

文章编号: 1000-8152(2004)06-0890-05

人工免疫系统在复杂系统免疫辨识中的应用

徐雪松¹, 诸 静²

(1. 华东交通大学 电气与工程学院, 江西 南昌 330013; 2. 浙江大学 电气工程学院, 浙江 杭州 310027)

摘要: 在复杂系统免疫辨识中, 采用遗传算法在线搜索合适的构件, 组合实时可变模型用于补偿系统的扰动偏差, 当构件种类较多, 构件数目较大时, 可变模型的搜索空间维数较高, 搜索时间较长. 缩短搜索时间的有效方法之一是降低搜索空间的维数. 免疫系统利用抗体识别球, 在近似抗体的基础上寻找匹配抗体, 可以获得较多的有用基因, 有效降低抗体搜索空间的维数, 从而获得较快的抗体搜索速度. 根据这一原理, 提出一种基于人工免疫系统的降维方法, 通过抗体识别球网络的构造和训练, 对可变模型构件组合的特征加以概括和记忆, 用以指导产生高效的遗传初始种群. 仿真结果表明该方法能有效加快可变模型的搜索速度.

关键词: 人工免疫系统; 免疫神经网络辨识; 复杂不确定系统

中图分类号: TP273 **文献标识码:** A

Application of artificial immune system in immunised neural network identification of complex system

XU Xue-song¹, ZHU Jing²

(1. Electrical and Electronic Engineering School, East China Jiaotong University, Nanchang Jiangxi 330013, China;

2. College of Electric Engineering, Zhejiang University, Hangzhou Zhejiang 310027, China)

Abstract: In the immunized neural network identification (INNI), the changeable neuro-system model (CNS), which is used to compensate the disturbance of system, is established by choosing building blocks chosen with the genetic algorithm (GA). When the number and category of the building blocks are great, the search space dimension of CNS is very high, and its search time is long. One of effective approaches to shorten search time is to reduce the dimension of search space. In immune system, the antibodies against certain antigens is searched under the ground of antibody recognition ball (RB). Because RB offers approximate antibodies at the beginning of antibody searching process, many useful genes neednot search. In this way the search space dimension of antibody is reduced drastically, and the search speed of antibody is very fast. With regard to this mechanism, an approach of reducing search space dimension is proposed based on artificial immune system(AIS): A kind of new AIS—antibody recognition ball network (ARBN) is constructed, and its training algorithm is presented. The ARBN is used to generalize, memorize the characteristics of building block combinations and create the effective initial group of GA. Simulation results show that with this approach the searching speed of CNS can be quickened effectively.

Key words: artificial immune system; immunized neural network identification; complex uncertainty system

1 引言 (Introduction)

生物免疫系统是一种鲁棒性很强的自适应系统^[1,2]. 近年来, 各种模仿生物免疫机制的人工免疫系统(AIS)在自适应控制中的应用逐渐引起人们关注^[3]. 文献[4]模拟抗体二官性, 提出一种复杂不确定系统的免疫神经网络自适应辨识及其控制方法(INNI), 具有较强的鲁棒性. 文中的神经网络扰动补偿模型通过在线遗传搜索获得, 由于一般神经网络的搜索通过在线遗传搜索空间维数较高, 因而搜索

速度较慢. 免疫系统利用抗体识别球适当降低搜索空间维数, 能够实现各种未知抗原的快速识别. 本文借鉴这种辨识机制对 INNI 进行改进, 通过一种新的人工免疫系统——人工识别球网络(ARBN)的构造和训练, 对典型的可变模型构件组合进行分类概括, 形成知识库, 用以产生高效的初始种群. 仿真结果表明, 该方法能够有效缩小可变模型的搜索空间, 加快 INNI 的辨识速度.

2 免疫系统中抗原的识别 (Antigen identification mechanism of immune system)

免疫系统的抗原识别机制可用形态空间理论进行阐述^[5](见图 1)。

图 1 方框表示抗原形态空间,黑点为抗体.识别的任务是寻找与抗原高度匹配的抗体.当抗原侵入免疫系统时,如果其形态处于某个抗体识别范围(识别球 RB)之内,就能被该抗体绑定而引发免疫反应.首先,与抗体对应的 B 细胞接受刺激进行细胞克隆,在克隆时发生高概率的基因变异,生成新抗体种类.然后,部分匹配程度(亲合度)更高的抗体绑定抗原后引起更强的反应,经过不断循环,筛选出匹配抗体.可见,当免疫系统的抗体识别球网络(RBN)能够覆盖抗原形态空间,那么利用有限抗体,通过不精确匹配和克隆选择可以精确识别任意抗原.

