

Bootstrap—自适应混沌克隆网络与陀螺漂移预测

张 伟^{1,2}, 胡昌华¹, 焦李成²

(1. 第二炮兵工程学院, 陕西西安 710025; 2. 西安电子科技大学智能信息处理研究所, 陕西西安 710071)

摘 要: 提出一种 Bootstrap—自适应混沌克隆网络建立陀螺漂移预测模型。基于统计理论的 Bootstrap 方法, 设计了自适应混沌克隆网络训练策略, 以获得统计意义下陀螺漂移时间序列小样本预测模型的最优估计; 运用字符串技术生成复合函数抗体, 使预测模型具有在复杂函数子空间逼近强非线性函数的能力; 构造了一系列自适应混沌克隆网络进化算子, 使复合函数抗体在具有混沌特征的进化中自适应性更强; 预测建模实验表明: Bootstrap—自适应混沌克隆网络建立的预测模型训练和测试精度稳定, 对比几种典型预测算法, 其建模方式更灵活, 自适应性更强, 适于工程应用。

关键词: Bootstrap; 自适应混沌克隆网络; 陀螺漂移预测; 复合函数抗体

中图分类号: TP277 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2009) 09-2035-06

Bootstrap—Adaptive Chaos Clone Network and Drift Forecasting of Gyro

ZHANG Wei^{1,2}, HU Chang-hua¹, JIAO Li-cheng²

(1. The Second Artillery Engineering College, Xi'an, Shaanxi 710025, China;

2. Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an, Shaanxi 710071, China)

Abstract: A Bootstrap—adaptive chaos clone network is put forward for drift forecasting modeling of gyro. Drift times series of gyro has little samples, in order to obtain statistic optimization estimate of the forecasting model, training strategy of adaptive chaos clone network is designed based on Bootstrap method. String techniques are used to produce compound function antibodies, ability of the forecasting model which approach strong nonlinear function in complex function subspace is high. A series evolve operator in adaptive chaos clone network is structured, adaptability of antibodies improve in evolution with chaos character. Forecasting modeling experiments show that forecasting model built by Bootstrap—adaptive chaos clone network is of smooth training and test precision, compared with several typical forecasting algorithm, the modeling approach is flexible, forecasting model has well adaptability and can meet the requirements of engineering application.

Key words: Bootstrap; adaptive chaos clonal network; drift forecasting of gyro; compound function antibodies

1 引言

陀螺仪是惯性器件的重要组成部分, 其漂移误差反映了惯性器件的状态和制导精度, 也是衡量惯性器件质量的主要指标, 因而研究漂移误差时间序列的变化规律, 建立陀螺漂移预测模型, 对于误差预先补偿以提高精度、发现故障隐患视情维修等都具有重要的意义。漂移误差形成机理复杂, 非线性特征显著。目前研究非线性时间序列建模算法较多, 其中成功地应用于各领域的代表性方法^[1~4]主要有神经网络、机器学习等。神经网络建模时需先确定网络的型式、拓扑结构和激活函数等; 支持向量机回归建模时需先选择核函数和回归类型等, 可见诸如此类的建模方法需事先确定模型的结构或框架, 建模过程以参数辨识为主, 因而显得不够灵活。潘正军等^[5]曾提出一种自适应建模算法, 用二叉树表示函

数, 以二叉树节点为遗传操作单位—染色体进行进化操作, 从而实现了模型结构、参数的自适应确定; 这种建模过程是通过进化自动完成的, 所建数学模型的形式事先并不知道, 与前述非线性建模方式相比, 人为干预少、灵活性强; 但在进化模型的评价标准、二叉树深度对进化操作复杂度的影响、遗传规划算法的改进等方面有待进一步研究; 张伟等^[6]提出了一种基于字符串编码克隆选择的建模算法, 实现了初等函数空间数学模型结构与参数的自适应确定, 并将最优抗体(预测模型)用于可靠性预测; 该文继承了自适应建模的思想, 用字符串编码随机生成初等函数表达式, 消除了类似二叉树这种结构编码方式对进化操作的制约; 同时进化策略构造为相应的字符串编码操作特有的克隆选择策略, 有效地克服了因多样性不足而导致的局部极值问题; 但仍然存在最小二乘误差作为模型评价标准的科学性、初等函数逼近复

