clusters
2. Poner en el espacio los centros de los clusters aleatoriamente.
3. Asignar un grado de membresía a cada punto dependiendo de su distancia a cada centro.
4. Calcular nuevamente los centros.
5. Repetir los pasos hasta que los centros no cambien significativamente.

Selección de los clusters de entrada y de salida.

Se dispone de la información de entrada y de salida ya filtrada y lista para la realización de los clusters. Se debe entonces seleccionar el número de éstos para cada variable. Esta tarea, es sin lugar a dudas una de las tantas que afectará el correcto funcionamiento del sistema clonado. Un gran número de clusters puede exigir una mayor cantidad de ciclos de procesamiento y una cantidad mínima, evitará que el sistema encuentre una solución con la precisión necesaria para ser considerado experto.

Clonación

La metodología aquí propuesta, permite la clonación de dispositivos como sensores y controladores, por cuanto

³Esta técnica fue originalmente introducida por Jim Bezded en 1981, como un mejoramiento a los métodos iniciales de "Clustering", el gran aporte de esta metodología radica en su facilidad para agrupar datos de espacios multidimensionales dentro de un número de diferentes clusters.

consiste en una metodología completa para el reemplazo de los elementos mencionados [Ballesteros J. y Guevara, 2004].

Creación de clusters

El primer paso en la etapa de clonación consiste en crear los clusters para los valores de las entradas y salidas. Esto contribuirá a la concepción de una metodología que pueda trabajar con problemas multiobjetivo.

Para lograr este enfoque, es necesario, aplicar el "fuzzy c-means" [Muñoz A, 2003] con el fin de encontrar los respectivos clusters de cada señal. Dichos elementos, tienen una representación en conjuntos difusos, por lo que un valor V1 se puede representar en n valores de pertenencia, donde n es el número de clusters de la variable en mención. Este procedimiento se aprecia en la figura 2.

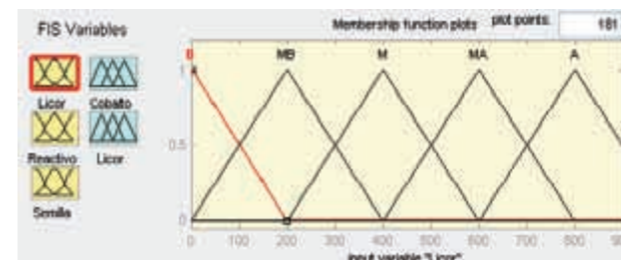


Figura 2. Creación de cluster.

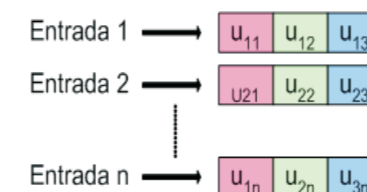


Figura 3. Representación del proceso

Este procedimiento se repite en las entradas del sistema y para todas las salidas, pasando de una representación por valor a una representación por grado de pertenencia en los clusters, tal como se aprecia en la figura 3.

Creación de los cromosomas.

Para la creación de cromosoma, fue implementada la visión dada por la referencia [Delgado, 1998], en la cual se utiliza una división de éste en antecedentes y consecuentes. Los antecedentes corresponden a las entradas del sistema, es decir, las diferentes variables que influyen en la inferencia de la o de las variables de salida. En esta sección también se puede encontrar la información codi-

ficada de los clusters, grados de pertenencia y tipos de conjuntos difusos, entre otros.

Los consecuentes del cromosoma contienen información obtenida de los antecedentes, esta puede ser, características estáticas y dinámicas [Muñoz, A. 1985] [Muñoz, A. 2003], valor de salida propuesto, error estático y dinámico, entre otros. La selección de los antecedentes y los consecuentes es libre y constituye una de las tareas más importantes para el desarrollo del proceso de clonación, esto debido a que es en este punto, donde se selecciona la información relevante para la clonación. La cantidad y variedad de los denominados "genes" [Coello, 2004] del cromosoma será por lo tanto una de las decisiones particulares en cada proceso.

Codificación del cromosoma.

La codificación del cromosoma es uno de los pasos de mayor importancia, debido a la gran variedad de representaciones para los valores y estados de un sistema. Para el caso de este estudio se toma la Codificación binaria [Coello, C. 2004], la más utilizada para realizar operaciones genéticas (cruce, mutación) [Coello, C. 2004] [Goldberg, D. 1989], exige generalmente que el tamaño de los cromosomas crezcan cuando buscan la representación de varios valores con un alto grado de precisión.

Algoritmo genético.

