

# ALGORITMO DE SELEÇÃO NEGATIVA COM GERAÇÃO DE DETECTORES ATRAVÉS DE ALGORITMOS GENÉTICOS E INTEGRAÇÃO QUASI-MONTE CARLO

JORGE L. M. AMARAL<sup>1</sup>, JOSÉ F. M. AMARAL<sup>1</sup>, RICARDO TANSCHWEIT<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Departamento de Engenharia Eletrônica e de Telecomunicações – UERJ*

*R. São Francisco Xavier, 524, 20550-013 Rio de Janeiro, RJ*

<sup>2</sup>*Departamento de Engenharia Elétrica - PUC-Rio*

*R. Marquês de S. Vicente, 225, 22453-900 Rio de Janeiro, RJ*

Emails: [jamaral@uerj.br](mailto:jamaral@uerj.br), [franco@uerj.br](mailto:franco@uerj.br), [ricardo@ele.puc-rio.br](mailto:ricardo@ele.puc-rio.br)

**Abstract** - A new scheme for detector generation for the Real-Valued Negative Selection Algorithm (RNSA) is presented. The proposed method makes use of genetic algorithms and Quasi-Monte Carlo Integration to automatically generate a small number of very efficient detectors. Results have demonstrated that a fault detection system with detectors generated by the proposed scheme is able to detect faults in analog circuits and in a ball bearing dataset.

**Keywords**- Negative Selection, Detector Generation, Genetic algorithms, Quasi-Monte Carlo.

**Resumo** – Um novo esquema para geração de detectores para o Algoritmo de Seleção Negativa com representação real (RNSA) é proposto. Este esquema faz uso de Algoritmos Genéticos e Integração de Quasi-Monte Carlo para gerar de forma automática um pequeno número de detectores bastante eficientes. Os resultados demonstraram que um sistema de detecção de falhas com os detectores gerados pelo método proposto é capaz de detectar falhas em circuitos analógicos e em rolamentos.

**Palavras-chave**- Seleção Negativa, Geração de Detectores, Algoritmos Genéticos, Quasi-Monte Carlo.

## 1 Introdução

O desenvolvimento de estratégias de teste para detectar e diagnosticar falhas ainda é bastante dependente da experiência e do conhecimento que se possui sobre o funcionamento do sistema. Conseqüentemente, a detecção e o diagnóstico de falhas ainda são processos interativos e bastante demorados. Um levantamento realizado nesta área de pesquisa mostrou que, nas últimas décadas, houve um grande esforço para desenvolver ferramentas inteligentes com o objetivo de tornar o processo de diagnóstico mais simples. Apesar dos avanços, estas novas tecnologias ainda não foram amplamente aceitas (Fenton et al., 2001). Isto têm servido de incentivo para que se procurem outros paradigmas e para que desenvolvam novas estratégias para diagnóstico de falhas.

Os sistemas imunológicos artificiais (Castro and Timmis, 2002) são inspirados no funcionamento do sistema imunológico humano, que é capaz de reconhecer virtualmente qualquer agente patogênico. Isto é feito por meio da distinção entre as células *próprias* do corpo e os antígenos externos (*não-próprio*). Embora esta seja uma área de pesquisa relativamente nova, já existem aplicações em diversas áreas (Castro and Timmis, 2002), como, por exemplo, segurança de computadores, proteção contra vírus, detecção de anomalias, monitoração de processos, reconhecimento de padrões, controle de robôs e programas tolerantes à falhas. Os

