

基于模糊自适应免疫算法的非线性系统模型参数估计

何 宏¹, 钱 锋²

(1. 上海师范大学 信息与机电工程学院, 上海 201418;

2. 华东理工大学 化学工程联合国家重点实验室, 上海 200237)

摘要: 复杂生产工艺中非线性系统的模型参数估计是系统建模优化问题中的难点, 为避免优化算法过早收敛于错误的参数估计值, 根据生物免疫机理和模糊逻辑原理提出了一种新颖的模糊自适应免疫算法, 该算法采用混沌超变异操作增强算法搜索能力, 并用免疫网络调节策略保持抗体群的多样性, 同时采用模糊逻辑调节算法参数以提高算法的自适应能力. 函数优化仿真结果表明其具有较好的收敛性能, 并能够克服早收敛问题. 最后将其成功应用于重油热解非线性模型参数估计中, 验证了该算法解决实际建模问题的可行性和有效性.

关键词: 免疫网络; 克隆选择; 模糊逻辑; 非线性模型; 参数估计

中图分类号: TP273

文献标识码: A

Parameter estimation of nonlinear system model based on fuzzy adaptive immune algorithm

HE Hong¹, QIAN Feng²

(1. College of Information, Mechanical and Electronic Engineering, Shanghai Normal University, Shanghai 201418, China;

2. State-Key Laboratory of Chemical Engineering, East China University of Science and Technology, Shanghai 200237, China)

Abstract: Parameter estimation of nonlinear system model in the complex production technology is a difficult optimization problem in system modeling. In order to prevent the optimization algorithm from converging to the inaccurate estimation values, a novel fuzzy adaptive immune algorithm(FAIA) is presented in this paper, based on various immune mechanisms and fuzzy logics. FAIA employs the chaotic hyper-mutation operation to strengthen the searching ability of the algorithm in the solution domain, and adopts a new immune network regulatory strategy to maintain the population diversity. Moreover, two fuzzy logic modules are devised for adjusting algorithm parameters to further increase the adaptability of FAIA. Function optimization results show that FAIA has good convergence performance and can overcome premature convergence problem effectively. Finally, FAIA is successfully applied to the parameter estimation of the heavy oil thermal cracking nonlinear model, which verifies the feasibility and validity of FAIA in practical modeling problems.

Key words: immune network; clonal selection; fuzzy logic; nonlinear model; parameter estimation

1 引言(Introduction)

催化裂化是石油炼制工业中最重要的催化加工过程, 为能够取得更好的效益, 每一套催化裂化装置通常需要进行基于化学反应动力学模型的优化设计. 由于催化裂化过程是一个高度非线性、时变、强耦合、不确定性的复杂反应体系, 动力学参数估计是催化裂化过程建模中的难题^[1]. 而模型参数估计通常可归结为对性能指标函数的优化问题. 对于非线性系统模型的参数估计常见的参数估计方法有最小二乘法 and 极大似然法, 但前者要求非线性模型

的输出以未知参数线性形式表示, 而后者则需要有关输出量条件概率密度函数的先验知识, 构造一个以数据和未知参数为自变量的似然函数, 计算繁琐复杂^[2]. 目前针对复杂的非线性模型参数估计问题还可以采用计算智能优化算法, 如神经网络和遗传算法^[3], 但神经网络最佳结构参数往往难以确定, 而遗传算法则也存在易发生早收敛问题. 近几年免疫算法已经成为计算智能研究的热点^[4~6], 所以本文将生物免疫机理为基础, 并融合模糊逻辑理论, 提出一种模糊自适应免疫算法(fuzzy adaptive immune

收稿日期: 2007-07-11; 收修稿日期: 2008-11-19.

基金项目: 国家杰出青年科学基金资助项目(60625302); 上海市教委科研创新重点资助项目(09ZZ141); 上海师范大学重点学科资助项目(DZL811); 上海师范大学一般科研资助项目(SK200739); 上海师范大学博士科研启动基金资助项目(PL825).

algorithm, FAIA), 将其应用于催化裂化过程中重油热解非线性模型的参数估计中.