El Algoritmo Genético (AG) [Coello, C. 2004] [Goldberg, D. 1989], como se mencionó anteriormente, es el encargado de realizar la búsqueda de la correcta secuencia de operadores genéticos, que llevarán las entradas a la salida deseada. El procedimiento se ilustra en la figura 4. Las primeras etapas se mencionan a continuación.

Inicialización del Algoritmo Genético: en esta etapa se crean los individuos de la primera población. Es recomendable generar individuos aleatoriamente. Cabe aclarar que en algunos casos el desarrollador puede tener indicios de la secuencia correcta de los operadores genéticos por aplicar, lo que requiere, iniciar alguna porción de la población con valores dados por el usuario y dejar a los individuos faltantes para un proceso de creación aleatoria.

Evaluar la característica de rendimiento: se evalúa si la característica seleccionada ha disminuido o aumentado, dependiendo de cada caso. Por ejemplo en sensores clonados, es común utilizar la medida del error entre la medición real y la del controlador clonado, como calificación para el individuo (secuencia de operadores genéticos).

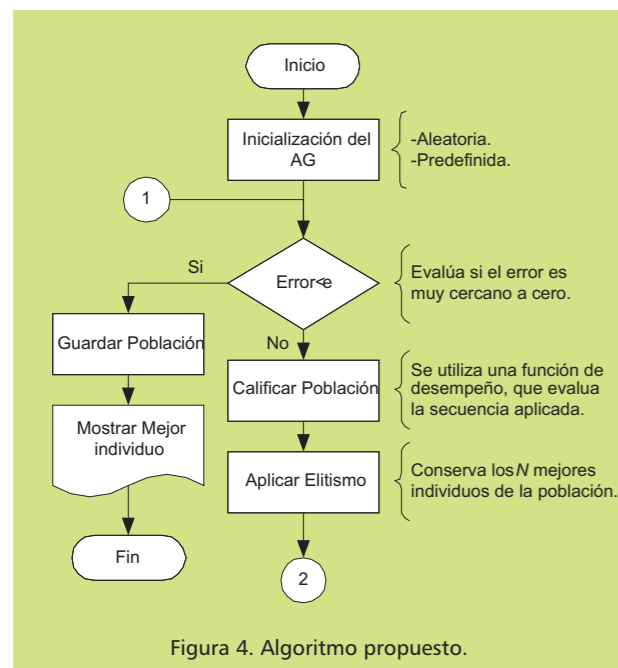


Figura 4. Algoritmo propuesto.

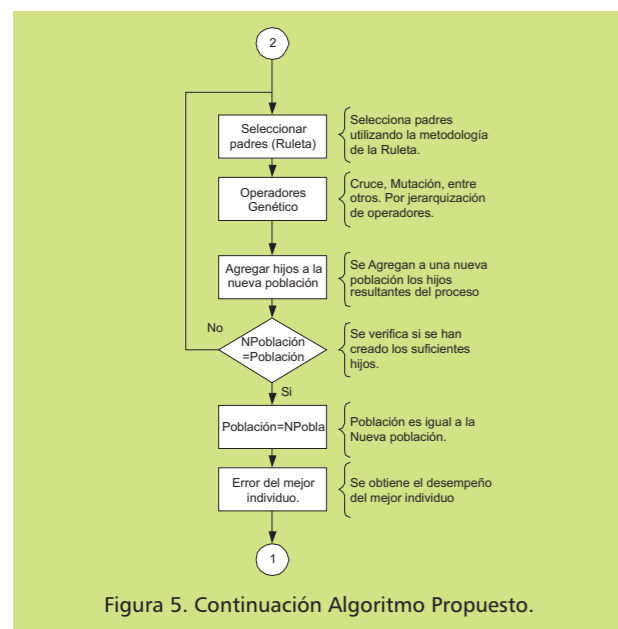


Figura 5. Continuación Algoritmo Propuesto.

Calificación de la población: es la característica más importante de un AG, de ésta depende su dirección de convergencia. Es evidente que si se desea buscar una cierta característica en los individuos, esta es la que debe ser premiada con una alta calificación (o baja, dependiendo si se busca maximizarla o minimizarla).

En la implementación de la metodología de clonación es importante utilizar la medida del error entre la señal deseada y la señal obtenida por el dispositivo clonado, al mismo tiempo, es importante añadir un segundo

componente, el cual estará encargado de “premiar” a las soluciones con menores operadores genéticos y “castigar” a las que contienen mayor número de operadores. Esta técnica, le permitirá al algoritmo disminuir el número de operadores, creando una secuencia más óptima y eficiente, pensando con antelación la implementación en hardware del dispositivo clonado.