抗原识别实际上是多模型优化问题,各种匹配抗体是各种抗原的最优解.免疫系统采用的是先验知识加实时搜索的辨识方式.RBN 实际上是免疫系统的抗原知识库,由于通常亲合度越高的抗体之间结构越近似,因此在近似抗体的基础上寻找匹配抗体有利于获得更多相似基因以降低搜索空间的维数,从而获得较快的优化速度.

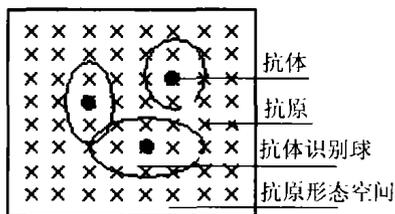


图 1 形态空间意识
Fig. 1 Shape-space sketch

3 ARBN 在复杂不确定系统免疫神经网络辨识中的应用 (Application of ARBN in INNI of complex uncertainty systems)

3.1 免疫神经网络辨识 (INNI) 简介 (Introduction about INNI)

INNI 结构见图 2。

系统模型包括可变神经网络模型(CNS)和不变神经网络模型(BNS). BNS 固定,描述系统平均动态;CNS 在线适应,补偿 BNS 输出误差.CNS 采用积木结构,利用遗传算法搜索合适构件组合而成.可变模型构件包括神经网络的各种节点连接及节点阈值.构件库通过对各种扰动下系统的 CNS 模型进行分析统计获得。

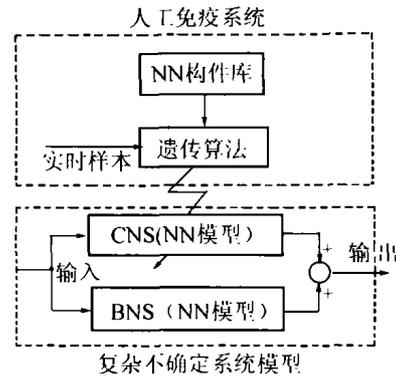


图 2 INNI 结构
Fig. 2 Structure of INNI

3.2 ARBN 在免疫神经网络辨识中的应用 (Application of ARBN in INNI)

借鉴抗原识别机制,构造人工识别球网络 (ARBN)作为 CNS 知识库.根据和记忆 CNS 在不确定空间的分布和特征,指导 CNS 的在线遗传搜索.下文给出了 ARBN 的训练和应用方法。

3.2.1 ARBN 的定义 (Definition of ARBN)

对于复杂不确定系统

$y(k+1) = f(y(k), \dots, y(k-l), r, \lambda)$, $\lambda \in \Omega$, y 是系统输出, r 是输入, λ 为扰动模式, Ω 是系统不确定空间. 设 λ_j 下, k 时刻 BNS 模型的输出 $O_j^b(k)$ 的误差为 $e_j(k) = y_j(k) - O_j^b(k)$; CNS 构件组合模型 m_i 的输出为 $O_j^{m_i}(k)$; 定义抗原为 $g_j = \lambda_j \in \Omega$; 抗体为 $a_i = [m_i, \lambda_i]$; 选择 a_i 与 g_j 的亲合度

$$f(m_i, \lambda_j) = \frac{1}{\sum_k |O_j^{m_i}(k) - e_j(k)| + \epsilon}, \quad (1)$$

常数 $\epsilon > 0$, 用于防止除零. 则

$$\text{ARBN} = \begin{bmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} m_1, \lambda_1 \\ \vdots \\ m_N, \lambda_N \end{bmatrix},$$

满足:

1) 对于任一定义在 Ω 上的抗原 λ_j , 均可从 ARBN 中找到一个抗体的对位 m_i , 使得

$$f(m_i, \lambda_j) \geq \delta \times \max(f(m, \lambda_j));$$

2) ARBN 中任意阶数小于 N 的抗体子集均不满足条件 1.

其中, 常数 $0 < \delta < 1$, 用以确定识别球的识别范围. M 为 CNS 构件的组合空间, $m \in M$.

