

UNA MÉTODOLÓGÍA PARA GENERAR BASES DE CONOCIMIENTO DIFUSAS BASADA EN AGRUPAMIENTO DIFUSO, SELECCIÓN Y AJUSTE EVOLUTIVOS

Ruth Toscano¹ Javier Aroba² Antonio Peregrín²

¹ Máster en Tecnologías Informáticas Avanzadas
Universidad de Huelva. ruth.toscano@diesia.uhu.es

² Dpto. Tecnologías de la Información.
Universidad de Huelva. {aroba, peregrin}@dti.uhu.es

Resumen

En este trabajo se presenta una metodología para obtener bases de conocimiento lingüísticas de tipo Mamdani para sistemas difusos lingüísticos descriptivos a partir de un conjunto de ejemplos, basado en la combinación de técnicas de agrupamiento difuso, y de selección y ajuste evolutivos. Los resultados obtenidos con la metodología propuesta mejoran tanto en precisión (error) como en complejidad (número de reglas) a algoritmos clásicos y referentes en este campo con los que se ha comparado en un breve primer estudio experimental.

Palabras Clave: Bases de reglas, sistemas difusos lingüísticos, algoritmos genéticos, agrupamiento.

1 INTRODUCCIÓN

En el diseño de Sistemas Basados en Reglas Difusas (SBRDs) de tipo Mamdani, el principal elemento propio del problema es la Base de Conocimiento que contiene fundamentalmente, tanto las reglas difusas que componen la Base de Reglas (BR), como la definición de las funciones de pertenencia de las variables implicadas. Por este motivo, tanto la obtención de la BR [17, 16, 7] como el ajuste de las funciones de pertenencia [1, 14, 6] son problemas que han sido tradicionalmente de gran interés y ampliamente tratados en la literatura [13]. Aprender estos elementos a partir de conjuntos de datos o ejemplos de forma automática permite crear modelos difusos de forma sencilla. Generalmente se pretende que las BRs sean compactas, lo cual favorece su interpretabilidad, y que sean precisas, lo que generalmente produce contrariamente a lo anterior, más cantidad de reglas. Especialmente cuando los conjuntos de datos son grandes, este problema se vuelve de especial interés, pues muchos

métodos con buen nivel de precisión se vuelven poco manejables, bien por la gran cantidad de reglas que utilizan, o bien porque su eficiencia se ve comprometida.

En este ámbito se sitúa este trabajo, en el que se presenta una metodología basada en combinar agrupamiento difuso y algoritmos evolutivos para la obtención de la RB y ajuste de las funciones de pertenencia, que obtiene buenos resultados en cuanto a número de reglas y un buen nivel de precisión. El agrupamiento difuso, bien conocido también para aplicaciones modelado [3], permite generar reglas que describen individualmente el conjunto de datos, mientras que la selección y el ajuste evolutivos simultáneos, [1, 6], permiten tanto un buen nivel de cooperación entre las reglas como entre éstas y las funciones de pertenencia, que se traduce en buena precisión, y en un conjunto final de reglas compacto.

El trabajo se organiza de la siguiente forma: En la Sección 2 se describe la metodología presentada que denominamos CEST, mientras que en la Sección 3 se desarrolla un breve estudio experimental que muestra las buenas cualidades de la metodología propuesta comparada tanto con un método clásico como con otro de amplio reconocimiento por sus buenos resultados, en dos problemas reales diferentes.

2 METODOLÓGÍA CEST

En este trabajo se propone una metodología para generar bases de conocimiento para sistemas difusos descriptivos a partir de ejemplos basada en combinar en el agrupamiento (o *Clustering*) de los ejemplos para generar un conjunto de reglas candidatas, que a continuación son seleccionadas mediante un mecanismo de selección de reglas y ajuste de funciones de pertenencia simultáneos evolutivos (*Simultaneous Evolutionary Selection and Tuning*) CEST. En esta sección se describe el fundamento de los elementos de ésta metodología, la cual podemos considerar que tiene dos etapas secuenciales: la primera, que genera el conjunto de reglas candidatas utilizando una técnica de agrupamiento de los datos, y la segunda que emplea un algoritmo evolutivo para la selección de las reglas candidatas y ajuste de las funciones de pertenencia,

ambas de forma simultánea. Cada etapa se describe en sendas subsecciones.