Para conocer la “calificación” de cada individuo, es necesario aplicar la secuencia de operadores genéticos y comparar el resultado de éstos con el resultado deseado. Este procedimiento se aprecia en la figura 5.

Elitismo: el elitismo es un operador de gran importancia pues permite conservar los N mejores individuos de cada población, asegurando el mejoramiento continuo del algoritmo. En el ejemplo específico de la clonación es necesario implementarlo para apreciar la disminución constante del error. Al mismo tiempo esta característica le permite a la metodología disponer en cualquier momento de la ejecución del algoritmo, una respuesta o un acercamiento a la misma.

Selección de Padres: para la metodología de clonación es necesario implementar una herramienta de fácil uso y de excelentes resultados. Para esta etapa del proceso es utilizada la metodología de la “ruleta” [Coello, C. 2004] [Goldberg, D. 1989], la cual consiste en ubicar proporcionalmente calificación a los individuos en una ruleta, por lo que, el individuo mejor calificado, tendrá las mejores opciones para ser elegido como futuro padre, el individuo B, tendrá también una buena cantidad de opciones y los tres individuos restantes, tendrán menores posibilidades de cruzarse.

Operadores genéticos: los operadores genéticos, son los encargados de hacer la combinación de los padres elegidos, entre ellos se utilizan los tradicionales cruce y mutación. Cabe aclarar que este punto es propio de AG y no del modelo de clonación. Estos operadores son los encargados de evolucionar [Coello, C.2004] las secuencias requeridas por la metodología de clonación, pero esto no es indispensable; inclusive se puede encontrar algún proceso de clonación que posea muchos operadores genéticos y que el AG que busca su clonación utilice solamente cruce y mutación.

Posterior a este paso, es lógico agregar otros individuos a la nueva población que será la encargada de reemplazar la población de estrategias actuales. El procedimiento antes mencionado, se repite hasta obtener una cantidad nueva de secuencias, luego, de alcanzado el valor, se procede a modificar la población actual por la nueva. De esta última población se elige al mejor individuo y su respectivo rendimiento, este valor se guarda para volver a la etapa 1 de la Figura 4. El procedimiento descrito en esta sección se aprecia en la figura 5.

Identificación de clusters de salida

Posterior a la búsqueda con AGs, es necesario implementar el mejor individuo (la mejor secuencia) obtenido por el AG como controlador clonado. Al utilizarlo se toman los datos de entrada, se aplican los operadores genéticos y se obtiene un conjunto de clusters de salida. A estos se les aplica un procedimiento de defusificación para tener el valor o los valores de salida deseados. Cabe resaltar que el proceso de clonación también permite la obtención de otras características propias del sistema clonado y no un valor específico, es decir puede encontrarse un conjunto de estos.

Experimento Dispositivo clonado

El dispositivo clonado ya no precisa de una etapa de aprendizaje; ésta ha sido realizada en el procedimiento del AG (en la etapa de búsqueda de la correcta secuencia), por lo que se implementa directamente, reemplazando al dispositivo “padre”, el cual se puede utilizar como elemento de referencia en una etapa primaria de implantación y como respaldo para el sistema en una etapa final. La figura 8 muestra un resumen de la operación del sistema clonado. En esta ilustración se aprecia, cómo las entradas son convertidas gracias al “Fuzzy c-means”, en clusters difusos y estos a su vez son reflejados en conjuntos difusos.

Posteriormente, se convierte la información de los conjuntos, de las características de las señales en los respectivos cromosomas. Éstos, como se apreció en “Creación de los cromosomas”, contienen antecedentes y consecuentes.

Luego de poseer estos datos en forma de “cromosoma”, se aplica la secuencia de operadores genéticos, la cual convierte la información de entrada en “cromosomas” de salida, con la misma estructura de datos (antecedentes y consecuentes) [Delgado, 1998].

El conjunto de datos entregado por el proceso de clonación, es procesado por el sistema. Una de las etapas importantes de este curso es la decodificación, del “cromosoma”, de tal forma que se pueda tener el valor de la variable clonada en rangos del universo de discurso y no en términos de pertenencia a conjuntos borrosos.

En las figuras 6.a y 6.b, se presentan los resultados del proceso con diferentes poblaciones. La línea azul muestra el sistema original y la línea roja el clonado. También, se puede observar la diferencia entre los dos sistemas.