3.2.2 ARBN 的训练 (Taning of ARBN)

1) 抗体编码.

设 CNS 有 q 个构件类, 第 i 类中有构件 n_i 个, 用 s^i 表示第 i 类中第 s 个构件, s^i 不超过 n_i . 则抗体编码

为 $a = [m, \lambda] = [s^1 s^2 \dots s^q, \lambda]$. 码串前 q 位是抗体对位, 代表一种构件组合形式. 后面是表位, 表征对位适合的扰动模式.

2) 网络初始化.

设定初始抗体总数 $N = 1$. 随机产生抗体: $\hat{a} = [\hat{m}, \hat{\lambda}]$, 对它进行进化. 初始种群为

$$g_1 = \begin{bmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_k \end{bmatrix} = [H(\hat{m}), \hat{\lambda}] = \begin{bmatrix} h_1(\hat{m}), \hat{\lambda} \\ \vdots \\ i_L(\hat{m}), \hat{\lambda} \end{bmatrix}.$$

$H(\cdot)$ 表示变异概率较高的克隆运算符集, $h_i(\cdot)$ 表示其中第 i 次运算, L 为种群数.

进化算子包含复制、交叉、变异. 抗体 a_i 的适应度为 $fit(a_i) = f(m_i, \lambda_i)$, a_i 的复制概率为

$$P(a_i) = \frac{f(m_i, \lambda_i)}{\sum_{i=1}^L f(m_i, \lambda_i)}.$$

经过进化, 选择种群中适应值最大的个体的过程用算子 $G(\cdot)$ 表示, 则初始抗体表示为

$$a = [m, \lambda] = [G(H(\hat{m})), \hat{\lambda}]. \quad (2)$$

初始网络为 ARBN = $[a] = [m, \lambda]$.

3) 网络训练过程.

每训练周期包含抗原刺激和网络调整两步.

第一步 随机选择抗原刺激 ARBN.

随机选择抗原: $g = \lambda_{N+1} \in \Omega$, N 为当前网络的抗体总数. 构造抗体: $\hat{a} = [m_i, \lambda_{N+1}]$, 其中 $f(m_i, \lambda_{N+1}) = \max [f(m_k, \lambda_{N+1})]$, $k = (1, 2, \dots, N)$.

根据式(2), 对 \hat{a} 加以进化后加入当前网络 $a_{N+1} = [m_{N+1}, \lambda_{N+1}] = [G(H(m_i)), \lambda_{N+1}]$.

增加新抗体后的 ARBN 为

$$ARBN = \begin{bmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_{N+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} m_1, \lambda_1 \\ \vdots \\ m_{N+1}, \lambda_{N+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} s_1^1 & \dots & s_1^q & \lambda_1 \\ \vdots & & \vdots & \vdots \\ s_{N+1}^1 & \dots & s_{N+1}^q & \lambda_{N+1} \end{bmatrix}.$$

第二步 进行网络调整.

计算网络亲合度矩阵 B :

$$B = \begin{bmatrix} f(m_1, \lambda_1) & \dots & f(m_{N+1}, \lambda_1) \\ \vdots & & \vdots \\ f(m_1, \lambda_{N+1}) & \dots & f(m_{N+1}, \lambda_{N+1}) \end{bmatrix}$$

$f(m_i, \lambda_j)$ 表示 a_i 的 m_i 与 a_j 的 λ_j 的亲合度.

网络调整的目的在于消除冗余抗体. 原则是: 保

护 m_i 既能很好地识别 λ_i , 又能尽可能地识别 λ_j , 而 λ_i 又不易被 m_j 识别的抗体; 淘汰 λ_i 易被 m_j 识别的抗体.

引入冗余指数 d 作为判断抗体是否冗余的标准. 所谓网络调整, 就是计算 ARBN 中各抗体的冗余指数, 并据此删除冗余抗体, 简化网络结构.

d 的计算方法如下:

$$\text{定义函数 } G_1(x, \delta) = \begin{cases} 0, & x < \delta, \\ x, & x \geq \delta, \end{cases} \text{ 得}$$

$$C = G_1(B \times \text{diag}^{-1}(B), \delta). \quad (3)$$

$\text{diag}^{-1}(B)$ 表示由矩阵 B 的对角元素构成的对角阵的逆, δ 见第 3.2.1 节.

