

## 切削異常診断への遺伝的アルゴリズムの適用

○ (株) ジャパンテクニカルソフトウェア 奥野 拓, 手島昌一  
(株) 日鋼機械センター 青野文朗, 室工大 久保 洋

切削加工における刃物の異常損傷を実時間で自動診断するために、刃物の振動波形から抽出した統計的特徴より構成される距離空間を用いる手法が提案されている。本研究では、この手法における抽出特徴の選択に遺伝的アルゴリズム(GA)を適用し、より識別率を高めるような特徴を抽出することを試みている。提案手法の有効性を計算機実験により確認している。

### 1. はじめに

切削加工における切削刃物の異常な摩耗や欠けなどは、これまで、熟練者が音や振動から経験的に判断してきた。この問題に対し、切削刃物付近に取り付けた加速度計から得られる振動波形を用いて異常状態を診断する手法が提案されている[1]。この手法では、実時間の識別を可能とするために、高速に抽出可能であり、波形の異常診断に有効であることが知られている微分特性および積分特性と呼ばれる特徴量を採用している。微分・積分特性は、波形の振幅方向垂直に適当な数の標本線を設け、各標本線と波形の交差情報に基づく形測値を用いて特徴空間を構成するものであり、標本線の位置や数が、識別性能を左右する[1]。

本研究では、この手法に遺伝的アルゴリズムを適用し、より識別率を高めるような標本線の位置を決定する手法を提案する。

### 2. 振動波形

加速度計によってサンプリング間隔 0.5ms で計測された 200ms の量子化波形(400 次元ベクター)を 1 単位の波形データとして扱う。波形データの例を図 1 に示す。a は正常状態の波形、b は異常状態の波形である。

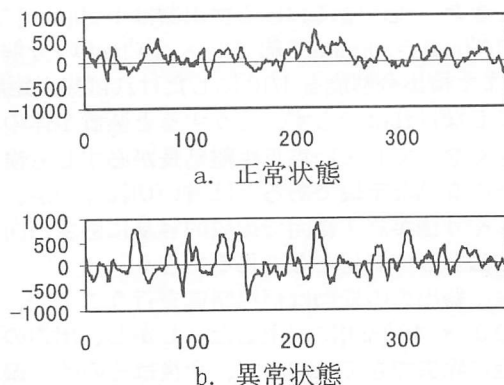


図 1 振動波形データの例

### 3. 基準空間の構成

本研究では、正常切削状態における波形群から基準空間を構成し、任意の切削状態の波形がこの空間に帰属するか否かにより、正常・異常を識別する方法を用いる。基準空間の構成および帰属度判定の尺度として、マハラノビス空間およびマハラノビス距離を用いる[2]。

マハラノビス距離は、基準データに近ければ 1 付近あるいはそれ以下の値をとり、基準データ群と異なる度合いが大きいと、急激にその値が大きくなる。基準空間への帰属判定のしきい値として 4 程度の値を用いるのが妥当とされている[2]。

### 4. 特徴抽出

波形データから距離空間を構成するための特徴量として、微分特性および積分特性と呼ばれる計測値を用いる[2]。これらは以下のように定義される。

波形  $y = Y(t)$  に対し、 $t$  軸に平行な  $n$  本の直線(標本線)  $y = c_i$  ( $i = 1, \dots, n$ ) を考える。このとき、 $Y(t) = c_i$  となる点の数を位置  $c_i$  における微分特性とし、 $Y(t) > c_i$  となる  $y = c_i$  上の線分の長さの総和を位置  $c_i$  における積分特徴とする。したがって、微分・積分特性のみを用いる場合には、距離空間は  $2n$  次元となる。一般に、標本線は波形の存在する範囲で等間隔に選択される。また、振動波形が対称であると仮定し、 $c_i > 0$  とする。

微分特性は、波形パターンの変化頻度であり、波形の周波数に関する情報と振幅に関する情報を含んでおり、積分特徴は波形の振幅毎の分布状況を示しているものと考えられることから、異常識別に必要な波形データの特徴次元を効率的に減少できる特徴量として提案されている[2]。

### 5. 遺伝的アルゴリズムの適用

本研究では、上述の標本線の位置を決定する手法として、従来の等間隔に対し、遺伝的アルゴリズム(GA)を用い、より識別率を高めるような標本線の位置の組み合わせを探索的に求めることを試みる。