comportamentos (funcionamento normal ou diversos tipos de falhas) de cada sistema podem ser associados a um conjunto único de características, isto é, uma assinatura. O método proposto supõe que sistemas com comportamentos similares apresentam assinaturas similares. O algoritmo imunológico associa as assinaturas que correspondem ao comportamento normal ao conceito de *próprio*. Deste modo o *próprio* pode ser utilizado para discriminar um comportamento anormal. Assim o sistema imunológico para detecção de falhas proposto é capaz de determinar se o sistema sob teste apresenta alguma falha. Uma característica importante do método proposto é o fato de gerar automaticamente detectores muito eficientes utilizando algoritmos genéticos. Este artigo está organizado da seguinte maneira. Na seção 2 os sistemas imunológicos artificiais são apresentados de modo sucinto, com ênfase no algoritmo de seleção negativa (NSA) e suas variações com representação real. Na seção 3, os Algoritmos Genéticos são brevemente descritos. O método proposto é descrito na seção 4. Os resultados obtidos para detecção de falhas em um filtro passa-banda Sallen-Key, no filtro universal e em rolamentos são discutidos na seção 5. Finalmente, a seção 6 conclui o trabalho.

## 2 Algoritmo de Seleção Negativa

Os Sistemas Imunológicos Artificiais são inspirados no funcionamento do sistema imunológico humano no que diz respeito à criação de soluções inovadoras

para resolver problemas. Alguns algoritmos apresentados são implementações bem sucedidas de sistemas imunológicos artificiais: a rede imunológica, o Algoritmo de Seleção Clonal e o Algoritmo de Seleção Negativa. Este faz uso da propriedade dos sistemas imunológicos de distinguir as células estranhas ao corpo (*não-próprias*) das células que pertencem ao corpo (Castro e Timmis, 2002). Esta característica pode ser utilizada para distinguir padrões normais de padrões anormais de um sistema, fornecendo assim um mecanismo de detecção de falhas. Esta característica pode ser vantajosa (Martins et al., 2000) quando o comportamento normal de um sistema é definido por um conjunto de padrões complexos, onde é muito difícil obter relações. Neste caso, pode ser mais fácil observar os padrões anormais do que os normais. Pode ser vantajosa também em sistemas nos quais a quantidade de padrões anormais possíveis é muito maior do que a quantidade de padrões normais. Como treinar um sistema de detecção de falhas com um número grande de situações de falha se torna impraticável, é aconselhável detectar qualquer comportamento anormal e então tentar identificar sua causa.

O Algoritmo de Seleção Negativa – NSA (Castro and Timmis, 2002) é inspirado no mecanismo utilizado pelo sistema imunológico para treinar as células T para reconhecer antígenos (*não-próprio*) e para prevenir que elas re-conheçam as células que pertencem ao corpo (*próprias*). A idéia básica é gerar um conjunto de detectores (binários) primeiramente criando candidatos e então descartando aqueles que correspondam à noção de *próprio*. Estes detectores podem ser usados posteriormente para detectar anomalias. Na concepção original, o algoritmo NSA possui três etapas básicas: Definição de *Próprio* – uma coleção de cadeias  $S$  de tamanho limitado que necessita de proteção ou monitoração; Geração de Detectores – um conjunto de detectores que não combine com nenhuma das cadeias de  $S$ ; Monitoração – monitora-se  $S$  em relação a mudanças tentando continuamente combinar os detectores com os elementos de  $S$ ; se um detector combinar, uma anomalia deve ter ocorrido, já que os detectores foram projetados para jamais combinarem com nenhuma das cadeias de  $S$ . As desvantagens encontradas no NSA com representação binária encorajaram o aparecimento do Algoritmo de Seleção Negativa com representação real (RNSA-Real Valued Negative Selection Algorithm) (Gonzalez et al., 2002), que possui as mesmas três etapas básicas do NSA original mas utiliza representação real para a caracterização do *próprio* e do *não-próprio*. Os detectores e os pontos próprios podem ser vistos como hiperesferas; os pontos *próprios* representam comportamento normal e os detectores são responsáveis por encontrar anomalias. Os raios dos detectores determinam o limiar da regra de detecção, que neste caso é a distância euclidiana. Este algoritmo toma as amostras *próprias*, que são

