

模糊神经网络在运动员脚力信息识别中的应用

唐毅^{1,2}, 葛运建¹, 袁红艳¹, 王定成¹⁽¹中科院合肥智能机械研究所, 合肥 230031; ²中国科学技术大学自动化系, 合肥 230026)

摘要: 采用了一种基于模糊神经网络的方法进行运动员脚力信息的识别, 该方法利用模糊隶属度函数扩张和收缩以及前向网络的误差反馈原理, 构成了一种改进的模糊神经网络结构, 采用了分级的训练和学习方法, 运用于举重运动员抓举动作的识别中, 并获得了较理想的效果。脚力信息的识别是笔者提出的基于计算智能的数字运动员人体模型的前提和基础。

关键词: 神经网络; 曲线识别; 数字运动员; 运动捕捉

文章编号: 1004-731X (2003) 10-1412-03

中图分类号: TP319.9

文献标识码: A

Application of FNN in the Recognition of Force of Foot about Athlete

TANG Yi^{1,2}, GE Yun-jian¹, YUAN Hong-yan¹, WANG Ding-cheng¹⁽¹Institute of Intelligent Machines CAS, Hefei 230031, China;² Department of Automation, University of Science & Technology of China, Hefei 230026, China)

Abstract: In this paper, a recognition method of force of foot about athlete is introduced. This method is based on the theory of FMMNN. This method achieves a good performance when it is applied to identify actions of weight lifting. This work lays foundation of our digital sportsman human model and simulation.

Keywords: neuron network; pattern recognition; digital sportsman; motion capture.

引言

目前人体模型的建模方法一般采用运动学和动力学的逆解或有限元分析的方法^[1], 这些研究方法对人体模型作了不同程度的简化, 每种研究方法都具有各自的优势和特点, 但是同时都存在着不同程度的不足, 尤其在运动员的运动建模与仿真中, 由于以上的建模方法运算复杂, 研究周期长, 而且一般由于没有在实际的应用中进行过修正, 其仿真的实际效果较差, 另外如何确定边界条件消除奇异点也是一个难以解决的问题。所以我们提出了数字运动员的概念, 其主要思想就是以多目标测试数据为基础, 利用神经网络和遗传算法等计算智能方法进行运动员的人体运动模型仿真的相关研究。我们在数字运动员仿真系统中将利用三维人体运动图象解析的运动学数据, 以及六维力测力平台测出的动力学数据, 采用神经网络的建模方法和基于专家知识的关节空间优化的方法, 其建模的核心思想是利用神经网络完成动力学参数到关节空间的映射, 另外进一步利用专家知识库对关节空间进行优化(包括几何约束和运动员技术动作的要领的专家知识), 从而对运动员的关键动作进行运动仿真。在国外有些学者利用神经网络进行了一些运动生物力学方面的仿真研究如一周步态的研究^{[2][3]}, 并有一些成果成功运用于医疗领域, 但在体育科研尤其在运动员人体模型仿真中的应用至

今尚未见相关报道。

无论是知识的获取还是神经网络的建模都离不开动力学测试参数(即六维力或六分量包括欧式空间的三个方向的力和三个方向的力矩), 在运动生物力学的研究中一般采用的都是脚力, 脚力的力学曲线可以真实再现运动员完成动作的真实情况, 所以在实际的仿真系统中如何自动对实测的脚部全力(六维力)信息与动作阶段进行匹配和识别(即找到与规定动作对应的力学曲线)是数字运动员仿真系统的第一步, 也是我们下一步工作的基础。本文将介绍一种基于模糊神经网络的力学曲线的识别方法, 并将其运用于举重运动员抓举动作的脚力曲线的识别中, 经对照实验证明取得了较满意的效果。

鉴于举重运动的特殊性, 若要了解其识别过程, 必须首先了解相关的领域知识及其数据表示的特点, 以下首先介绍抓举脚力的六维力测试数据及其预处理, 然后简要介绍一些相关的领域知识。