2 模糊自适应免疫算法(Fuzzy adaptive immune algorithm)

FAIA主要运用了生物免疫系统中的克隆选择、免疫记忆、免疫网络调节机理. 对于极小化问题 $\min_{x \in S} f(x)$, FAIA将优化目标函数 $f(x)$ 与抗原相对应, 将抗体作为问题的解, 并采用字符长度为 L 的实数编码, 评价抗体是否优秀的标准是抗体对抗原的识别程度, 即其与抗原的亲和度. 算法操作设计特点是基于克隆选择原理和混沌理论建立抗体超变异操作, 增强算法的搜索能力, 并根据免疫网络机理设计抗体群多样性保持策略, 同时采用模糊逻辑调节算法参数, 提高算法的自适应能力.

2.1 模糊混沌超变异(Fuzzy chaotic hypermutation)

根据克隆选择原理de Castro^[7]提出了克隆选择算法CLONALG, 这种方法的超变异率没有考虑到算法的收敛情况, 容易陷入局部最优^[8~10]. 针对这一问题, FAIA将混沌序列引入克隆选择原理, 以增强算法的搜索能力.

设Logistic混沌序列为

$$t_{k+1} = \mu t_k(1 - t_k), \quad k = 1, 2, \dots, \quad (1)$$

其中 $t_k \in [0, 1]$, 当 $\mu = 4$ 时系统处于混沌状态, t_k 在 $[0, 1]$ 区间遍历. 设抗体群数量为 N , 将Logistic混沌序列进行放大和平移至区间 $[-1, 1]$ 后, 再构成抗体 $N \times L$ 的混沌变异因子矩阵 $\mathbf{T}$, 设 x_{ij} ($j = 1, 2, \dots, L$)为抗体 X_i ($i = 1, 2, \dots, N$)的第 j 个基因值, x'_{ij} 为 x_{ij} 变异以后的基因值, 则 x'_{ij} 以概率 p_m 按照下式取值:

$$x'_{ij} = \begin{cases} x_{ij} + \gamma \cdot T_{ij}(x_{j\max} - x_{ij}), & T_{ij} \geq 0, \\ x_{ij} + \gamma \cdot T_{ij}(x_{ij} - x_{j\min}), & T_{ij} < 0, \end{cases} \quad (2)$$

其中 $x_{j\max}$ 和 $x_{j\min}$ 分别为 X_i 第 j 个基因取值范围的最大值和最小值, γ 为超变异因子, x_{ij} 的混沌变异因子 $T_{ij} \in \mathbf{T}$. 由式(2)可知, x_{ij} 变异方向由 T_{ij} 的大小决定, 若 $T_{ij} \geq 0$, 则 x_{ij} 沿基因值增大的方向变异; 若 $T_{ij} < 0$, 则 x_{ij} 沿基因值减小的方向变异.

此外, 算法参数的不同取值通常会直接影响算法的收敛性能, 而由于未知解域的复杂性, 针对不同问题采用人工经验确定法往往既耗时又具有主观性^[11]. 因此本文将采用模糊逻辑模块调节超变异因子 γ 的值, 使 γ 能够随抗体解质量和算法的收敛情

况发生自适应变化, 克服CLONALG的早收敛问题. 并设该模糊逻辑模块的输入设为每个抗体解的质量 Q_i 和算法收敛程度测量量 C_m , 输出为 γ , 取值范围为 $[0, 1]$. 并设第 n 代抗体 X_i 的解质量为

$$Q_i(n) = \frac{aff_i(n)}{aff_{\max}(n)}, \quad (3)$$

其中: aff_i 为抗体 X_i 与抗原的亲和度, $aff_{\max}$ 为当前抗体群最大亲和度. 第 n 代算法收敛程度定义为

$$C_m(n) = \frac{aff_{\max}(n)}{\max(aff_{\max}(n), aff_{\max}(n-1))}, \quad (4)$$

其中: $aff_{\max}(n)$ 和 $aff_{\max}(n-1)$ 分别为第 n 代和第 $n-1$ 代抗体群的最大亲和度值, C_m 描述了算法的收敛情况, C_m 小时表示算法处于搜索初期, C_m 大时表示算法呈收敛状态. 对于模糊变量 $Q_i(n)$ 选取语言值{很好, 好, 较好, 中, 较差, 差, 很差}, 考虑到算法的搜索速度, $C_m(n)$ 仅取值为{高, 低}, 而 γ 则取值{很小, 小, 较小, 中, 较大, 大, 很大}. 在给定的 p_m 下, γ 的模糊调节原则为无论超何种方向变异, 超变异量不仅需随抗体解质量的增加而减小, 以保留抗体群中的最佳基因, 而且应随算法收敛程度的增加而适当放大, 以增强算法在解域的搜索能力.