representadas por pontos n-dimensionais, e tenta evoluir os detectores (outro conjunto de pontos n-dimensionais) para cobrir o espaço *não-próprio*. Isto é feito por meio de processo iterativo com dois objetivos principais: manter os detectores distantes do conjunto *próprio* e maximizar a cobertura do espaço *não-próprio*, mantendo os detectores afastados uns dos outros. O hiperespaço coberto pelos detectores individuais pode ser ajustado por um parâmetro  $r$  (raio). Uma vez completada a fase de geração de detectores, os detectores podem ser empregados na terceira fase (Monitoração). A Figura 1 mostra um exemplo bidimensional do conjunto de detectores e dos pontos *próprios*. A área cinza representa a região *própria*. Os círculos identificados por “+” representam os detectores. Supondo que o ponto rotulado com “o” representa o estado atual do sistema, nenhuma anomalia é detectada, pois esse ponto não está no espaço coberto pelos detectores. Entretanto, o ponto indicado por “\*” é detectado como uma anomalia (falha) pois se encontra no espaço coberto pelos detectores.

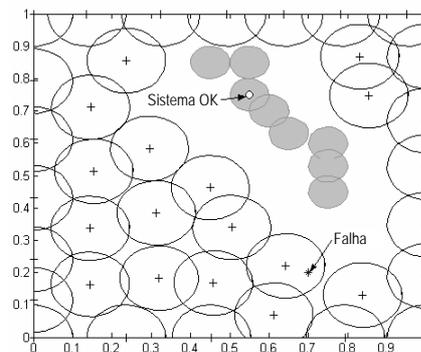


Figura 1. Cobertura dos Detectores

O RNSA também pode ser usado para gerar detectores para funcionarem como amostras *não-próprias*, que, juntamente com as amostras *próprias*, são usadas como entradas em um algoritmo de classificação. No RNSA original, o número de detectores que será usado deve ser escolhido de antemão; não existe meio de determinar se o algoritmo está realmente melhorando o posicionamento dos detectores de modo a fornecer a melhor distribuição possível. Em uma versão aprimorada do algoritmo (Gonzalez et al., 2003), o número de detectores pode ser estimado de antemão e as posições destes detectores são determinadas através da minimização de uma função que representa a sobreposição entre os detectores e entre estes e os pontos *próprios*.

Nessas implementações do RNSA, todos os detectores têm o mesmo raio, o que pode representar um problema de escalabilidade: se um raio pequeno for escolhido, um grande número de detectores será necessário para cobrir o espaço; se um raio maior for utilizado, partes do espaço *não-próprio* podem ficar descobertas. Esta limitação encorajou o desenvolvimento de novas representações de

detectores – que permitam geometria variável – e de novos esquemas de geração de detectores. Como exemplo podem-se citar *V-Detectors* (Ji and Dasgupta, 2004), o *boundary-aware NSA* (Ji, 2005) e a geração automática de detectores por particionamento Quadtree (Amaral et al., 2006).

### 3 Algoritmos Genéticos

Algoritmos Genéticos (AG) (Goldberg, 1989) são algoritmos matemáticos inspirados nos mecanismos de evolução natural e recombinação genética. A técnica de AG fornece um mecanismo de busca adaptativa que se baseia no princípio darwiniano de reprodução e sobrevivência dos mais aptos. Isto é obtido a partir de uma população de indivíduos (soluções), representados por cromossomos, cada um associado a uma aptidão (avaliação do problema), que são submetidos a um processo de evolução (seleção e reprodução) por vários ciclos.

As operações básicas são: seleção, reprodução, cruzamento e mutação. A seleção privilegia os indivíduos mais aptos para então reproduzi-los. Uma parcela dos indivíduos reproduzidos promove a troca de suas características genéticas. Mutações podem ocorrer em pequena porcentagem e acarretam uma mudança aleatória no material genético, contribuindo para introduzir variedade na população. A evolução faz com que o AG seja guiado para regiões mais promissoras do espaço de busca.

A técnica é de busca global, viabiliza a otimização de problemas mal estruturados e dispensa a formulação matemática precisa do problema. Em resumo, é robusta e aplicável a diversos problemas, sendo capaz de encontrar soluções sub-ótimas, ou até ótimas, em um tempo razoável.