定义函数

$$G_2(U) = \begin{cases} a_{ij} = 1 \text{ 且 } a_{ji} = 0, & a_{ij} > a_{ji}, \\ a_{ij} = 1 \text{ 且 } a_{ji} = 0, & a_{ij} = a_{ji} \neq 0 \text{ 且 } i > j, \\ a_{ij} = 0, & \text{其他.} \end{cases} \quad (4)$$

a_{ij} 是矩阵 U 的第 i 行第 j 列元素, 则

$$D = [d_1, \dots, d_{N+1}] = [1, \dots, 1] \times G_2(C) = [1, \dots, 1] \times G_2 G_1(B \times \text{diag}^{-1}(B), \delta). \quad (5)$$

d_i 为 a_i 的冗余指数, d_i 非零则表示 a_i 冗余.

为避免迭代过程中 D 的重复计算, 导出迭代算法如下:

设 $\tilde{B}(k)$ 是第 k 次调整后剩下部分的网络亲合度矩阵, 阶数为 N . 由于不存在冗余, 故

$$\begin{cases} \tilde{D}(k) = \\ [1, \dots, 1] \times G_2 G_1(\tilde{B}(k) \times \text{diag}^{-1}(\tilde{B}(k)), \delta) = \\ [\tilde{d}_1, \dots, \tilde{d}_N] = [0, \dots, 0]. \end{cases} \quad (6)$$

第 $k + 1$ 次调整前网络亲合度矩阵为

$$B(k + 1) = \begin{bmatrix} \tilde{B}(k) & f(m_1, \lambda_{N+1}) \\ \vdots & \vdots \\ f(m_{N+1}, \lambda_1) & \dots & f(m_{N+1}, \lambda_{N+1}) \end{bmatrix}.$$

结合式(3)得

$$C(k + 1) = G_1 \left(B(k + 1) \times \text{diag}^{-1}(B(k + 1)), \delta \right) = G_1 \left(\begin{bmatrix} \tilde{B}(k) \times \text{diag}^{-1}(\tilde{B}(k)) & \dots & \frac{f(m_1, \lambda_{N+1})}{f(m_{N+1}, \lambda_{N+1})} \\ \vdots & & \vdots \\ \frac{f(m_{N+1}, \lambda_1)}{f(m_1, \lambda_1)} & \dots & 1 \end{bmatrix}, \delta \right). \quad (7)$$

根据式(4) ~ (7), $D(k + 1)$ 为

$$\begin{aligned}
 D(k+1) &= [1, \dots, 1] \times G_2(C(k+1)) = \\
 &= \begin{bmatrix} 1 \\ \vdots \\ 1 \end{bmatrix}^T \times \begin{bmatrix} G_2 G_1(\tilde{B}(k) \times \text{diag}^{-1}(\tilde{B}(k)), \delta) & \dots & G_2 G_1\left(\frac{f(m_1, \lambda_{N+1})}{f(m_{N+1}, \lambda_{N+1})}, \delta\right) \\ \vdots & & \vdots \\ G_2 G_1\left(\frac{f(m_{N+1}, \lambda_1)}{f(m_1, \lambda_1)}, \delta\right) & \dots & 0 \end{bmatrix} = \\
 &= \begin{bmatrix} \tilde{d}_1 + G_2 G_1\left(\frac{f(m_{N+1}, \lambda_1)}{f(m_1, \lambda_1)}, \delta\right) \\ \vdots \\ \tilde{d}_N + G_2 G_1\left(\frac{f(m_{N+1}, \lambda_N)}{f(m_N, \lambda_N)}, \delta\right) \\ \sum_{i=1}^N G_2 G_1\left(\frac{f(m_i, \lambda_{N+1})}{f(m_{N+1}, \lambda_{N+1})}, \delta\right) \end{bmatrix}^T = \begin{bmatrix} G_2 G_1\left(\text{diag}^{-1}(B(k) \times \begin{bmatrix} f(m_{N+1}, \lambda_1) \\ \vdots \\ f(m_{N+1}, \lambda_N) \end{bmatrix}), \delta\right) \\ \sum_{i=1}^N G_2 G_1\left(\frac{f(m_i, \lambda_{N+1})}{f(m_{N+1}, \lambda_{N+1})}, \delta\right) \end{bmatrix}^T. \quad (8)
 \end{aligned}$$

完成网络调整后,返回第一步.