2.1. GENERACIÓN DE REGLAS CANDIDATAS MEDIANTE UN SISTEMA DE AGRUPAMIENTO DIFUSO

Los algoritmos clásicos de agrupamiento o *clustering* generan una partición de la población de forma que cada caso es asignado exactamente a un *cluster*. El algoritmo Isodata [2] fue modificado por [9] y generalizado en [4] y [5] hasta convertirlo en un algoritmo de agrupamiento difuso de propósito general, denominado algoritmo de la C-medias difusas, y conocido por sus siglas en inglés como FCM (*Fuzzy C-means Method*), basado en la minimización de distancias entre dos puntos y los centroides de los *clusters* (c-medias). Básicamente, este algoritmo intenta clasificar n elementos $x_k \in X$ con $1 \leq k \leq n$, con p características cada uno, es decir, $X \subset \mathcal{R}^p$, en c *clusters* difusos, asignando una función de pertenencia μ_{ik} :

$$\mu_{ik}: X \rightarrow [0,1], 1 \leq i \leq c, 1 \leq k \leq n \quad (1)$$

Para ello, el algoritmo trata de minimizar la siguiente función J_m :

$$J_m(U, P; X) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c (\mu_{ik})^m D_{ik}^2 \quad (2)$$

Donde $U=(\mu_{ik})$ es la matriz de pertenencia de X , $P=[v_1, v_2, \dots, v_c]$ es un vector de centroides de *clusters* que debe ser determinado, y $m \in [1, \infty]$ es un exponente de peso sobre cada pertenencia difusa (en este trabajo se ha considerado $m=2$) y,

$$D_{ik}^2 = \|z_k - v_i\|_A = (z_k - v_i)^T (z_k - v_i) \quad (3)$$

es la norma usada para medir las distancias.

Finalmente, la función J es minimizada para obtener los componentes de U y P , es decir, la matriz de pertenencia y el vector de centroides de los *clusters*. Las condiciones necesarias para minimizar J son:

$$\mu_{ik} = \left[\sum_j \left[\frac{\|x_k - v_i\|_A}{\|x_k - v_j\|_A} \right]^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} \forall i, k \quad (4)$$

$$v_i = \frac{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik})^m x_k}{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik})^m} \forall i \quad (5)$$

El objetivo final de esta fase de la metodología es obtener un sistema de reglas difusas a partir de una matriz de

datos cuantitativa multiparamétrica, para lo cual se ha aplicado un algoritmo de agrupamiento difuso basado en la metodología propuesta por Sugeno y Yasukawa en [15], con el propósito de construir un modelo difuso a base de reglas difusas IF-THEN de la forma:

$$R^i: \text{IF } x_i \in A^i \text{ THEN } y \in B^i \quad (6)$$

donde $X=[x_1, x_2, \dots, x_n] \in \mathcal{R}^n$ son parámetros de entrada antecedentes), $A=[A_1, A_2, \dots, A_n]$ son n conjuntos difusos, $y \in \mathcal{R}$ es un parámetro de salida (consecuente), y $B=[B_1, B_2, \dots, B_m]$ son m conjuntos difusos.