### a) 符号化

一般に、識別の精度は標本線の数と高い相関を持つと考えられるが、同時に識別時間とトレードオフの関係にあるため、ここでは、標本線の数を一定とし、その位置を GA により決定することにした。具体的には、遺伝子座の数を標本線の数と同数に設定し、その値が標本線の位置を表現するものとした。

### b) 適合度関数

選択された標本線セットの性能を評価するために、テストデータとして用いる  $n$  個の異常波形データの基準空間に対するマハラノビス距離  $y_1, \dots, y_n$  に以下の式を適合度関数として用いる。

$$\eta = -10 \log((1/y_1 + \dots + 1/y_n)/n) \dots \dots \dots (1)$$

この  $\eta$  は S/N 比と呼ばれ、安定性を考慮した多変量の評価値として提案されているものである[2]。

### c) 染色体の評価の流れ

- 1) 染色体からデコードされた標本線位置に基づき、正常波形データ群および異常波形データ群の各データから特徴セットを抽出する。
- 2) 正常波形の特徴セット群からマハラノビス行列を求め、基準空間を構成する。
- 3) 異常波形群の各々の特徴セットに関して、マハラノビス行列からマハラノビス距離を求めて基準空間への帰属度とする。
- 4) マハラノビス距離群から(1)式により S/N 比を算出し、評価値とする。
- 5) 評価値を元の染色体の適合度とする。

図 2 に、以上に示した染色体の評価の流れを図示する。

## 6. 計算機実験

上述の提案手法について表 1 に示すパラメータ設定で計算機実験を行った。

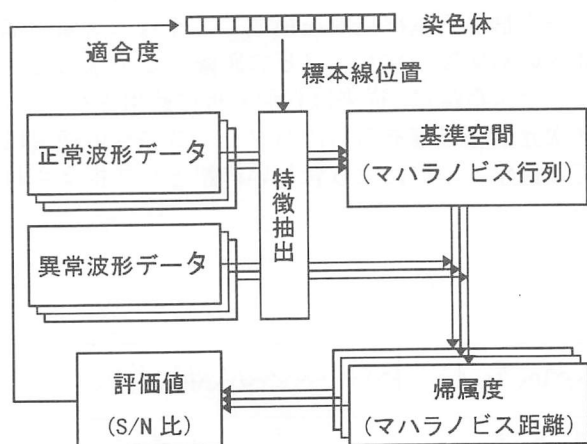


図 2 染色体の評価の流れ

GA により選択された標本線位置の例を図 3 に示す。横軸が標本線のインデックス、縦軸が標本線の位置を示している。この例の S/N 比は 5.30 であり、比較対象として、同じ標本線範囲で等間隔に標本線を選択した場合の S/N 比は 3.90 であった。図より、標本線の位置 100 付近および 500 付近で標本線の間隔が密になっており、これらの範囲の微分・積分特性が識別に重要な特徴であると考えられることができる。

## 7. まとめ

異常波形をリアルタイムで診断できる手法の特徴抽出過程に GA を適用することにより、識別速度を保ったまま識別率を上げることが可能であることが、実験的に確認できた。

今回は、特徴として微分・積分特性の使用を前提とし、標本線を選択部分のみに GA を適用したが、今後は、特徴自体の選択まで適用範囲を広げることが課題の一つである。

## 参考文献

- [1] 手島昌一: マハラノビス距離を適用した切削異常診断の研究, 1998 年度 精密工学会北海道支部学術講演会 論文集
- [2] 田口玄一: パターン認識のための品質工学(3), 品質工学, vol. 3, No. 4 (1995), pp2-5

パラメータ	値	パラメータ	値
波形データ長	400	交叉率	0.8
正常データ数	50	交叉方法	1-point
異常データ数	50	突然変異率	0.05
標本線範囲	0-800	選択方法	ルーレット
標本線数	20	世代数	50
集団サイズ	30	ヒルクライム	10 世代毎

表 1 実験パラメータ

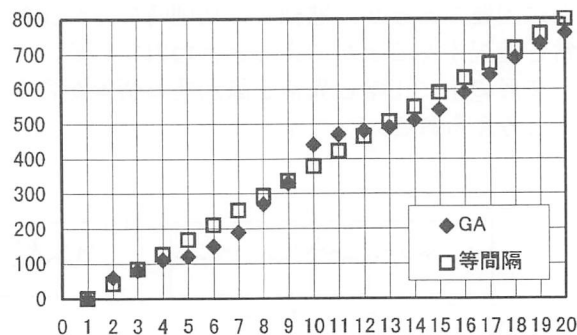


図 3 GA により決定された標本線位置の例