收稿日期: 2007-12-26; 修回日期: 2009-02-16

基金项目: 国家自然科学基金重点课题(No. 60736026); 教育部新世纪优秀人才支持计划

杂非线性时间序列模型的能力等问题。

Bootstrap—自适应混沌克隆网络针对复杂非线性时间序列模型结构与参数的自适应辨识问题提出:第一,将 Bootstrap 重采样用于自适应混沌克隆网络的训练;用相应的测试集误差评价和选择经过网络训练的数学模型,使进化过程在统计意义下获得反映母体变化规律的数学模型;以弥补小样本训练导致模型的“先天性不足”,也是对最小二乘误差为模型评价和选择标准并由此而产生诸如“过拟合”训练的改造;第二,用一系列字符串操作技术实现了复合函数表达式(抗体)的随机生成,在所张成的复合函数空间实现了对复杂非线性时间序列模型的逼近;设计了组合编码的抗体记忆方式,实现了基因识别、进化操作与抗体存储的优化;第三,构造了自适应混沌克隆网络中的克隆规模函数、抗体—抗体亲合度、克隆选择概率及亲合度成熟判别条件系列操作算子;使抗体进化操作的各个细节自适应性更强、进化效率更高,并具混沌特征。实验证明,用 Bootstrap—自适应混沌克隆网络建立的陀螺漂移预测模型测试精度较高。

2 Bootstrap—自适应混沌克隆网络训练策略

2.1 Bootstrap—自适应混沌克隆网络训练和模型评价原理

Bootstrap 方法^[7,8]源于统计理论,当从母体中随机、独立地抽取观测样本且数量 N 足够大即 $N \rightarrow \infty$ 时,观测样本 Z 的经验分布 $\hat{F}(Z)$ (统计量 $\hat{\cdot}$) 可以代替母体的分布 $F(Z)$ (统计量 \cdot)。实际问题中观测样本相对于母体来说多为小样本,Bootstrap 方法采用从观测样本中随机、独立地重采样,通过对历次 Bootstrap 子样的相应经验分布进行统计量估计,得到逼近观测样本的经验分布。

基于 Bootstrap 的自适应混沌克隆网络训练,就是统计意义下 Bootstrap 方法与模型评价标准相结合的自适应进化建模。即对有限漂移预测样本随机、独立地重采样,并用于自适应混沌克隆网络抗体的进化训练;训练结果即为进化抗体群(预测模型簇),其评价标准设计为未被采样样本的抗体误差,也以此作为选择优势抗体和继续进化训练的依据,因此,这种 Bootstrap 子样—抗体拟合性训练及模型评价标准干预抗体选择的实验,是通过对 Bootstrap 子样经验分布的统计估计获得观测样本的经验分布思想在用 Bootstrap 子样训练自适应混沌克隆网络,以获得统计意义下抗体进化的最优估计这一建模方法中的体现。

2.2 Bootstrap—自适应混沌克隆网络训练步骤

用于建立陀螺漂移预测模型的时间序列实测样本共 33 个,依据经验知识将它们构成 6 维 27 组输入和对

应的 1 维 27 组输出漂移预测样本对: $X_i (x_1, \dots, x_6)$ 和 Y_i, i 是样本数 $i = 1 \sim 27$; 则 X_i 和 Y_i 是某象空间对应的输入和输出,且 X_i 和 Y_i 是相关的; $(X_1, Y_1), (X_2, Y_2), \dots, (X_{27}, Y_{27})$ 之间是独立的。

Bootstrap—自适应混沌克隆网络训练步骤为:

Step 1 设 k 为抗体在网络进化训练中的训练次数变量,给出其预定值 M , 即: $k = M$ 。

Step 2 抗体在网络中每进行一次进化训练,则从 27 组漂移预测样本中独立、随机地抽取 18 组构成抗体本次进化训练的训练样本集 $T^k = \{(X_1, Y_1), (X_2, Y_2), \dots, (X_{18}, Y_{18})\}$; 剩余的构成检验抗体本次进化训练成熟的测试样本集 $C^k = \{(X_1, Y_1), (X_2, Y_2), \dots, (X_9, Y_9)\}$ 。