La metodología utilizada para obtener el modelo difuso, consiste básicamente en aplicar la partición difusa FCM al parámetro de salida y . Como resultado de este proceso, se obtiene el grado de pertenencia de cada uno de los datos de salida de la base de datos a cada uno de los conjuntos difusos B^i . Una vez obtenida una partición del espacio de salida en *clusters* difusos B^i , se realiza una proyección de estos *clusters* sobre el espacio de entrada obteniendo un conjunto difuso en \mathcal{R}^n , que proyectado sobre cada eje asigna a cada parámetro de entrada x_i un conjunto difuso A^i según la ecuación 6, como ilustra la Figura 1.

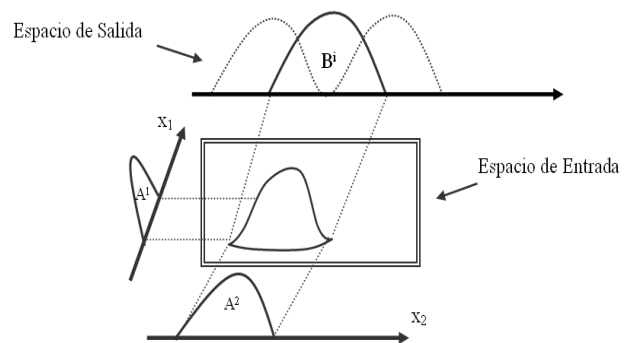


Figura 1: Proyección de *clusters* difusos

Con objeto de obtener un sistema de reglas difusas descriptivo sencillo, en este trabajo se ha optado por asignar etiquetas difusas de tipo triangular a cada uno de los parámetros que conforman tanto el antecedente como el consecuente de las reglas difusas obtenidas. Asimismo, aunque el proceso de clustering genera funciones de pertenencia específicas para cada regla, con objeto de obtener un sistema de tipo Mamdani en el que todas las reglas utilizan el mismo tipo de partición de las variables, se toma como parámetro de entrada el número de particiones difusas de cada variable (granularidad) y se reduce mediante el algoritmo de vecino más cercano el número de funciones de pertenencia que utiliza cada variable reasignándose las etiquetas inicialmente obtenidas. La Figura 2 muestra un ejemplo de una posible BR obtenida mediante este método, donde se puede observar que las etiquetas utilizadas en distintas reglas corresponden a una mismo particionamiento del universo de discurso de las variables. La anchura de las etiquetas es diferente entre cada una de ellas porque se mantiene el

obtenido en el proceso anterior, aunque lógicamente una misma etiqueta en distintas reglas también tiene como corresponde a un sistema Mamdani descriptivo, la misma anchura.

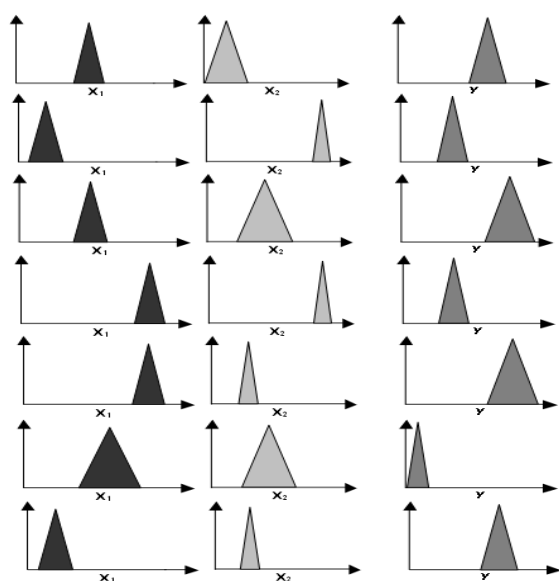


Figura 2: Ejemplo de algunas reglas candidatas

El número de reglas candidatas difusas que se generan por esta metodología se basa en el criterio propuesto por Fukuyama en [12], consistente básicamente en medir la varianza de los datos en un *cluster* y la varianza entre *clusters*. De esta forma, el número de *clusters* óptimo es aquel que minimiza la varianza en cada *cluster* y maximiza la varianza entre ellos. En este trabajo utilizamos un número de reglas igual a dos o cuatro veces el óptimo calculado con este procedimiento, dependiendo del problema, con objeto de partir para la selección evolutiva con un conjunto de reglas mayor y que el algoritmo pueda disponer de una zona de búsqueda más amplia.