2.2 模糊免疫网络调节策略(Fuzzy immune network regulation)

种群多样性降低过快往往会导致算法陷入局部最优点, 而独特型免疫网络理论认为生物系统中存在的免疫网络能够自适应调节, 以保证抗体的多样性^[4], 所以FAIA从保持抗体群多样性出发, 模拟免疫网络中抗体群的更新机理, 将在超变异操作后计算每个抗体的激励水平, 并使 N_d 个低激励水平的抗体灭亡. 其中算法根据Farmer建立的免疫网络系统动态方程模型^[12], 用基因型和表现型表示免疫网络中抗体的激励水平. 设 x_{ik} 和 x_{jk} 分别为抗体 X_i 和抗体 X_j 第 k 个基因位的数值, 则 X_i 和 X_j 之间的欧式距离为

$$E_{ij} = \left(\sum_{k=1}^L (x_{ik} - x_{jk})^2 \right)^{1/2}, \quad (5)$$

两者间激励作用归一化后的欧式距离表示为

$$D_{ij} = \frac{1}{\max E_i} \left(\sum_{k=1}^L (x_{ik} - x_{jk})^2 \right)^{1/2}, \quad (6)$$

其中 $\max E_i$ 为 X_i 和各抗体间最大的欧式距离. 而 X_i 和 X_j 之间由基因相似而产生的抑制作用可以表示为

$$S_{ij} = 1 - D_{ij}, \quad (7)$$

且用 Q_i 表示 X_i 识别抗原产生的激励作用, 因此, 可将 X_i 的激励水平定义为

$$SL_i = \frac{1}{2} \left[\frac{1}{N} \left(\sum_{j=1}^N D_{ij} - k_1 \sum_{j=1}^N S_{ij} \right) + \frac{aff_i}{aff_{\max}} \right], \quad (8)$$

上式方括号中第1项表示抗体间的相互激励和抑制作用, 而第2项表示由抗体 X_i 对抗原的识别程度而产生的激励作用. 且有 $SL_i \in [0, 1]$, k_1 为抑制因子, 表示抗体间基因型相似性抑制抗体产生的程度, $k_1 \in [0, 1]$, 且 k_1 越大, 抗体相似性抑制 X_i 繁殖的作用就越强, 为保持算法稳定, k_1 通常为恒值. 由此可知, 抗体的激励水平同时兼顾了抗体解的质量和抗体群多样性两方面的因素.

其次, 设 $N_d = \text{round}(dN)$, $\text{round}(\cdot)$ 为取整函数, d 为死亡比率, 由于 d 的大小直接影响到算法收敛速度和抗体群多样性, FAIA采用种群表现型多样性测量量 PDM 和基因型多样性测量量 GDM 作为调节 d 的模糊逻辑模块输入^[11], 并分别表示如下:

$$PDM = \frac{aff_{\text{avg}}}{aff_{\max}}, \quad (9)$$

$$GDM = \frac{\bar{E} - E_{\min}}{E_{\max} - E_{\min}}, \quad (10)$$

其中: aff_{avg} 为当前代抗体群平均亲和力, $PDM \in [0, 1]$, 且当算法收敛时, 其值趋于1; $\bar{E}$, $E_{\max}$, $E_{\min}$ 分别为当前代抗体群中所有抗体与最佳抗体间的平均欧式距离、最大欧式距离和最小欧式距离. $GDM \in [0, 1]$. 当 GDM 趋于0时, 表明抗体群的基因趋于一致, 算法呈收敛状态; 而当 GDM 较大时, 则说明抗体群基因型差异较大. PDM 和 GDM 都选取语言值{高、适中、低}, 输出量 d 选取{小, 较小, 适中, 较大, 大}. d 的模糊调节原则为当 GDM 高时, 抗体间基因差别大, 随着 PDM 由低变高, 算法将从搜索初期过渡到收敛阶段, 则 d 应取较大值以加快算法的收敛速度; 当 GDM 低时, 抗体间基因差别不大, 无论 PDM 取何值, 为避免算法陷入局部最优点, 则 d 都应取小, 保持收敛过程抗体群多样性. 最后代替死亡抗体的新抗体将从基于免疫应答机理设立的优秀抗体记忆库中产生. 因此, 免疫网络调节操作可以使基因型与其他抗体相异程度高, 对抗原识别能力强的抗体具有更高的激励水平, 并享有更大的概率保留到下一代.

2.3 FAIA算法基本流程(Basic steps of FAIA)

FAIA算法的基本流程如下:

1) 初始群体的产生. 在解域随机产生 N 个抗体构成初始种群 A_0 , 并设定算法参数;

2) 免疫记忆. 选择出 N_m 个具有高亲和度的抗

体存放在优秀抗体记忆库 M 中, 保留历代最佳抗体, $N_m = \text{round}(\alpha N)$, 其中 α 为记忆比率, $0 < \alpha < 0.5$;

3) 克隆繁殖. 对 N 个抗体按照克隆比与亲和力成正比的关系进行克隆复制, 克隆体集合为 C_n ;

4) 模糊混沌超变异. 计算模糊量 γ , 基于式(2)对 C_n 中的抗体进行超变异, 并形成抗体集合 H_n ;

5) 模糊免疫网络调节. 计算模糊量 d , 基于式(8)除去 H_n 中 N_d 个低激励水平的抗体, 然后在记忆库 M 中选择 N_d 个新补充抗体, 获得新一代抗体群 A_{n+1} ;

满足终止条件, 输出记忆库 M 中最佳抗体作为最优解, 否则返回到步骤2.

3 FAIA算法收敛性能比较与分析(Comparison and analysis of FAIA convergence performance)

为验证混沌超变异和免疫网络调节的作用, 以及模糊逻辑对算法参数的影响, 本文同时编写了混沌超变异免疫算法(chaotic hypermutation immune algorithm, CHIA), 其算法步骤同FAIA, 但死亡比率和超变异因子固定, 且超变异操作采用下式:

$$x'_{ij} = \begin{cases} x_{ij} + \gamma \cdot \sigma(i) \cdot T_{ij}(x_{j\max} - x_{ij}), & T_{ij} \geq 0, \\ x_{ij} + \gamma \cdot \sigma(i) \cdot T_{ij}(x_{ij} - x_{j\min}), & T_{ij} < 0, \end{cases} \quad (11)$$

其中调节抗体超变异量的自适应比例因子 $\sigma(i)$ 为:

$$\sigma(i) = \exp\{-(aff_i/aff_{\max}) \cdot (aff_{\max} - aff_{\text{avg}})/aff_{\max}\}, \quad (12)$$

将CHIA和FAIA同时与实数编码的CLONALG相比较, 并选用如下10个常见的优化算法测试函数:

$$\min f_1(x) = \sum_{i=1}^3 x_i^2, |x_i| \leq 10,$$

$$\min f_2(x) = 100 \cdot (x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2, |x_i| \leq 2.048,$$

$$\min f_3(x) = \sum_{i=1}^2 (x_i^2 - 10 \cdot \cos(2\pi x_i) + 10), |x_i| \leq 5.12,$$

$$\min f_4(x) = \sum_{i=1}^2 \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^2 \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1, |x_i| \leq 600,$$

$$\min f_5(x) = \frac{(\sin \sqrt{x_1^2 + x_2^2})^2 - 0.5}{(1 + 0.001 \cdot (x_1^2 + x_2^2))^2} - 0.5, |x_i| \leq 100,$$