Step 3 用 T^k 提供的训练样本对抗体进行拟合性进化训练,设本次网络训练第 j 代进化成熟抗体群(复合函数簇)为: $A_j^k(a_j^k(1), \dots, a_j^k(r), \dots, a_j^k(n))$, 其中各进化抗体对 C^k 集的误差定义为:

$$E^k(r) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^9 \left(\frac{P^k(a_j^k(r), X_i) - Y_i}{Y_i} \right)^2} \quad r=1, 2, \dots, n; X_i \in C^k \quad (1)$$

其中: $a_j^k(r)$ 是网络输入抗体, n 是抗体数目; $E^k(r)$ 是 $a_j^k(r)$ 对测试集 C^k 的误差; $P^k(a_j^k(r), X_i)$ 是 C^k 集中任意样本 X_i 本次训练对第 r 个抗体 j 代进化时的预测值; Y_i 是 C^k 集中与 X_i 对应的输出样本。

Step 4 依据本次训练各抗体的 $E^k(r)$, 评价、选择并更新抗体群: 将 $E^k(r), r=1, 2, \dots, n$ 的值从小到大排列, 对排名靠后的若干候选抗体进行克隆死亡操作, 即从保留种群单元中随机抽取等量抗体替代, 生成 $j+1$ 代进化抗体群。

Step 5 当 $k = M$ 时, 停止训练, 将 $\min(E^k(r)), r=1, 2, \dots, n$ 对应的 $a_j^k(r)$ 作为最优抗体 a_0 输出; 否则, 令 $k = k+1$, 转到 Step2 顺序执行, 开始新一次训练。

3 自适应混沌克隆网络

3.1 自适应混沌克隆网络拓扑结构

自适应混沌克隆网络拓扑结构如图 1 所示, 该网络有三层, 即输入层、中间层和输出层。在输入层和中间层, 网络的不同节点功能体现了不同抗体的进化行为; 在输出层唯一节点将进化训练的成熟抗体群汇集, 按 C^k 误差选择并输出最优抗体。

输入层及其节点的功能是接纳待进化抗体、 T^k 样本输入。 $A_j^k(a_j^k(1), \dots, a_j^k(r), \dots, a_j^k(n))$ 是参与网络第 k 次进化训练的第 j 代抗体群, $a_j^k(r)$ 是其中第 r 个抗体; 输入网络的抗体群来源主要有: 当 $k=1, j=1$ 时,

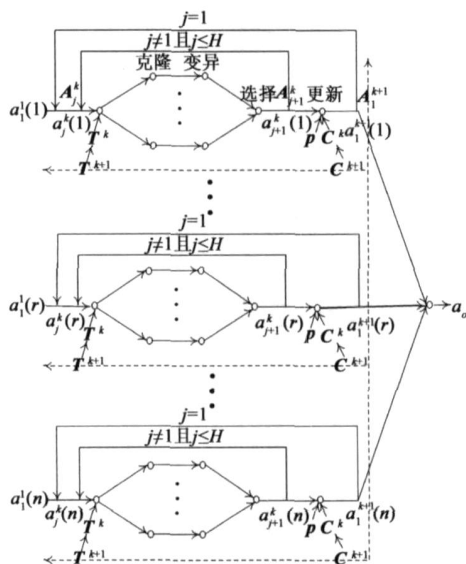


图1 自适应混沌克隆网络拓扑结构示意图

A_j^k 是按 3.2.1 产生的初始抗体群 (待优化复合函数簇); 当 $k=1, j=1$ 时, A_j^k 是经过 Bootstrap C^k 评价、选择而更新的抗体群; 当 $k=M, j < H$ (H 是抗体群进化成熟的代数) 时, A_j^k 是在网络第 k 次训练中第 $j-1$ 代进化的抗体群。训练集 T^k 在每次训练开始时由 Bootstrap 重采样 T^{k+1} 定时更新, 抗体群更新也同时进行。

中间层及其节点对应逐个抗体的并行进化; 每个节点表示一种进化操作, 如克隆操作、变异操作、克隆选择和抗体群更新^[9~12]。不同抗体克隆操作的节点数目因其克隆规模而异; 中间层有两处分支, 第一个分支的判别依据是亲合度成熟判别条件; 第二个分支的判别依据是训练次数预定值。