### 4 Método Proposto

O método proposto faz uso de algoritmos genéticos para gerar o conjunto de detectores. O sucesso deste método depende de como a solução é codificada no cromossomo e de qual é a função de aptidão escolhida para avaliar a solução.

#### 4.1 Cromossomo

No método proposto, cada cromossomo representa um possível conjunto de detectores onde cada gene representa um ponteiro (índice) para um determinado ponto em uma distribuição quasi-aleatória. Assim, cada cromossomo determina quais pontos devem ser usados como centros dos detectores. A idéia principal é reduzir o tamanho do cromossomo, especialmente em problemas de grandes dimensões: seja qual for a dimensão do problema, o tamanho do cromossomo é igual ao número máximo de detectores desejado. No exemplo da Figura 2, os círculos representam o conjunto *próprio* e os pontos

identificados por “+” são os candidatos a centros dos detectores (pontos 3, 6, 10, 4, 8 indicados pelos genes do cromossomo).

Uma vez determinados os centros dos detectores, uma função decodificadora calcula o maior raio possível, levando em conta que o conjunto de detectores “não pode atacar” o conjunto *próprio* e que deve existir um certo grau de sobreposição entre os detectores. Se algum dos centros escolhidos estiver dentro do conjunto *próprio*, ele deve ser descartado. Por exemplo, na Figura 2, o centro do detector com o rótulo 3 seria descartado.

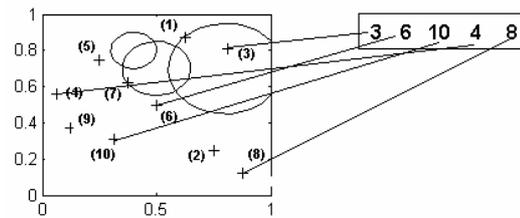


Figura 2. O cromossomo

Depois de calculado, pela função decodificadora, o maior raio possível que não “ataque” o conjunto *próprio*, o raio pode ser ajustado para se obter um certo grau de sobreposição. O grau de sobreposição é controlado por um parâmetro  $\alpha$  ( $0 \leq \alpha \leq 1$ ); se  $\alpha = 0$ , o raio calculado é igual à distância entre os detectores; se  $\alpha = 1$ , não existe sobreposição entre os detectores. O processo de colocação dos detectores após a determinação do raio pela função decodificadora é mostrado na Figura 3. Na Figura 3(a), o primeiro detector é colocado, com o maior raio que não ataque o conjunto *próprio*. Na Figura 3(b), o segundo detector é colocado e o seu raio é ajustado para não atacar o conjunto *próprio* e obter um certo grau de sobreposição com o primeiro detector. Nas Figuras 3(c) e 3(d) este processo se repete para os outros detectores.

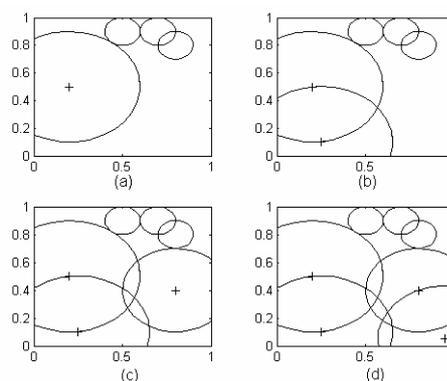


Figura 3. Colocação dos Detectores; círculos identificados com um “+” representam os detectores

A utilização de uma distribuição quasi-aleatória é justificada porque as amostras tomadas deste tipo de distribuição são calculadas de modo que os “espaços” deixados pelas amostras anteriores sejam preenchidos pelas novas. Isto reduz o desvio-padrão e aumenta a velocidade de convergência da

simulação de Monte Carlo (Morokoff and Caflisch, 1993), usada para calcular o volume coberto pelo conjunto de detectores. Dentre as seqüências quasi-aleatórias mais conhecidas podem-se citar as de Faure, Sobol e Halton (Morokoff and Caflisch, 1993). A Figura 4 mostra o volume (área) coberto por um conjunto de detectores em um hipercubo unitário em função do número de detectores. Todos os detectores têm o mesmo raio (0.05) e os centros são dados pelas amostras tiradas de distribuições pseudo-aleatórias e quasi-aleatórias. Pode-se notar que, quando os centros dos detectores são amostras de uma distribuição quasi-aleatória, o volume coberto pelo conjunto de detectores é maior.