算法结束标准是网络基本稳定,或 N 超过上限. N 超过上限意味着 δ 设置过高,导致网络规模过大,应适当降低 δ 重新学习.

3.2.3 ARBN 的在线应用 (On-line application of ARBN)

ARBN 作为复杂不确定系统的典型 CNS 集,与实际 CNS 模型有较高的亲合性,因此 GA 的初始种群用 ARBN 中的抗体为模板生成,可以获得较多的有效基因及其亚组合方式,降低搜索空间维数.初始种群生成方式如下:

先构造实时抗原 g , 刺激 ARBN,并根据式(1),计算 ARBN 与抗原的亲合度 $E = [f(m_1, g), f(m_2, g), \dots, f(m_N, g)]$. $f(m_i, g)$ 表示 ARBN 中抗体 a_i 与 g 的亲合度.实时抗原为以当前时刻为基准,实际系统和 BNS 最近的一组输入输出的采样序列,用来描述系统当前时刻的扰动模式,并作为用于可变模型学习的输入输出样本.

设

$$\begin{aligned}
 f(m_i, g) &= \max(f(m_j, g)), \\
 i &\in [1, 2, \dots, N], j = [1, 2, \dots, N],
 \end{aligned}$$

则按一定数量通过高度变异克隆 m_i , 获得遗传初始种群.初始种群为

$$\text{group} = H(m_i) = \begin{bmatrix} h_1(m_i) \\ \vdots \\ h_L(m_i) \end{bmatrix}.$$

$H(\cdot)$ 和 $h(\cdot)$ 见第 3.2 节, L 为种群数.

在线辨识结构见图 3.

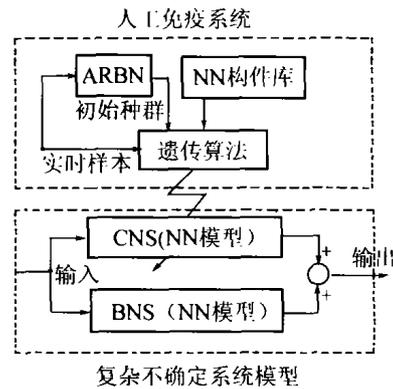


图3 基于 ARBN 的 INNI 辨识结构
Fig. 3 Structure of INNI based on ARBN

4 仿真算例 (Simulation example)

选择复杂不确定对象

$$\begin{aligned}
 y(k+1) &= \\
 &= \frac{(y(k) + \lambda_1)(y(k-1) + \lambda_2)r(k-1) + r(k)}{1 + y^2(k) + y^2(k-1)}.
 \end{aligned}$$

其中 $\lambda_1, \lambda_2 \in [-0.5, -0.4, \dots, 0.4, 0.5]$.

BNS 和 CNS 采用前馈神经网络. BNS 模型输入为 $y(k), y(k-1), r(k), r(k-1)$, 输出为 $y(k+1)$, 用 BP 算法学习 $\lambda_1 = \lambda_2 = 0$ 的控制对象获得. CNS 节点为: $4 \times 4 \times 3 \times 1$, 输入是 $y(k), y(k-1), r(k), r(k-1)$, 输出为 BNS 的辨识误差. CNS 构件通过对 λ_1, λ_2 为不确定空间中 0.1×0.1 的网格点上系统的 BNS 识别偏差建模后,再对所得模型进行分析统计获得.选择节点连接权值及神经元阈值为构件,有 39 类构件.每类构件作为抗体对位的一个基因, λ_1, λ_2 作为抗体表位基因,抗体长度为 $39 + 2 = 41$.选择 $\delta = 0.06$, 得到 ARBN 的抗体在 $\lambda_1 \times \lambda_2$ 空间的分布(见图 4).

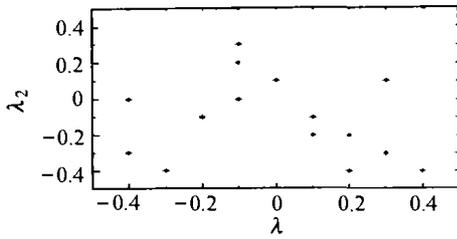


图4 ARBN 抗体分布

Fig. 4 Distribution of antibodies in ARBN

选择 $r(k) = \sin(\pi k/60)$, 实时抗原的样本数为 5, 每 30 个离散点为一时段, 各时段中 λ_1, λ_2 不变, 其值从不确定空间随机抽取. 表 1 和图 5 是 INNI 和改进 INNI 辨识效果比较. 图 5 中 (λ_1, λ_2) 依次为 $(-0.1, 0.3), (-0.3, 0.2), (0.2, 0.1), (0.4, 0.2), (0, 0.3), (0.1, -0.4), (-0.3, 0.1), (-0.1, 0.4)$. INNI 的遗传代数为 300, 改进 INNI 的遗传代数为 200.