输出层及其节点的功能描述为: 当训练次数达到预定值时, 末次训练代表了历次训练的成果, 从进化成熟的 A_j^k 中挑选最优抗体 a_0 输出。

3.2 自适应混沌克隆网络工作原理

3.2.1 构造初始抗体与输入层抗体群

构造初始抗体即生成复合函数表达式, 也即产生候选预测模型。选用定义域、值域相容的常用基本初等函数构造复合函数, 以满足递归调用性。给这些基本初等函数算子均等地分配不同的概率区间, 并用数值编码记忆函数算子类型, 按均匀分布独立地产生 0~1 之间若干随机数, 依据其落入的概率区间选择相应的基本初等函数算子, 进而构成复合函数算子; 将参与复合的基本初等函数算子的数值编码组合, 记录相应维变量的复合函数类型; 对于一同随机产生的指数、底数、系数等建立参数库记忆, 运算关系符用符号库记忆; 最终按数学表达式的形式, 将随机产生的复合函数算子、不同维自变量、运算关系符和参数信息用字符串链接

技术生成复合函数表达式, 并构造抗体有效性准则加以检验。这种抗体以复合函数算子、不同维自变量、运算关系符和参数为免疫基因, 为进化训练提供了字符串操作的基础; 并且复合函数的组合编码也有利于基因识别、进化操作与抗体存储优化。

输入层初始抗体群是用构造复合函数表达式的方式生成若干抗体后形成的。由于抗体免疫基因组合的不确定性, 使各抗体具有随机性和非重复性特点。在首次训练首代进化前, 从初始抗体群中抽取 n 个抗体构成记忆单元 R ; 其余构成保留种群单元 P ; 记忆单元的抗体参与网络进化操作, 并作为候选模型的主体; 保留种群单元也同时进化、更新, 并为记忆单元提供优势抗体储备。

3.2.2 中间层的进化

中间层进化操作的步骤与原理如下:

(1) 克隆操作: 根据免疫学原理, 克隆操作是抗原刺激的结果, 克隆增殖操作后将形成一个具有相同抗体特异性亚群体。将 R 中抗体群 $A_j^k(a_j^k(1), \dots, a_j^k(r), \dots, a_j^k(n))$ 进行克隆操作, 针对这种复合函数表达式抗体, 构造自适应动态克隆规模函数 $Q_j^k(r)$:

$$Q_j^k(r) = \begin{cases} 5 & , M \cdot \frac{k}{j} (a_j^k(r)) < \frac{1}{6} \\ \text{Ceil} [D \cdot M \cdot \frac{k}{j} (a_j^k(r))] & , M \cdot \frac{k}{j} (a_j^k(r)) \geq \frac{1}{6} \end{cases} \quad (2)$$

式(2)中: $M = \frac{f(a_j^k(r))}{f(a_j^k(r))}$, 克隆规模系数 D 视具体问题

的进化效果取值, 漂移预测建模时取为: $D=30$ 。 $f(a_j^k(r))$ 表示 A_j^k 中第 r 个抗体的抗体—抗原亲合度, $0 < f(a_j^k(r)) < 1$ 。其形式为:

$$f(a_j^k(r)) = \frac{1}{1 + e_j^k(a_j^k(r))} = \frac{1}{1 + \sqrt[18]{\frac{1}{18} \sum_{i=1}^{18} \left(\frac{p_j^k(a_j^k(r), X_i) - Y_i}{Y_i} \right)^2}}; \quad (3)$$

其中: $e_j^k(a_j^k(r))$ 是 $a_j^k(r)$ 对训练集 T^k 误差; $p_j^k(a_j^k(r), X_i)$ 是 $a_j^k(r)$ 对训练集样本 X_i 的预测值。 $(a_j^k(r))$ 表示 A_j^k 中第 r 个抗体的抗体—抗原亲合度, 设计为:

$$(a_j^k(r)) = \frac{\frac{1}{n} \sum_{d=1}^n k_j(a_j^k(r), a_j^k(d))}{\max_{d=1, \dots, n} \{ \frac{1}{n} \sum_{d=1}^n k_j(a_j^k(r), a_j^k(d)) \}} \quad (4)$$