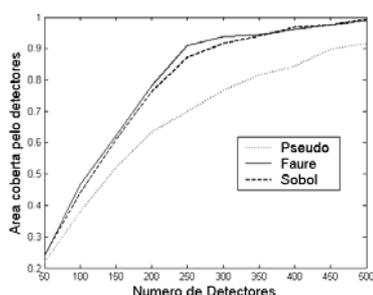


Figura 4. Volume coberto pelo conjunto de detectores versus n° de detectores.

#### 4.2 Função de Aptidão

A função de aptidão usada para avaliar a qualidade da solução codificada no cromossomo é o volume do conjunto de detectores. A principal vantagem de se usar esta função é saber de antemão qual o valor desejado dentro de certas margens de erro. Uma estimativa do volume do conjunto  $V_s$  é feita através de uma integração de Quasi-Monte Carlo. Como o espaço *próprio/não-próprio* corresponde ao hipercubo  $[0,1]^n$ , o volume que deve ser coberto pelo conjunto de detectores é  $V_{ns} = 1 - V_s$ . O volume do conjunto de detectores também pode ser calculado por meio de uma Integração de Quasi-Monte Carlo. Portanto, quanto mais próximo o volume do conjunto de detectores representado no cromossomo for do valor  $V_{ns}$ , melhor será a solução. Um benefício da utilização da Integral de Quasi-Monte Carlo está no fato de que o erro da integral está relacionado ao número de pontos da distribuição quasi-aleatória usada e não à dimensão do problema.

### 5 Estudo de Casos

Para avaliar a capacidade de detecção de falhas do conjunto de detectores gerado pelo método proposto, três experimentos foram realizados. Os dois primeiros estão relacionados à detecção de falhas em circuitos analógicos; o terceiro diz respeito à detecção de falhas em rolamentos.

Para avaliar a eficiência dos detectores, um conjunto de teste com comportamentos normais e anormais foi criado para cada experimento. O

conjunto de teste foi apresentado ao conjunto de detectores conforme proposto no algoritmo de seleção negativa original (Castro and Timmis, 2003) (Monitor). Este conjunto também foi apresentado a um conjunto de classificadores que foram treinados e validados utilizando pontos que representavam o comportamento normal (*próprio*) e pontos tomados de uma distribuição quasi-aleatória que foram detectados pelo conjunto de detectores, de modo semelhante ao proposto em (Gonzalez et al., 2002). A idéia na utilização destes pontos é não “influenciar” os classificadores em relação a determinados tipos de falhas; assim, o comportamento normal pode ser distinguido de qualquer comportamento anormal. Os classificadores usados foram: K-Vizinhos mais próximos (KNN), Redes Neurais Probabilísticas (PNN), Perceptrons Multilayer treinadas como o algoritmo de Levenberg-Marquardt (MLP\_LM) e redes neurais com funções de base radial (RBF).

O uso de classificadores se justifica pelo fato de já serem normalmente empregados para detecção de falhas em muitos problemas. Assim, caso se queira incorporar a técnica da seleção negativa em um sistema de detecção de falhas que já utilize classificadores, a abordagem descrita acima diminui o número de modificações que devem ser feitas no sistema. Além disso, caso o algoritmo proposto produza um número muito grande de detectores de modo a dificultar (ou inviabilizar) a implementação em certas aplicações, seja pela dificuldade de armazenar os detectores ou pelo tempo de execução do procedimento Monitor, alguns classificadores, como as redes neurais perceptron multilayer, usando a estratégia de treinamento já mencionada, podem viabilizar a implementação em tempo real deste tipo de sistema de detecção de falhas.