2.2. SELECCIÓN Y AJUSTE EVOLUTIVO DEL CONJUNTO DE REGLAS CANDIDATAS

El conjunto de reglas y las funciones de pertenencia de cada variable involucradas que se han generado en el paso anterior, son utilizadas en este segundo paso para encontrar el conjunto final de reglas, y el ajuste las funciones de pertenencia de las mismas.

El método empleado en este trabajo para ello es similar al presentado en [1]. Se trata de utilizar un algoritmo evolutivo en cuyo cromosoma se codifican ambos elementos: las reglas candidatas y las funciones de pertenencia asociadas a cada variable.

Como se ha comentado, utiliza un esquema de codificación doble (CS_S+CS_T), donde:

- CS_S codifica las reglas, utilizando para ello una cadena binaria de N genes, cada uno representando una regla candidata proveniente del proceso de agrupamiento. Las reglas seleccionadas tendrán el valor "1" en su gen correspondiente de la cadena, mientras que "0" significa lo contrario. Esta forma de selección de un conjunto de reglas permite obtener subconjuntos de reglas con un mejor nivel de cooperación entre ellas [7], ya que en el conjunto inicial de reglas candidatas no está obtenido bajo esta premisa, sino bajo la de la calidad de cada regla individual aisladamente, lo cual podría conducir a que hubiese algunas reglas redundantes, contradictorias o en general con bajo nivel de cooperación.
- CS_T codifica las funciones de pertenencia para su ajuste, y lo hace concretamente utilizando para ello el llamado ajuste lateral [1], el cual sólo maneja el desplazamiento y la amplitud de las etiquetas. Este método para el ajuste de funciones de pertenencia permite encontrar con mayor facilidad el ajuste de las funciones de pertenencia, al utilizar un menor número de parámetros que el ajuste clásico [14], que si bien a priori supone un inferior número de grados de libertad, cuando se trata con complejas bases de conocimiento constituye una ventaja.

El modelo evolutivo utilizado en este trabajo deriva del modelo CHC [11], el cual presenta un buen equilibrio entre exploración y explotación, constituyendo una buena elección para problemas con espacios de búsqueda complejos. El modelo evolutivo CHC se caracteriza por, en cada generación, utilizar una población de padres de tamaño M para generar una población intermedia de M individuos, los cuales son aleatoriamente emparejados y utilizados para generar M' descendientes. Se mantiene entonces una competición por la supervivencia, donde los mejores M cromosomas de las poblaciones de padres y descendientes son seleccionados para constituir la nueva generación.

En la fase de recombinación no se aplica ningún proceso de mutación. En su lugar, cuando la población converge o el proceso de búsqueda deja de progresar adecuadamente (el umbral de cruce llega a 0 y no se generan nuevos descendientes), la población se reinicia. El cromosoma que representa la mejor solución hasta ese momento se utiliza como patrón para generar la nueva población en un cromosoma, mientras que el resto es aleatorio.

Aunque el algoritmo CHC fue concebido para cromosomas con codificación binaria, existen versiones para su uso con cromosomas con codificación real en parte es empleada en este trabajo, la cual utiliza el BLX- α como operador de cruce ($\alpha=0.5$). El cálculo de la distancia de Hamming en este caso se realiza convirtiendo los genes reales en una representación en cadenas y hallando la distancia de Hamming teniendo en cuenta si difiere o no cada uno de los caracteres. Sólo aquellas cadenas con una distancia mayor del umbral son combinados. El

umbral se inicializa a $L/4$ siendo L la longitud de la cadena o cromosoma. Cuando ningún descendiente es insertado en la nueva población, el umbral se reduce en una unidad.