其中: $k_j(a_j^k(r), a_j^k(d))$ 表示 A_j^k 中 $a_j^k(r)$ 和 $a_j^k(d)$ 两抗体的相异得分函数, 其得分规则沿袭文献[6]中抗体相异得分函数的规则, 但在比较相应维变量的复合函数

算子类型时,用该复合函数算子的数值编码操作, $0 < f_j^k(a_j^k(r)) < 1$. 该抗体—抗原亲合度量化了抗体间相异程度的相对水平,有利于抗体多样性的准确定位. 符合免疫学中的抗体的克隆活动通过进化处理不同抗原的抗体,从而增加多样性基因,在自我制约和相互刺激中达到免疫系统平衡.

$Q_j^k(r)$ 中 $\text{Ceil}(\cdot)$ 为向 + 方向的取整函数.

抗体—抗原亲合度、抗体—抗体亲合度函数设计确保了抗体克隆规模在一定范围内自适应动态调节;对不同抗体的进化过程给予相应的支持.

对克隆抗体群仍然采用数值编码记忆复合函数、参数库记忆参数、符号库记忆运算符.

(2) 变异操作: 设克隆抗体群为: $A_j^k(a_j^k(l_1), \dots, a_j^k(l_m), \dots, a_j^k(r_1), \dots, a_j^k(r_t), \dots, a_j^k(n_1), \dots, a_j^k(n_p))$, 其中: $a_j^k(r_1), \dots, a_j^k(r_t)$ 表示由 $a_j^k(r)$ 克隆且规模为 t 的克隆抗体; m, p, \dots 等为各抗体的不同克隆规模.

免疫学认为克隆增殖后的抗体细胞会有基因突变,这是抗原识别与抗体成熟的重要步骤. 采用概率 1 且以基因为操作单位对克隆抗体群变异. 用随机抽取克隆抗体中基因部位和基因类型方式,对复合函数算子、各维自变量、运算关系符、参数项的可操作位置和类型实施交换、替换、变更、增加和删除等字符串操作,最终重组新基因并链接成变异抗体群: $A_{k_j}(a_j^k(l_1), \dots, a_j^k(l_m), \dots, a_j^k(r_1), \dots, a_j^k(r_t), \dots, a_j^k(n_1), \dots, a_j^k(n_p))$, 变异后抗体与克隆抗体一一对应.

对变异抗体群记忆信息更新.

(3) 克隆选择: 克隆选择依据免疫应答原理,即成熟免疫细胞的多样性足以识别并清除入侵的抗原. 其操作是从克隆增殖、变异抗体群中选择优势抗体,形成新一代抗体的过程,故为克隆增殖操作的逆过程. 分别将 $A_j^k, A_{k_j}^k$ 中的对应抗体编成一组,这样共形成 r 组,即: $(a_j^k(l), a_j^k(l_1), \dots, a_j^k(l_m)), \dots, (a_j^k(r), a_j^k(r_1), \dots, a_j^k(r_t)), \dots, (a_j^k(r), a_j^k(n_1), \dots, a_j^k(n_p)), \dots$, 抗体数量为 $G(n + m + \dots + t + \dots + p)$, 从各组依式(5)克隆选择概率选择一个优势抗体构成 $j+1$ 代抗体群 $A_{j+1}^k(a_{j+1}^k(l), a_{j+1}^k(r), \dots, a_{j+1}^k(n))$. 克隆选择概率的设计考虑了抗体—抗原亲合度对进化成熟的影响、不同抗体继续进化的机会等因素. 以候选抗体 $a_j^k(r)$ 为例,其克隆选择概率 $p(a_j^k(r))$ 定义为:

$$p(a_j^k(r)) = e^{-\frac{z_l}{f_j^k(a_j^k(r))}}, l = 1 \sim G \quad (5)$$

上式中的 z_l 是按式(5) Logistic 映射产生的典型混沌序列 $z_1, \dots, z_l, \dots, z_G$ 中第 l 个,该混沌序列对应于第 k 次训练第 j 代进化的 G 个候选抗体.