1 测试数据的处理

脚力六维力测试数据是生物力学进行动力学分析的基础, 这些数据是运动员做动作时, 实时测到的, 在实测环境下双脚踩在测力台上, 通过与摄像的同步触发测量, 可以记录下实时的六维力数据。

如图 1 所示, 是我们在国家举重馆实测的我国一位著名世界冠军关于脚力的六维力测试曲线(纵轴 F_z, F_y, F_x 和 M_z, M_y, M_x 分别表示 z, x, y 方向的力和力矩, 横轴代表时间)这段曲线具有很强代表性, 对于一个优秀的举重运动员来说

收稿日期: 2002-09-25

修回日期: 2003-04-07

作者简介: 唐毅(1975-), 男, 安徽合肥人, 博士, 研究方向为系统仿真, 复杂系统建模; 葛运建(1947-), 男, 辽宁沈阳人, 博士, 研究员, 博导, 研究方向为传感技术, 机器人控制; 袁红艳(1979-), 女, 内蒙人呼和浩特人, 硕士, 研究方向为传感技术。

动作相对规范, 基本动作相对成熟, 每次的技术动作具有很高的重复性, 对于多个运动员来说, 每个人的动作又具有很大的相似性。而这些信息反映在六维力的测试信息上就表现为每个曲线具有重复性和相似性, 利用这些规律可以找到每个动作所对应的各个时间段的测力曲线, 从而可以找到关键动作所对应的特征时段, 由于六维力是全力信息, 我们可以得到各个动作对时间的任意力学量, 进一步以此为基础, 结合专家知识进行推理, 为采用计算智能(如神经网络)的方法完成动力学数据到关节空间数据的映射奠定基础。

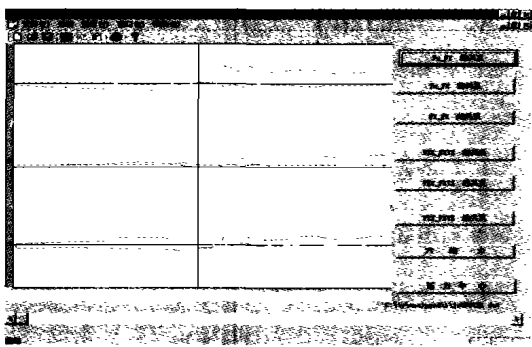


图1 抓举六维力测试曲线图

如图2, 标准的运动员抓举动作可以分为八个阶段, 我们以最有代表性的特征 F_z 为例说明整个抓举的动作特征, 对于一个标准的抓举动作可分为提铃(1), 引膝(2), 发力(3), 离地后跳(4, 5), 下蹲上挺(6, 7), 调整(8), 每个动作在 F_z 都具有标志这个动作的特征点。

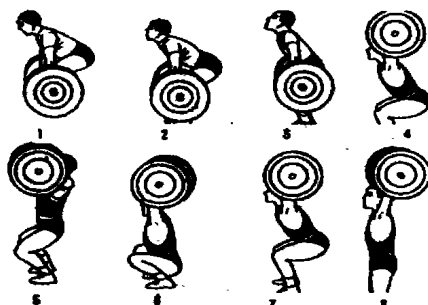


图2 抓举动作示意图

如图3所示, 在A段之前为预备和提铃的过程, 在A段曲线的a点为引膝和发力的起始点, 此时的 F_z 为人和杠铃的总重; B段的b点为发力点的最大值; c点时 F_z 对时间的正向积分面积达到最大, 此时正向速度达到最大值; C段曲线表示翻腕和离地后跳的过程; 在D段d点表示离地后跳至脚趾着地的过程; 在e点负向积分面积最大, 负向速度达到最大值; 在E段表示脚跟着地的过程; F段表示上挺的过程。从图中可以看出 F_z 具有表示特征动作的特征点, 类似的在 F_x, F_y, M_x, M_y 以及压力中心坐标上也有一些规律, 但是这些规律不具备很高的重复性, 所以我们选取 F_z 作为标准动作的识别依据。