#### 5.1 Detecção de Falhas em Circuitos Analógicos

Os circuitos analógicos usados nestes experimentos foram: o filtro passa-banda Sallen Key (Figura 5) e o filtro universal (Figura 6) – que incorpora filtros passa-altas, passa-banda e passa-baixas, cujas saídas são respectivamente HPO, BPO e LPO. Ambos os circuitos foram usados em diversos trabalhos (Amaral et al., 2004), (Arminian and Arminian, 2000), (Singh et al., 2004), (Amaral et al., 2006); o filtro universal é considerado um *benchmark* na detecção, diagnóstico de falhas e teste de circuitos analógicos (Singh et al., 2004).

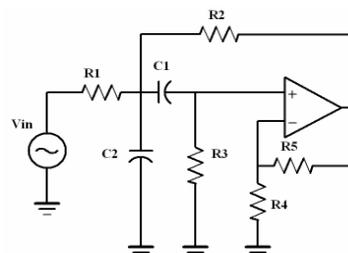


Figura 5. Filtro Sallen Key

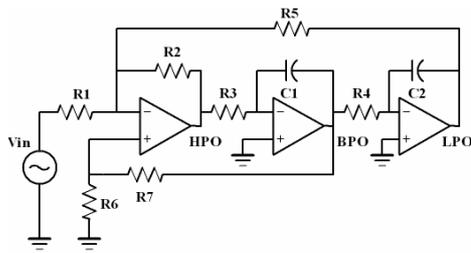


Figura 6. Filtro Universal

Neste trabalho as respostas ao degrau dos circuitos são aplicadas a um circuito diferenciador para gerar suas respostas ao impulso (Singh et al., 2004). A presença de uma falha, ou as variações do circuito ou dos parâmetros dos dispositivos, podem ocasionar uma resposta impulsional (RI) diferente daquela do circuito de referência em termos de amplitude ou forma. No sistema de detecção de falhas, a localização do pico de correlação (amplitude e tempo) de duas formas de onda (RI) expressa a similaridade entre as repostas ao impulso do circuito em teste e do circuito de referência. Os conjuntos *próprios* foram criados calculando-se a localização do pico de correlação (amplitude e tempo) para circuitos com comportamento normal (todos os componentes dentro das tolerâncias especificadas). Considerou-se que o raio de cada elemento do conjunto *próprio* era igual à distância ao seu vizinho mais próximo, relacionando, assim, o raio empregado com a distribuição do conjunto *próprio*.

Os conjuntos de testes usados para avaliar os detectores gerados foram criados calculando-se a localização do pico de correlação (amplitude e tempo) para diversos circuitos normais e também de circuitos com falhas. Nestes circuitos, para o Sallen Key, um desvio de 50% do valor nominal do componente era considerado uma falha, com em (Arminian and Arminian, 2000), (Amaral et al., 2004), (Amaral et al., 2006). As falhas para o circuito Universal eram catastróficas (curto circuito ou circuito aberto) com em (Singh et al., 2004).

A geração dos detectores foi realizada pelo método proposto (seção 4). O algoritmo genético foi configurado como: população = 100; gerações = 50; crossover = 65% e mutação = 0.8%. A Tabela 1 (valores médios) mostra a cobertura *não-própria* e o número de detectores para os dois casos.

Tabela 1. Cobertura *não-própria* e número de detectores.

Circuito	Cobertura <i>não-própria</i>	Número de detectores	Nº de detectores estimados para o RNSA
Sallen Key	99.91 %	27	5602
Universal	99.97 %	18	19,521,484

Nota-se que o número de detectores necessários para fornecer uma cobertura quase completa do *não-próprio* é muito menor do que o que seria necessário com o RNSA original. A estimativa do número de detectores foi feita como em (Gonzalez et al., 2003): todos os detectores têm o mesmo raio e este é igual a

maior distância entre um ponto *próprio* e o seu vizinho mais próximo. Assim, relaciona-se o raio empregado nos detectores com a distribuição dos pontos *próprios*.