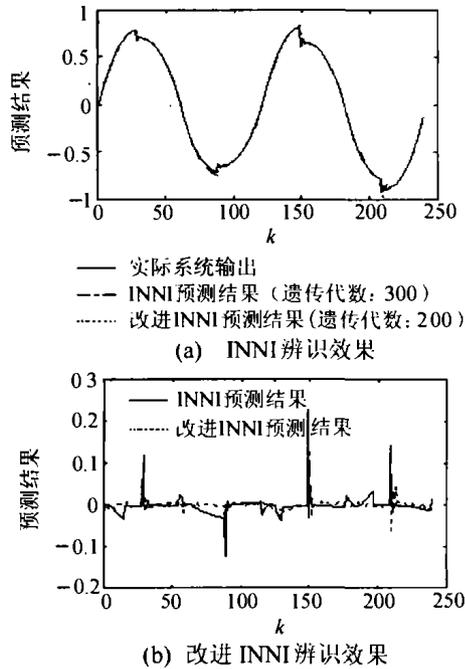


图5 INNI 和改进 INNI 辨识效果比较

Fig. 5 Comparison between INNI and improved INNI

表1 INNI 和改进 INNI 辨识效果比较
Table 1 Identification comparison between INNI and improved INNI

	遗传代数	预测均方误差
INNI	100	0.185
	200	0.0557
	300	0.0232
	400	0.0219
改进 INNI	100	0.0443
	200	0.0216
	300	0.0218
	400	0.0210

从表 1 看, 改进 INNI 经过近 200 代进化基本收敛, 获得了较好的预测结果. INNI 则经过 300 多代进化才能达到相似结果. 由此可见, 在 ARBN 的作用下, INNI 的辨识速度得到了有效的提高.

5 结论 (Conclusion)

高维遗传算法存在搜索空间大, 收敛时间长的缺点. 利用先验知识, 获得最优个体的部分近似基因以降低搜索维数是加快搜索速度的有效办法. 一般同一系统的不确定模型之间常存在较强的相关性, 利用这些相关性可以推知类似模型的部分近似结构. 本文结合免疫神经网络辨识方法的改进, 通过构造人工识别球网络, 提出了一种提取、记忆和利用这种相关性的方法. 仿真结果表明, 该方法在保持较强的全局搜索能力的同时, 能够继承同类模型的共同特性, 有效降低搜索空间维数. 对于模型相关性强、构件组合空间冗余度高的不确定系统, 能够有效提高 INNI 的辨识速度.

参考文献 (References):

- [1] FARMER D J, PACKARD N H. The immune system adaptation and machine learning [J]. *Physica D*, 1986, 21D(2/3): 187 - 204.
- [2] HUNT J E, COOKE D E. Learning using an artificial immune system [J]. *J of Network and Computer Applications*, 1996, 19(4): 189 - 212.
- [3] 韦巍, 张国宏. 人工免疫系统及其在控制系统中的应用 [J]. *控制理论与应用*, 2002, 19(2): 157 - 160.
(WEI Wei, ZHANG Guohong. Artificial immune system and its applications in the control system [J]. *Control Theory & Applications*, 2002, 19(2): 157 - 160.)
- [4] KRISHNAKUMAR K, NEIDHOEFER J. Immunised neurocontrol [J]. *Expert Systems with Applications*, 1997, 13(3): 201 - 214.
- [5] PERELSON A S. Immune network theory [J]. *Immunological Reviews*, 1989, 110(1): 5 - 33.

作者简介:

徐雪松 (1970 —), 男, 2004 年于浙江大学电气工程学院获博士学位, 现为华东交通大学电气与电子工程学院教师, 主要研究方向为进化计算与智能控制, E-mail: cedarxu70@sohu.com;

诸 静 (1938 —), 男, 教授, 博士生导师, 主要研究方向为智能控制、机器人控制.