虽然各个运动员的特征曲线呈现很大的相似性和重复性, 但是每个运动员的习惯动作并不完全一致, 有时甚至差

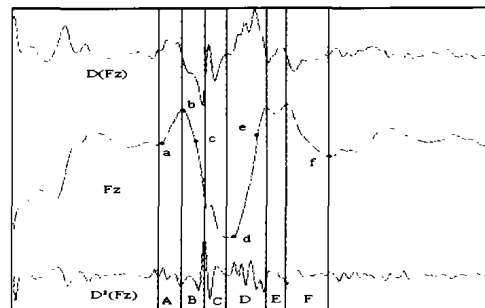


图3 抓举动作特征曲线图

异很大, 另外每个级别的力学曲线在幅值上差异也有较大差异, 故此如式(1)对 F_z 做变换:

$$F_z' = \frac{k}{b-a} \left[x - \frac{a+b}{2} \right] \quad (1)$$

将论域从 $[a, b]$ 转化为 $[a', b']$, 其中 $k=b'-a'$, 令 $k=60$, 那么有 $F_z \in [-30, 30]$, 对其他输入量可以作类似处理。

由于运动员在发力时, 肌肉的高速颤动, 带动杠铃上下抖动, 再加上测量时不可避免的噪声影响, 力曲线一般都有小幅震荡的情况, 这些震荡一定程度上反映出了肌肉的控制力, 但是不利于我们的识别过程, 可以视为噪声, 为此我们设计了截止频率为 10Hz 的低通滤波器, 之所以选择 10Hz 是由于人的运动神经反映能力一般不超过 11Hz。如图4所示可以看出信号上耦合的低频噪声得到了一定的抑制。

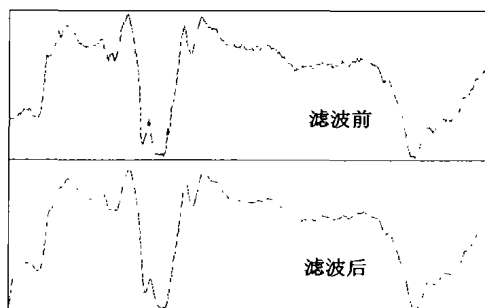


图4 滤波前后的曲线图

2 模糊神经网络的运动员脚力曲线识别

神经网络在曲线识别中的应用比较广泛, 与其他类型的分类器相比, 基于神经网络的分类器有较强的学习综合能力, 所以在医疗领域, 利用神经网络进行心电图和脑电图的特征识别已有比较成功的应用^{[4][5]}, 与心电图等人体的生物信号相比, 样本的特征分布很难达到理想的状态, 特别是如果样本的特征区域发生重叠的时候, 识别率就很难达到要求, 这是由于传统的神经网络在训练过程中不具备同时对样本类内方差最小化和样本间方差最大化的能力, 引入模糊机制可以在一定程度上解决这个难题。

在传统的模式分类中, 常需要用统计均值和方差来定义模式类的中心和大小, 许多神经网络也都是采用这种方法, 例如概率神经网络, 学习向量量化等。为了避免一般模糊化方法需要先验概率的问题, 我们采用模糊极大极小神经网络, 结构如图5所示, 整个网络分为三层, 分别为输入层 I ,