Logistic 映射产生的混沌序列表示为:

$$z_{t+1} = \mu z_t(1 - z_t), t = 0, 1, \dots, G \quad (6)$$

式(6)中,混沌因子取 $\mu = 3.8$, 初始值 $z_0, z_0 \in [0, 1]$, 混沌序列如图 2 左所示,混沌的遍历性、随机性和规律性为不同抗体提供了进化机会. 式(5)中的取值结合指数函数动态范围分布及各代进化的经验知识设计,定为: $\mu = 8$; 混沌序列经指数函数映射后如图 2 右所示.

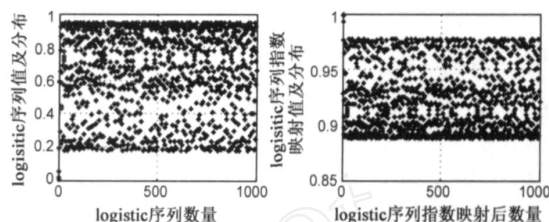


图2 Logistic混沌序列及其指数映射

抗体—抗原亲合度融入混沌—指数型微调后,该克隆选择概率中既有反映成熟进化主导作用的成分,也有反映多样性的随机调节特征,有利于抑制局部极值,增强抗体群寻优能力.

用 $j+1$ 代抗体群记忆信息更新 j 代抗体群记忆信息.

(4) 亲合度成熟判别: $j+1$ 代抗体将通过亲合度成熟判别标准来判别该代抗体进化是否成熟;如果成熟,结束本次训练,抗体群更新并进入基于 Bootstrap 抽样的下次训练;否则,将 $j+1$ 代抗体作为网络输入的抗体群,继续进化直至成熟. 该亲合度成熟判别标准设计为连续 5 代 $\text{Ratio}_j^k < \epsilon$ (ϵ 为一给定的数值近于零的小数)时,停止进化. Ratio_j^k 如式(3.6)定义:

$$\text{Ratio}_j^k = \frac{\bar{f}(A_j^k)}{f_{\max}(A_j^k)} \quad (7)$$

式(7)中 $f_{\max}(A_j^k)$ 是本次训练本代抗体群中抗体—抗原亲合度的最大值, $\bar{f}(A_j^k)$ 是本次训练本代抗体群抗体—抗原亲合度均值.

(5) 抗体群更新及分支: 抗体群更新是 Bootstrap 原理与抗体群自适应进化相结合的产物. 其免疫学原理可以理解为对某种决定族抗原亲合成熟的抗体遇到同源变异抗原后,一些抗体可以发生特异反应,从而诱发重复免疫;而另一些抗体由于对同源变异抗原具有较低的亲合度致使细胞在增殖、分化过程中死亡. 该操作对 Bootstrap 子样 T^k 集训练的第 j 代成熟抗体群进行 C^k 集检验性克隆死亡操作. 该节点操作既属于功能进化部分,也是网络训练步骤之一. 更新策略如 2.2 Step4 所述.

抗体群更新后的分支判别也具有 Bootstrap 训练步骤和网络构成双重属性;即未达到训练预定值时,进行 Bootstrap 重采样,形成下次训练需要的 $A_1^{k+1}, T^{k+1}, C^{k+1}$ 输入;达到训练预定值时,将更新抗体群至输出层节

点.

3.2.3 输出层选择

输出层是网络构成的必备单元;其节点的选择功能见 2.2 Step5;经上述训练、进化的最优成熟抗体具有对同源变异抗原的自适应性,因而预测模型泛化能力较强.

3.2.4 保留种群单元的进化、更新

保留种群单元的进化、更新应配合记忆单元进化训练的需要和实际问题的特点来设计,既要考虑保持种群多样性以避免陷入局部极值的风险;又要兼顾提供优势抗体储备以提高记忆单元网络训练的效率.

4 陀螺漂移预测建模实验

建立反映陀螺漂移规律的预测模型主要有三个关键环节:第一,随机产生复合函数抗体群,在自适应混沌克隆网络中进化;第二,自适应混沌克隆网络对复合函数抗体提供进化模式和进化操作;第三,基于 Bootstrap 原理训练自适应混沌克隆网络,干预预测模型的评价、选择.三个环节中第一个环节是建模的基础;第二个环节是模型进化的关键;第三个环节是统计意义下的模型寻优;首个环节操作相对独立;第二和第三个环节操作交叉进行.