Os resultados para cada um dos classificadores são mostrados na Tabela 2. Foram utilizados 1000 pontos para treinamento, 1000 para validação e 900 para teste. Os parâmetros usados nos testes, com os filtros Sallen Key (SK) e Universal (U) foram: KNN – no. de vizinhos = 1 (SK e U); PNN – spread = 0.0314192 (SK) e 0.03148 (U); MLP-LM – número de neurônios = 4 (SK) e 3 (U); RBF – número de unidades = 20 (SK) e 40 (U). Os classificadores apresentam desempenhos muito bons, especialmente o monitor, o que comprova a excelente cobertura obtida pelos detectores. Os resultados para o filtro Sallen Key são melhores do que os de (Amaral et al., 2004), que relatam um erro de 11%, e concordam com os encontrados em (Arminian and Arminian, 2000) e em (Amaral et al., 2006) (0%). No caso do filtro Universal, o desempenho dos classificadores está de acordo com a excelente cobertura obtida pelos detectores. Os resultados encontrados aqui concordam com os relatados em (Singh et al., 2004) e são melhores do que aqueles apresentados em (Amaral et al., 2006) (0,33%).

Tabela 2. Resultados: filtros Sallen Key (SK) e Universal (U)

Classificador	Erro de Treino (%)		Erro de Validação (%)		Erro de Teste (%)	
	SK	U	SK	U	SK	U
Monitor	0	0	0	0	0	0
KNN	0	0	0,39	0,15	0	0,11
PNN	0	0	0,79	0	0	0
MLP_LM	0	0	0	0	0	0,3
RBF	0	0	0	0	0	0

## 5.2 Detecção de Falhas em Rolamentos

A detecção de falhas em rolamentos tem sido tema de alguns trabalhos sobre seleção negativa (Ji and Dasgupta, 2004), (Ji, 2005). Os dados experimentais foram obtidos a partir de medições da aceleração dos rolamentos, e a técnica de pré-processamento (Ji and Dasgupta, 2004) usada neste trabalho emprega momentos estatísticos para representar segmentos de 128 pontos dos sinais de aceleração. Os momentos de primeira (média), de segunda (variância), de terceira, de quarta e de quinta ordens são utilizados.

A configuração do algoritmo genético foi idêntica à dos experimentos anteriores. Conforme mostrado na Tabela 3, mais uma vez o número de detectores necessários para fornecer uma cobertura quase completa do *não-próprio* é muito menor do que o que seria necessário com o RNSA original; a cobertura obtida foi muito próxima de 100%.

Tabela 3. Cobertura *não-própria* e número de detectores.

Cobertura <i>não-própria</i>	Número de detectores	Número de detectores estimados para o RNSA
99.9997 %	100	14.824.841

O conjunto de teste para a avaliação dos detectores consiste em dados (momentos estatísticos) que representam rolamentos normais (*próprio*) e rolamentos com o anel externo quebrado (*não-próprio*). Foram utilizados 2651 padrões normais e 2169 anormais. Os parâmetros usados nos classificadores foram: KNN – no. de vizinhos = 1; PNN – spread = 0.019435; MLP-LM – número de neurônios = 6; RBF – número de unidades = 20.

Conforme mostrado na Tabela 4, os resultados alcançados pelo Monitor concordam com os encontrados pelo algoritmo *boundary-aware* (Ji, 2005) e são melhores do que aqueles obtidos pelos *V-Detectors* (Ji and Dasgupta, 2004), o que comprova a excelente cobertura dos detectores. Embora os classificadores não apresentem um desempenho tão bom quanto o do Monitor neste caso, eles têm um melhor desempenho do que os *V-Detectors*; em particular, o classificador RBF mostrou uma taxa de detecção bastante competitiva.

Tabela 4. Detecção de Falhas em rolamentos.