El aprendizaje de ambos elementos simultáneamente, selección de reglas y funciones de pertenencia, permite obtener no sólo un conjunto de reglas con un buen nivel de cooperación sino también al mismo tiempo el ajuste de las funciones de pertenencia que le corresponde para obtener una buena precisión, es decir, no sólo la cooperación entre las reglas sino entre éstas y las descripciones de las funciones de pertenencia que utilizan.

3 EXPERIMENTACIÓN

Con objeto de mostrar los resultados obtenidos comparativamente del método propuesto, se ha planteado un breve estudio experimental en el que se utilizan dos conjuntos de datos y se utilizan dos métodos como referencia, WM [17] y COR [7]. Consideramos que dado que ambos citados métodos no cuentan con una etapa final de selección a ajuste evolutivos como la que incluye el método aquí propuesto, es necesario utilizar en la comparación este mecanismo también con los dos métodos, que mejora su precisión y complejidad, por el ajuste de las funciones de pertenencia y la selección del subconjunto de reglas con mejor nivel de cooperación, que realiza el evolutivo. Por tanto, los resultados que se van a mostrar en este estudio no son los de WM y COR sino el resultado de la mejora de ambos a los que se les añade el mecanismo descrito en la sección 2.2.

3.1. DESCRIPCIÓN DE LOS PROBLEMAS Y METODOLOGÍA DE COMPARACIÓN

Los problemas considerados para el estudio experimental son los siguientes:

- Un problema de distribución del sistema eléctrico (SE) [8], que consiste en estimar el coste de mantenimiento de las líneas de medio voltaje en una ciudad. (1059 datos, 4 variables de entrada continuas, y una variable de salida).
- El conjunto de datos del tiempo en Ankara (TA), [10] que trata sobre predecir la temperatura media en la ciudad turca de Ankara, (1609 datos, 9 variables de entrada continuas, y una de salida).

Utilizamos validación cruzada de orden 5, es decir, 5 particiones aleatorias de los datos, cada una con el 20% (4 con 211 ejemplos y una con 212 para el caso del problema SE, y 4 con 322 ejemplos y uno con 321 para el problema TA) y la combinación de 4 de ellos (el 80%) como entrenamiento con el quinto para prueba. Se han realizado un total de 30 experimentos para cada modelo ejecutando los métodos de aprendizaje para cada una de

las particiones 6 veces con diferentes semillas para el generador de números aleatorios. Mostraremos los valores promedio del clásico Error Cuadrático Medio (ECM) como media estándar de rendimiento cuya expresión es (7):

$$ECM(S)_B = \frac{1}{2} \frac{\sum_{k=1}^P (y_k - S(x_k))^2}{P}, \quad (7)$$

donde S es el modelo difuso, P es el número de pares del conjunto de datos $Z_k = (x_k, y_k)$, $k=1, \dots, P$, con x_k los valores de las variables de entrada, y con y_k siendo sus valores asociados correspondientes para la variable de salida.

Para cada partición por tanto, se han generado las bases de reglas correspondientes. En los casos de los métodos de WM [17] y de COR [7], éstos métodos generan aproximadamente 65 reglas en el caso del problema SE y 156 en TA. En el caso del método CEST es suficiente generar para el problema SE dos veces el óptimo según el criterio descrito en [8] como indicamos en la Sección 2, es decir, una media de 20 reglas, y para el problema TA cuatro veces dicho óptimo, es decir, una media de 66 reglas.

El tamaño de la población es de 50 individuos aleatoriamente inicializados (dentro de sus intervalos de variación) salvo uno, con la siguiente configuración:

- La parte de la selección de reglas, CS_S , con todos los genes a "1" de modo que todas las reglas provenientes del agrupamiento están activas inicialmente.
- La parte correspondiente al ajuste, CS_T , con la posición inicial de las etiquetas resultante de la etapa anterior.