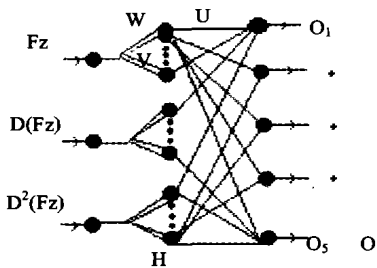


图5 神经网络的结构

隐层 H ，输出层 O ，输入层为三个节点，输入层的每个节点分别与隐层的 7 个节点相连接，每个隐层的节点分别和输出层的各个节点相连接，输入层的输入量取经过处理后的三个分量 $Fz, D(Fz), D^2(Fz)$ (D 为对时间 t 的微分算子)，与输入节点相连的隐层节点分别表示正大，正中，正小，零，负小，负中，负大，每个隐层的节点与相应输入节点的连接权值为 V_i, W_i ， W_i 表示模糊集的最大点， V_i 表示模糊集合的最小点，如表一所示，从某种意义上说曲线的识别过程也是一个正向推理的过程：

表1 特征点识别规则表

Fz	D(Fz)	D ² (Fz)	特征点
正中	零	零	A
正大	负小	负小	B
正中	负大	负大	C
零	正小	正小	D
正中	正大	正大	E
正小	零	零	F

如图 6 所示其中 (V_i, W_i) 可以理解为隶属度函数的 1 截集。

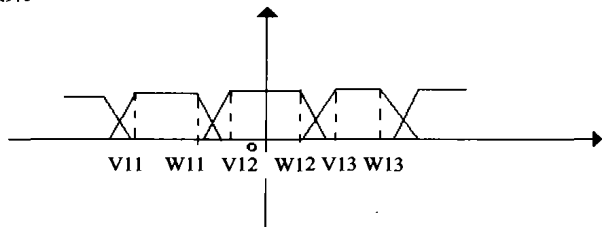


图6 隶属度函数示意图

隐层的输出可以用式 (2) 表示：

$$h_j(I) = [1 - (1/\alpha_j) \sum \text{Max}(0, \text{Min}(1, T(X_i - W_{ji}))) * [1 - 1/\beta_j) \sum \text{Max}(0, \text{Min}(1, T(V_{ji} - X_i)))] \quad (2)$$

$i = (1, \dots, n)$

隐层与输出层为全连接，激活函数采用 sigmoid 函数，误差采用交叉熵的形式，交叉熵的定义如下：

$$F(\cdot) = - \sum_{i=1}^k \sum_{p=1}^c t_{pi} \ln s_{pi} + (1 - t_{pi}) \ln(1 - s_{pi}) \quad (3)$$

其中 t_{pi} 表示第 i 个样本在输出层第 p 个单元的模糊期望值，为 0 或 1， $p=1,2,\dots,5$ ； s_{pi} 表示第 i 个样本在输出层的实际输出。

网络的学习过程主要是调节输入层神经元和隐含层神经元间的连接权值 V, W 以及隐含层与输出层神经元之间的连接权 u ，利用 (I_h, D_h) 进行学习，其中 $I=[Fz, D(Fz), D^2(Fz)]$

为输入量， D_h 为理想输出，根据每个 I_h 判断隐层的输出 $h_j(I)$ 是否为 1，若为 1 表示无需扩充，若不为 1 则判断是否满足式 (4) 扩充条件式：

$$Q \geq \sum [\text{Max}(W_{ji} - I_{hi}) - \text{Min}(V_{ji} - I_{hi})] \quad (4)$$

Q 是 $h_j(I)$ 的形状因子，可以根据输入层的数值的取值，确定 Q 的取值。

若满足则进行扩展，将对权值做如下修改：

$$v_{ji}^{new} = \min(v_{ji}^{old}, I_{hi}),$$

$$w_{ji}^{new} = \max(w_{ji}^{old}, x_{hi}) \quad I=1,2,\dots,n \quad (5)$$

然后检查模糊子集的核是否存在相互交叠的情况，若不满足式 (6)