建模实验中,先对时间序列实测样本进行调理,以满足复合关系中值域与定义域间的相容性,复合函数得以递归调用;调理后的数据用于抗体进化建模;预测输出需反调理变换.得到漂移预测模型如式(8)所示,采用相同实验框架,分别得到最小二乘 AR、RBF 神经网络、标准 SVM(RBF 核)、参数优化的 LSSVM(Littlewood-Paley 小波核)、文献[6]中方法所建立的漂移预测模型,上述预测模型误差如表 1 所示,其训练和测试结果如图 3 所示.

$$\begin{aligned} &0.09 \operatorname{Ctg} x_2^{3.666} + \operatorname{Sin}(\operatorname{Sin} x_6^{1.64} \times \operatorname{Sin}(e_3^{2.9889})) \\ &- (e^{x_5})^{0.0799986} + \operatorname{Sin}(x_4^{4.0261}) \times \operatorname{Sin}(e_1^{0.289}) + 1.3 \end{aligned} \quad (8)$$

表 1 陀螺漂移预测模型误差

模 型	训练集误差	测试集误差
Bootstrap—自适应混沌克隆网络模型	0.00265056886150	0.00282857754911
最小二乘 AR 模型	0.00078681981906	0.00439735821649
RBF 神经网络	0.00030850904851	0.00347623946164
标准 SVM(RBF 核)	0.00046588490177	0.00356080664816
参数优化的 LSSVM(Littlewood-Paley 小波核)	0.00055465504720	0.00289252014640
文献[6]中的方法	0.00099900841366	0.00393356673304

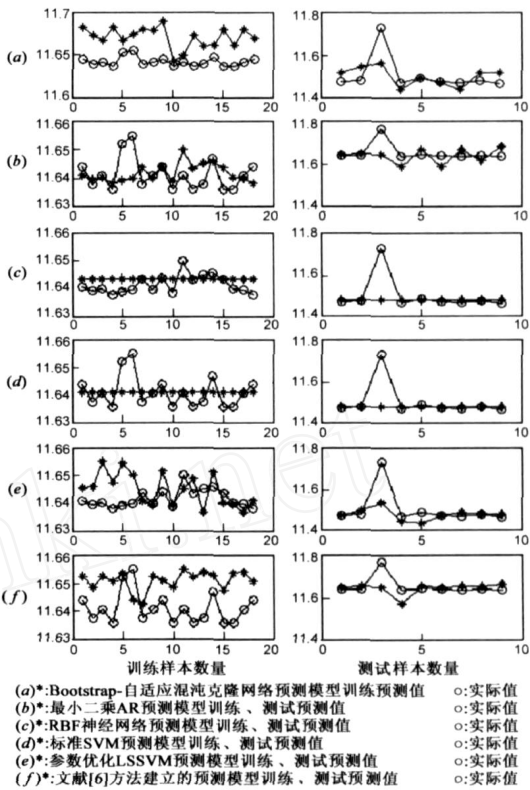


图3 陀螺漂移预测模型训练、测试结果

5 结论

(1) 运用字符串技术生成复合函数抗体,设计组合编码方式记录抗体基因信息;从而实现了抗体免疫进化和对抗体基因的识别、进化操作、存储优化;复合函数抗体较文献[6]中的初等函数抗体所张成的函数子空间更复杂;其泛函逼近强非线性函数的能力更强.

(2) 基于 Bootstrap 方法,设计了小子样下自适应混沌克隆网络的训练策略,干预最优抗体的评价与选择,以获得统计意义下抗体进化的最优估计.

(3) 依据免疫学原理,构造了自适应混沌克隆网络一系列操作算子,以进化复合函数抗体的结构和参数.动态克隆规模函数使不同抗体的克隆规模得以适度自适应动态调节;抗体—抗体亲合度则将不同抗体与抗体群相异程度的相对水平准确定位;克隆选择概率在抗体—抗原亲合度中融入混沌—指数式微调,给予优势、弱势抗体继续进化的机会;比例式亲合度成熟判别度量出优势抗体与抗体群的相对进化程度,有利于抑制优势抗体的“过拟合”和监督抗体群的协同进化.