Para ambos problemas, el número de evaluaciones del algoritmo evolutivo utilizado es de 200.000, determinado empíricamente mediante varias pruebas previas.

La función objetivo es la anteriormente descrita con la expresión (7).

3.2 RESULTADOS Y ANÁLISIS

En esta sección se muestran los resultados obtenidos y el análisis de los mismos. La Tabla 1 muestra los que corresponden al problema SE y la Tabla 2 al problema TA. Las columnas de éstas tablas muestran en primer lugar el método de obtención de la base de conocimiento, la media del número de reglas obtenido por los modelos, y el ECM en entrenamiento y en prueba. Asimismo se ha incluido el resultado de aplicar el test de la t-student (columna t-test) con 95% de confianza al mejor resultado medio de la correspondiente columna comparado 1 a 1 con el resto de resultados medios. La interpretación de esta columna es:

- * Indica el resultado con la mejor media.

+ Indica un comportamiento significativamente peor que el mejor.

Como se puede apreciar en ambas tablas, la mejora del método propuesto es claramente visible tanto por la mejora de precisión, reduciendo el ECM en entrenamiento y prueba, así como en complejidad, con menor número de reglas. En el caso del problema SE (Tabla 1), la reducción de reglas es muy importante, habiendo mejorado también el ECM. En el problema TA (Tabla 2), la reducción en el número medio de reglas es importante pero en este caso destaca la reducción del ECM.

Tabla 1: Resultados obtenidos con el problema del SE

Método	#R	ECM _{Entr.}	t-test	ECM _{Prueba}	t-test
WM+EST	35.5	19084.121	+	23256.302	+
COR+EST	41.8	15793.401	+	19781.520	+
CEST	10.8	12274.421	*	13749.437	*

Tabla 2: Resultados obtenidos con el problema del TA

Método	#R	ECM _{Entr.}	t-test	ECM _{Prueba}	t-test
WM+EST	63.8	5.5969318	+	5.8172814	+
COR+EST	57.3	1.8875130	+	2.9646900	+
CEST	41.3	0.0066863	*	0.0072634	*

Debemos incidir que la comparación no se está realizando con el método de WM y el algoritmo COR originales sino tras aplicarles la misma selección evolutiva y ajuste de funciones de pertenencia simultáneos que tiene ya incluido el método propuesto, CEST, en su última etapa. Interpretamos que la ventaja del método propuesto radica en su primera etapa de generación de reglas candidatas basado en agrupamiento difuso, donde se obtiene una buena descripción del conjunto de datos representado por un grupo de posibles reglas individuales de gran calidad, no muy numerosas, y poco compatibles entre sí, que posteriormente formarán un buen subconjunto de reglas con un alto nivel de cooperación gracias a la selección evolutiva, y un bajo nivel de error gracias al ajuste de las funciones de pertenencia, todo ello con una buena integración al realizarse el proceso evolutivo conjuntamente.

4 CONCLUSIONES

En este trabajo se presenta una metodología para obtener bases de conocimiento para sistemas difusos descriptivos lingüísticos a partir de conjuntos de ejemplos cuyas reglas tienen un buen nivel de cooperación, y las funciones de pertenencia se encuentran ya ajustadas y adaptadas a la base de reglas. Empíricamente, en el breve estudio experimental desarrollado, la calidad de los resultados es bastante prometedora, mejorando la precisión y

complejidad de otros métodos ayudados por una de las fases de la propia metodología empleada como postprocesamiento, que es la selección de reglas y ajuste de las funciones de pertenencia. Las mejoras en precisión y complejidad son cuestiones interesantes especialmente para su uso en problemas con conjuntos de datos que mediante otras técnicas obtienen grandes cantidades de reglas o son poco eficientes en tiempo o recursos, y que es en la línea en la que se va a continuar el estudio de ésta propuesta: mayor número de conjuntos de datos con diferentes perfiles (en tamaño y complejidad), razón entre alguna medida del conjunto de datos y el número de reglas a generar en el agrupamiento difuso (para que dicho proceso no sea empírico), estudio de la eficiencia respecto de los otros métodos y estudios experimentales y estadísticos de los resultados con mayor profundidad.