$$\prod_{i=1}^n \max(0, v_{ki} - w_{ji}) > 0 \quad (6)$$

则存在交叠利用式 (7) 进行收缩

$$w_{ji}^{new} = w_{ji}^{old} - \max(0, \frac{w_{ji} + v_{ki}}{2})$$

$$v_{ji}^{new} = v_{ki}^{old} + \max(0, \frac{w_{ji} + v_{ki}}{2}) \quad (7)$$

完成扩张和收缩后，再根据式 (8) 利用梯度法调整隐层和输出层间的参数 u_{ij}

$$u_{ij}(n+1) = u_{ij}(n) + \beta \Delta u \quad (8)$$

其中， Δu 为 u_{ij} 的梯度， β 为学习系数。这样就完成了一次训练和学习的过程。

3 实验结果与分析

为了检验网络的泛化能力将所测试的样本的 20% 作为学习样本，80% 作为检验样本，以大级别抓举样本和小级别抓举样本分别作了测试，另外为了便于比较，还用 BP 网络作了对照，结果如表 2, 3。可以看出在识别率上模糊神经网络要明显优于 BP 网络，在实际的运动员仿真系统一般要求有很高的识别率，我们可以根据时域的特征以及先验知识对一些特征点的误识别进行判断和纠正，例如在找到 a 点之前就已找到 b 点则肯定有误识别的情况发生，另外在始终找不到第一个点的情况下，在进行隐层节点的输出计算时对其进行一次模糊强化也可以在一定程度上提高识别效果。

表2 特征点识别的实验结果

学习样本数	测试样本数	测试类别	识别率 (学习过)	识别率 (未学习)
30	60	大级别	98.2%	69.2%
30	60	小级别	100%	71.1%
30	60	随机混杂	99.3%	74.6%

表3 BP 特征点识别的实验结果

学习样本数	测试样本数	测试类别	识别率 (学习过)	识别率 (未学习)
30	60	大级别	93.6%	57.3%
30	60	小级别	97.5%	69.2%
30	60	随机混杂	94.2%	64.7%

2 规划问题中的 DNA 计算模型

下面我们给出一个简单 0-1 规划问题:

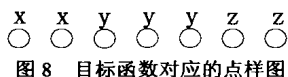
$$\min u = 2x + 3y + 2z$$

$$\begin{cases} x + y + z \geq 2 \\ x + z \leq 1 \\ y + z \leq 1 \\ x, y, z = 0, 1 \end{cases}$$

的表面 DNA 计算的实例。

要讨论这个 0-1 规划问题, 首先我们用上述类似的方法构造分别表示 $x, y, z, \bar{x}, \bar{y}, \bar{z}, x, y, z$ 及 $\bar{x}, \bar{y}, \bar{z}$ 的 12 种寡聚核苷酸, 我们利用 6 种寡聚核苷酸 x, y, z 和 $\bar{x}, \bar{y}, \bar{z}$ 组合串联成 8 个 DNA 链 (表示规划问题的所有可能解) 并将他们固定到表面上, 并用荧光进行标记 (如图 4)。

对于约束方程组的第一个约束方程, 我们在表面上加入核苷酸 x, y, z 对应的补链 x', y', z' , 利用激光共聚焦显微镜观察, 多于 2 个亮点 (含 2 个) 的 DNA 链对应的编码变量满足该约束方程, 拍照其图片并保留, 加热表面解开双链, 并冲洗; 对于约束方程组的第二个约束方程, 我们在表面上加入核苷酸 x, z 对应的补链 x', z' , 利用激光共聚焦显微镜观察, 少于 1 个亮点 (含 1 个) 的 DNA 链对应的编码变量不满足该约束方程, 拍照其图片并保留; 对于约束方程组的第 3 个约束方程, 我们在表面上加入核苷酸 y, z 对应的补链 y', z' , 利用激光共聚焦显微镜观察, 少于 1 个亮点 (含 1 个) 的 DNA 链对应的编码变量不满足该约束方程, 拍照其图片并保留。这样我们知道满足约束方程组的变量 (可行解)。将对应于目标函数的两个聚核甘酸片段 x , 三个聚核甘酸片段 y 和两个聚核甘酸片段 z 固定到表面并排成一行 (见图 8)。对于可行解, 在表面上加入相应变量的聚核甘酸片段 (如对于可行解 (0, 1, 0), 在表面上加入聚核甘酸片段 y'), 通过荧光成像技术可以观察记录亮点数,