	Normal	Anel Externo Quebrado
V-Detectors	0	74,82%
Boudary-Aware	0,15%	93,4%
Monitor	0	93,4%
KNN	0	84,69%
PNN	0	83,59%
MLP_LM	0	86,77%
RBF	0	90,75%

## 6 Conclusão

Foi proposto um novo esquema de geração de detectores, utilizando algoritmos genéticos e integração de Quasi-Monte Carlo, apropriado para tratar problemas de grande dimensão. O tamanho do cromossomo está relacionado somente ao número máximo de detectores desejado e não à dimensão do problema, assim como o erro na integração de Quasi-Monte Carlo, que calcula a cobertura *não-própria*, está relacionado apenas ao número de pontos usados. Assim, o algoritmo de Seleção Negativa pode ser empregado em situações mais complexas.

No estudo de casos realizado não se verificou variação significativa na cobertura *não-própria* obtida em diferentes execuções do algoritmo genético, indicando a ausência de dificuldade de convergência para um resultado satisfatório.

É possível implementar dois sistemas diferentes de detecção de falhas: os detectores podem ser usados como proposto no Algoritmo de Seleção Negativa ou na geração de amostras *não-próprias* para treino de classificadores que realizarão a detecção. Isto é especialmente útil quando há pouca ou nenhuma informação acerca do comportamento anormal do sistema. Uma importante característica desses mecanismos de detecção de falhas é que eles se baseiam apenas no conhecimento do comportamento normal do sistema; não é feita suposição alguma sobre o tipo de falha esperada.

Outros métodos de extração de características sob investigação permitirão desenvolver etapas mais gerais de pré-processamento. Além disso, existem aspectos do esquema de geração de detectores que necessitam de uma investigação mais profunda: emprego de outros algoritmos de Integração Quasi-Monte Carlo, influência do parâmetro  $\alpha$  e geração de amostras *não-próprias* para treinar classificadores.

## Referências Bibliográficas

- Amaral, J. L., Amaral, J. F., Tanscheit, R., Pacheco, M. A. C. (2004). An immune inspired fault diagnosis system for analog circuits using wavelet signatures, *NASA/DoD Conf. Evolvable Hardware*, Seattle, Washington, pp.138-141.
- Amaral, J.L.M., Amaral, J.F.M. , Tanscheit, R. (2006). An Immune Fault Detection System for Analog Circuits with Automatic Detector Generation. *IEEE Congress on Evolutionary Computation*, pp. 2966- 2972.
- Aminian, M., and Aminian, F. (2000) Neural-network based analog-circuit fault-diagnosis using wavelet transform as preprocessor, *IEEE Trans. on Circuits and Systems*, **47**(2): 151-156.
- Castro, L. N., Timmis J. (2002). Artificial Immune System: *A New Computational Intelligence Approach*, Springer-Verlag.
- Fenton, W. G., McGinnity, T. M. , Maguire, L. P. (2001). Fault diagnosis of electronic systems using intelligent techniques: a review, *IEEE Trans. SMC – Part C*, **31**: 269–281.
- Goldberg, D. E (1989). *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*. Addison-Wesley.
- Gonzalez, F., Dasgupta, D., Kozma R. (2002). Combining negative selection and classification techniques for anomaly detection, *Congress on Evolutionary Computation*, Hawaii, (2002), pp.705-710.
- Gonzalez, F., Dasgupta, D., Nino, L. F (2003). A randomized real-valued negative selection algorithm, *2nd International Conf. on Artificial Immune Systems*, Edinburgh, UK, pp. 261-272
- Ji, Z., Dasgupta, D.(2004). Real-valued negative selection algorithm with variable size detectors. *LNCS*, 3102, *GECCO*, pp. 287 – 298.
- Ji, Z. (2005). A boudary-aware negative selection algorithm. *International Conf. on Artificial Intelligence and Soft Computing*, Spain.
- Martins, J. F., Costa Branco, P. J., Dente, J. A. (2000). Fault detection using immune-based systems and formal language algorithms, *39th CDC*, Sidney, Australia, pp. 2633–2638.
- Morokoff, W. J.; Cafilisch, R. E. (1993) *Quasi-Monte Carlo Integration*. Academic Press.
- Singh, A., Patel, C., Plusquellic, J. (2004) On-chip impulse response generation for analog and mixed-signal testing. *IEEE International Test Conference, Charlotte, NC, 2004*, pp. 262-270.