Agradecimientos

Este trabajo está soportado por los proyectos TIN2008-06681-C06-06 del Ministerio de Ciencia e Innovación, y por el proyecto P07-TIC-03179 de la Consejería de Innovación Ciencia y Empresa de la Junta de Andalucía.

Referencias

- [1] R. Alcalá, J. Alcalá-Fdez, F. Herrera. A Proposal for the Genetic Lateral Tuning of Linguistic Fuzzy Systems and its Interaction with Rule Selection. *IEEE Transactions on Fuzzy Systems* 15:4, Pág. 616-635, 2007.
- [2] G.H. Ball, D.J. Hall. ISODATA, a novel method of data analysis and pattern classification. Technical report, Stanford Research Institute, 1965.
- [3] M. Setnes, R. Babuška, H. B. Verbruggen. Rule-Based Modeling: Precision and Transparency. *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics – Part C: Applications and Reviews* 28:1, Pág. 165-169, 1998.
- [4] J.C. Bezdek. Pattern Recognition with fuzzy objective function algorithm. *New York: Plenum Press*, 1981.
- [5] J.C. Bezdek, R. Ehrlich, W. Full. FCM: The Fuzzy c-Means Clustering Algorithm. *Computers and Geosciences* 10:2-3, Pág. 191-203, 1984.
- [6] J. Casillas, O. Cordon, M.J. Del Jesus, F. Herrera. Genetic tuning of fuzzy rule deep structures preserving interpretability for linguistic modeling. *IEEE Trans. on Fuzzy Systems* 13:1, Pág. 13-29, 2005.
- [7] J. Casillas, O. Cordon, F. Herrera. COR: A methodology to improve ad hoc data-driven

- linguistic rule learning methods by inducing cooperation among rules. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics —Part B: Cybernetics*, 32:4, Pág. 526–537, 2002.
- [8] O. Cordón, F. Herrera, L. Sánchez. Solving electrical distribution problems using hybrid evolutionary data analysis techniques. *Applied Intelligence* 10, Pág.5-24, 1999
- [9] J.C. Dunn. A Fuzzy Relative of the ISODATA Process and Its Use in Detecting Compact Well-Separated Clusters. *Journal of Cybernetics* 3, Pág. 32-57, 1973.
- [10] M. Erdem Kurul, E. Tuzun. Available:www.wunderground.com; <http://www.wunderground.com/global/stations/17128>.
- [11] L.J. Eshelman. The CHC adaptive search algorithm: How to have safe search when engaging in nontraditional genetic recombination. *Foundations of genetic Algorithms* 1, Pág. 265-283, 1991.
- [12] Y. Fukuyama, M. Sugeno. A new method of choosing the number of clusters for fuzzy c-means method. *Proceedings of the 5th Fuzzy Systems Symposium*, Pág. 247-250, 1989.
- [13] F. Herrera. Genetic Fuzzy Systems: Taxonomy, current research trends and prospects. *Evolutionary Intelligence*, 1, Pág. 27-46, 2008.
- [14] C. Karr. Genetic algorithms for fuzzy controllers. *AI Expert* 6:2, Pág. 26-33, 1991.
- [15] M. Sugeno, A. Yasukawa. A Fuzzy-Logic Based approach to qualitative Modeling. *IEEE Transactions on Fuzzy Systems* 1, Pág. 7-31, 1993.
- [16] P. Thrift. Fuzzy logic synthesis with genetic algorithms. *Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms* Morgan Kaufmann, Pág. 509-513, 1991.
- [17] L.X. Wang, J.M. Mendel. Generating fuzzy rules by learning from examples. *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics* 22:6, Pág.1414-1427, 1992.