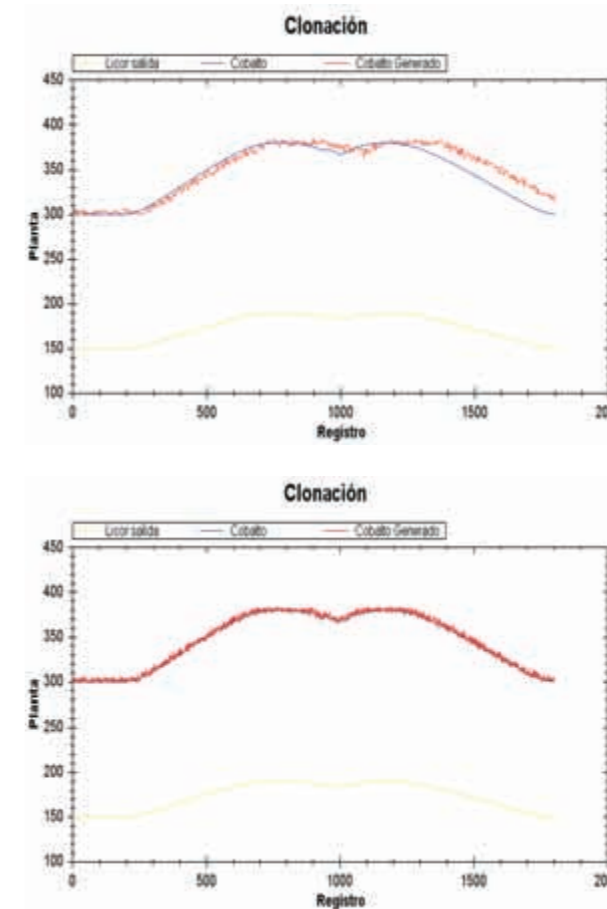


Figura 6. Sistema de clonación, a. población de 500 individuos y b. población de 1800 individuos.

Conclusiones

Con base en los Algoritmos Genéticos se desarrolló la clonación del controlador estudiado (control de supervisión), aplicando cambios a la estructura del modelo del Algoritmo Genético Simple, donde se incluyeron los conceptos de réplica y clonación, expuestos a lo largo de este artículo.

Este trabajo presenta y desarrolla la Metodología de Clonación para Controladores, basada en principios de los Algoritmos Genéticos, con tres variables de entrada y dos de salida. Se demuestra que mediante la clonación se genera una estrategia eficiente que permite hacer réplicas de las funciones de un dispositivo de control desconocido en su integridad.

Una gran ventaja del empleo de algoritmos genéticos en sistemas de control, es su aplicación en la industria. Su principal desventaja es el costo computacional requerido para simularlos, lo cual limita la complejidad del modelo del sistema por utilizar.

- BALLESTEROS, J. y GUEVARA, A. (2004). "Clonación artificial de controladores basados en técnicas de inteligencia artificial". *Cultura Científica Tunja*. No. 2, pp. 73-77.
- COELLO, C. (2004). *Introducción a la Computación Evolutiva*. México. CINVESTAV-IPN, Departamento de Ingeniería Eléctrica.
- DARWIN, Charles R. (1964). *On the Origin of Species by Means of Natural Selection Or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, sixth edition. Originally published in 1859.
- DELGADO, A. (1998). *Inteligencia Artificial y Minirobots*. 1 ed. Ecoe ediciones. 309 p.
- GOLDBERG, D. (1989). *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machina Learning*. Addison-Wesley Publishing Co., Reading, Massachusetts.
- MUÑOZ, A. (1985). *Tecnología de Control con Análisis Instrumental ON-LINE*. Moa Cuba, 160 p. Trabajo de grado (Ph.D. Ciencias Técnicas), Universidad de Acero y Aleaciones, Moscú Rusia. Facultad Metalurgia y Electromecánica, Programa- Doctorado en Control y Automatización Industrial.
- MUÑOZ, A. y PARDO A. (2003). *Tecnologías de control avanzado y de Clonación artificial aplicada a sistemas Mecatrónicos de alta precisión*. IEEE Intelligent Control Houston, Texas.
- ZADEH, L. (1965). *Fuzzysets*. *Information and Control*, 8:338-353.



Parámetros protéicos del plasma seminal y su relación con la calidad del semen en toros de la raza nelore (bos taurus indicus)

Por: ¹SÁNCHEZ, M. Ana I.
²MUNGAI, Ch. Marcelo G.
³MACHADO N., Nelson B.