然后进行加热解链并冲洗使

(上接第 1414 页)

4 结论

本文提出了一种基于模糊神经网络的数字运动员脚力曲线的识别方法, 以国家举重队的优秀运动员的抓举动作作为研究对象, 对所测的六维力测试样本进行特征抽取, 利用分级训练的学习方法完成了网络的训练, 并且取得了较满意的分类效果。最后值得指出的是我们的训练样本集只是取自我国优秀的男子举重运动员, 对于国外的优秀运动员的测试数据, 由于我们没有获得数据的途径, 所以训练样本集还将有待于进一步完善。

表面回到初始状态。对其它可行解重复这个过程, 最终可以得到最优解。

3 结论

电子计算机的存储量小, 运算速度慢, 智能化低, 特别是制造工艺趋于极限。最近, 采用 DNA 计算的可能性引起了人们的广泛关注, 尤其是它的良好并行性。但对于解决实际问题, 还存在许多生物技术上的问题有待进一步去研究。在我们的设计中采用表面 DNA 计算方法和荧光标记的有关技术, 利用观察荧光来求问题的解, 这种读解方法简单而有效且错误率低。而利用对问题编码后, 将编码的 DNA 分子放在溶液中, 通过连接酶生成所有解, 在利用磁珠分离技术进行求解, 不仅容易因 DNA 分子的错配而产生伪解, 而且在利用磁珠分离时, 也会因为分离时的分子污染而丢失真解。这两点是溶液里进行生物计算的难点。在本文中我们仅对简单的案例进行了详细的讨论, 但是我们知道对于一般的案例来说, 该方法求解还是很困难的, 这将有待于分子生物学及生物工程的技术的进一步发展。随着分子生物学及生物工程的技术的进一步发展, 利用 DNA 计算进行案例分析将成为现实。用长为 8 的碱基表示变量时逻辑演算中所涉及的原子变量的个数可以达到 $4^8/2$ 个左右, 如此多的变量的逻辑演算问题, 不仅人脑无法处理, 即使是电子计算机也无能为力, 这正体现了 DNA 计算具有高度并行的优越性。

参考文献:

- [1] Adleman L M. Molecular Computation of Solutions to Combinatorial Problems [J]. Science, 1994, 266: 102-105.
- [2] Sinden R R. DNA Structure and Function [M]. New York, Academic Press, 1994.
- [3] Lipton R J. DNA Solution of Hard Computation Problem [J]. Science, 1995, 268: 583-585.
- [4] Liu Q H, et al. DNA computing on surfaces [J]. Nature, 2000, 403: 175-179.
- [5] Wu H Y. An improved surface-based method for DNA computation [J]. Boissystem, 2001, 59: 1-5.

参考文献:

- [1] Dequan Zou, D Sc Modeling, Computer Simulation In Biomechanics [D]. Review of Washington University in StLouis, 2000.
- [2] Rogerio Rodrigues Lima Cisi, Euvaldo F Cabral Jr. Human Gait Analysed by an Artificial Neural Network Model [C]. Proceedings of the IV Brazilian Conference on Neural Networks-IV. 148-151, 20-22, 1999-ITA.
- [3] Berbyuk V, Demydyuk M, B Lytwyn. Mathematical modeling of human gait based on experimental data [J]. J. Visnyk Lviv University, Ser. Applied Mathematics and Computer Science, 2000, (accepted).
- [4] 陈粟蔚, 宁新宝. 神经网络自适应共振理论应用于心电图 QT 间期自动检测的研究 [J]. 南京大学学报, 2000, 4(440).
- [5] 李岭森, 商同, 杨伟东, 等. 心电图的智能识别技术 [J]. 数据采集与处理, 1999, 14(3).