(4) 陀螺漂移预测建模实验表明:Bootstrap—自适应混沌克隆网络较其它几种典型时间序列预测方法建立的陀螺漂移预测模型测试精度具有优势,但训练精度不高,其训练和测试精度相差无几;说明小样本下该预

测模型反映非线性时间序列变化规律的自适应性较强.其建模的灵活性和预测模型精度适于工程应用.

参考文献:

- [1] ZHANG G P, KLINE D M. Quarterly time-series forecasting with neural net works [J]. IEEE Transactions on Neural Networks, 2007, 18(6): 1800 - 1814.
- [2] SHIAN-CHANG HUANG, TUNG-KUANG WU. A hybrid unscented kalman filter and support vector machine model in option price forecasting [J]. Lecture Notes in Computer Science, 2006, (4221): 303 - 312.
- [3] KIN KEUNG LAI, LEAN YU, SHOUYUANG WANG, HUANG WEI. A novel nonlinear network ensemble model for financial time series forecasting [J]. Lecture Notes in Computer Science, 2006, (3991): 790 - 793.
- [4] SHILIANG SUN, CHANGSHUI ZHANG. The selective random subspace predictor for traffic flow forecasting [J]. IEEE Transactions on Intelligent Transportation System, 2007, 8(2): 367 - 373.
- [5] 潘正军, 康立山, 陈毓屏. 演化计算 [M]. 北京: 清华大学出版社, 1998. 111 - 123.
PAN ZHANGJUN, KANG LISHAN, CHEN YIPING. Evolutionary computation [M]. Beijing: Tsinghua Press, 1998. 111 - 123. (in Chinese)
- [6] 张伟, 胡昌华, 焦李成, 尚荣华. 基于字符串编码克隆选择的建模算法及可靠性预测 [J]. 自动化学报, 2008, 34(1): 105 - 108.
ZHANG WEI, HU CHANGHUA, JIAO LICHENG, SHANG RONGHUA. Modeling algorithm based on string-coding clone selection and reliability forecasting [J]. Acta Automatic Sinica, 2008, 34(1): 105 - 108. (in Chinese)
- [7] ZHOU N, PIERRE J W, TRUDNOWSKI D. A bootstrap method for statistical power system mode estimation and probing signal selection [A]. Proceeding of IEEE PES Power Systems Conference and Exposition [C]. Atlanta: Power and Energy Magazine, IEEE, 2006. 172 - 178.
- [8] LAHIRI S N. On the Jackknife-Bootstrap method for dependent data and its consistency properties [J]. Econometric Theory, 2002, (18): 79 - 98.
- [9] DU H F, GONG M G, JIAO L C. A novel artificial immune system algorithm for high-dimensional function numerical optimization [J]. Progress in Natural Science, Taylor & Francis Ltd Press, 2005, 15(5): 463 - 471.
- [10] 公茂果, 杜海峰, 焦李成. 基于人工响应的线性系统逼近 [J]. 中国科学 E 辑信息科学, 2005, 35(12): 1288 - 1303.
GONG MAO GUO, DU HAIFENG, JIAO LICHENG. Approximation of linear systems based on artificial immunity response [J]. Science in China Ser. E Information Sciences, 2005, 35(12): 1288 - 1303. (in Chinese)
- [11] KIM J, BENTLEY P J. Towards an artificial immune system for network intrusion detection: an investigation of dynamic clonal selection [A]. Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation [C]. Honolulu, Hawaii: IEEE Press, 2002. 1015 - 1020.
- [12] JOHN C, GALLAGHER, SARANYAN VIGRAHAM, GREGORY KRAMER. A family of compact genetic algorithm for intrinsic evolvable hardware [J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2004, 8(2): 111 - 126.

作者简介:



张 伟 女, 1966 年生于西安市, 西安电子科技大学博士, 第二炮兵工程学院副教授, 研究领域为人工智能、故障诊断。
E-mail: Zhang1966wei @163.com



胡昌华 男, 1966 年生于湖北省、罗田县, 第二炮兵工程学院教授, 博士生导师, 研究领域为故障诊断、可靠性工程。
E-mail: hch6603 @263.net



焦李成 男, 1959 年生于陕西省、白水县, 西安电子科技大学教授, 博士生导师, 研究领域为进化计算、智能信息处理。
E-mail: lchjiao @mail.xidian.edu.cn