RESUMEN

El propósito de este estudio fue investigar la presencia e incidencia de bandas proteicas específicas del plasma seminal en toros Nelore, completa y parcialmente aptos para la actividad reproductiva. Se utilizaron 68 ejemplares; 20 de variedad Padrón y 48 Mochos, con edad media de 4 años. En el perímetro escrotal ($35,05 \pm 0,49$ cm e $33,30 \pm 0,39$ cm), índice de masa corpórea ($302,62 \pm 5,87$ e $284,19 \pm 5,15$ Kg/m²) hubo diferencia ($p < 0,05$) entre las variedades Padrón y Mocho, respectivamente. Con respecto al peso corpóreo ($627,70 \pm 11,37$ e $611,58 \pm 8,66$ Kg); la altura ($1,44 \pm 0,01$ e $1,47 \pm 0,01$ m); el volumen del eyaculado ($5,82 \pm 0,48$ e $5,17 \pm 0,29$ mL), la motilidad espermática progresiva ($73,50 \pm 2,81\%$ e $75,62 \pm 0,97\%$), el vigor espermático ($4,30 \pm 0,19$ e $4,27 \pm 0,11$) y motilidad en masa ($4,27 \pm 0,11$ e $3,33 \pm 0,23$) no se presentó diferencia ($p > 0,05$). En morfología espermática, tampoco hubo desigualdad entre las variedades Padrón y Mocho, respectivamente con $5,06 \pm 8,20\%$ e $5,32 \pm 6,40\%$ de defectos mayores; $9,91 \pm 6,74\%$ e $8,36 \pm 6,06\%$ para los defectos menores; e $14,76 \pm 13,20\%$ e $13,82 \pm 12,61\%$ para los defectos totales. La electroforesis del plasma seminal reveló bandas proteicas con pesos entre 5 a 105KDa. En el 100% de toros aptos para la reproducción, la proteína con pesos de 13Kda estuvo presente. De la misma forma ocurrió con las bandas de 20KDa. El resto de las bandas proteicas mostraron presencia con diferentes porcentajes de incidencia en toros aptos o parcialmente aptos para la actividad reproductiva. Las dos variedades estudiadas hicieron evidente la adaptación reproductiva eficaz en condiciones de clima semejantes.

Palabras clave: Cebú, masa corpórea, calidad seminal, proteínas del plasma seminal

ABSTRACT

The purpose of this study was to investigate the presence and incidence of specific protein bands on the Nelore bulls' seminal plasma, fit for reproductive activity complete or partially. There were used 68 samples; 20 of the Census and 48 of the Blunt variety, with an average age of 4 years. In the scrotum perimeter ($35,05 \pm 0,49$ cm and $33,30 \pm 0,39$ cm), corporal mass index ($302,62 \pm 5,87$ and $284,19 \pm 5,15$ Kg/m²) there was difference ($p < 0,05$) between the Census and Blunt varieties respectively. With regard to corporal weight ($627,70 \pm 11,37$ and $611,58 \pm 8,66$ kg); height ($1,44 \pm 0,01$ e $1,47 \pm 0,01$ m); ejaculation volume ($5,82 \pm 0,48$ and $5,17 \pm 0,29$ mL), progressive spermatic motility ($73,50 \pm 2,81\%$ and $75,62 \pm 0,97\%$), spermatic vigor ($4,30 \pm 0,19$ and $4,27 \pm 0,11$) and mass motility ($4,27 \pm 0,11$ and $3,33 \pm 0,23$) there was no difference ($p > 0,05$). In spermatic morphology, neither was there inequality between Census and Blunt varieties, with $5,06 \pm 8,20\%$ and $5,32 \pm 6,40\%$ of mayor defects respectively; $9,91 \pm 6,74\%$ and $8,36 \pm 6,06\%$ for the minor defects; and $14,76 \pm 13,20\%$ and $13,82 \pm 12,61\%$ for total defects. The electrophoresis of the seminal plasma revealed protein bands with weights between 5 and 105KDa. In 100% of bulls fit for reproduction, there was found protein with a weight of 13Kda, as well as bands of 20KDa. The other protein bands showed their presence with different incidence percentages in bulls totally or partially fit for reproductive activity. Both of the studied varieties made evident the effective reproductive adaptation under similar climate conditions.

Key words: Zebu, corporal mass, seminal quality, seminal plasma proteins.

¹Médica Veterinária. Mst. Decana de la faculta de Ciencias Agrarias JDC, Tunja -Boyacá, Colombia.

²Médico Veterinário. Professor. Doutor. Departamento Reprodução Animal. Ciências Agrárias, Universidade do Oeste Paulista - UNOESTE, Presidente Prudente, Brasil

³Engenheiro Agrônomo Professor. Doutor. Departamento Fitotecnia. Ciências Agrárias, Universidade do Oeste Paulista - UNOESTE, Presidente Prudente, Brasil