$$\min f_6(x) = \left\{ \sum_{i=1}^5 i \cdot \cos[(i+1) \cdot x_1 + i] \right\} \cdot \left\{ \sum_{i=1}^5 i \cdot \cos[(i+1) \cdot x_2 + i] \right\} + 0.5[(x_1 + 1.42513)^2 + (x_2 + 0.80032)^2],$$

$$|x_i| \leq 10,$$

$$\min f_7(x) = (4 - 2.1 \cdot x_1^2 + \frac{x_1^4}{3}) \cdot x_1^2 + x_1 \cdot x_2 + (-4 + 4 \cdot x_2^2) \cdot x_2^2, |x_i| \leq 100,$$

$$\max f_8(x) = \left(\prod_{j=1}^2 \sin x_i \right) \cdot \left(\sqrt{\prod_{j=1}^2 (x_i)} \right),$$

$$0 \leq x_i \leq 10,$$

$$\min f_9(x) = [-13 + x_1 + ((5 - x_2) \cdot x_2 - 2) \cdot x_2]^2 + [-29 + x_1 + ((x_2 + 1) \cdot x_2 - 14) \cdot x_2]^2,$$

$$|x_i| \leq 10,$$

$$\min f_{10}(x) = -20e^{-0.2 \cdot \sqrt{\frac{1}{n} \cdot \sum_{i=1}^n x_i^2}} - e^{\frac{1}{n} \cdot \sum_{i=1}^n \cos(2 \cdot \pi \cdot x_i)} + 22.71282, |x_i| \leq 5,$$

仿真中FAIA和CHIA选取初始种群数 $N = 50$, $\alpha = 0.25$, $k_1 = 0.5$, CHIA和CLONALG通过试凑法试验设置10个函数的最佳 γ . CHIA中 $d = 0.2$, CLONALG克隆数为 $0.5 N$, 同时设置最大迭代次数为1000, 当搜索到的最优解函数值与理想极值的误差小于 10^{-3} 认为算法收敛并停止迭代. 将3种算法分别各运行100次, 记录算法停止搜索时找到最优解的平均迭代次数AvgGN、最优解函数值与理想极值的平均误差AvgfE和收敛率ConvR(即算法收敛次数与算法总运行次数之比), 结果见表1.

表1 FAIA, CHIA和CLONALG的收敛性能比较

Table 1 Convergence performance comparison of FAIA, CHIA and CLONALG

函数	FAIA			γ	CHIA			γ	CLONALG		
	AvgfE	AvgGN	ConvR/%		AvgfE	AvgGN	ConvR/%		AvgfE	AvgGN	ConvR/%
F_1	5.264×10^{-4}	62	100	0.01	5.953×10^{-4}	165	100	1	6.306×10^{-4}	66	100
F_2	4.345×10^{-4}	123	100	0.05	4.519×10^{-4}	212	100	0.5	9.418×10^{-4}	434	87
F_3	4.664×10^{-4}	312	100	0.09	4.717×10^{-4}	489	100	0.5	8.054×10^{-4}	396	96
F_4	4.811×10^{-4}	381	100	0.03	5.328×10^{-4}	428	100	1	8.472×10^{-4}	548	84
F_5	8.563×10^{-4}	319	89	0.05	9.812×10^{-4}	823	86	0.25	8.673×10^{-2}	966	15
F_6	2.678×10^{-3}	318	88	0.7	6.669×10^{-3}	337	85	0.5	2.151×10^{-1}	976	7
F_7	4.226×10^{-4}	305	100	0.005	4.706×10^{-4}	325	100	1	2.913×10^{-3}	811	46
F_8	4.340×10^{-4}	46	100	0.05	1.567×10^{-4}	114	100	10	5.564×10^{-2}	959	77
F_9	5.247×10^{-4}	316	100	0.1	6.972×10^{-3}	559	82	1	4.112×10^{-3}	733	57
F_{10}	6.451×10^{-4}	348	97	0.05	2.013×10^{-3}	356	86	1	2.386×10^{-2}	760	39

从表1中可知FAIA和CHIA不仅比CLONALG收敛次数多, 而且比CLONALG收敛时找到的最优解更准确. 这说明混沌超变异能够有效增强算法的搜索能力, 而免疫网络调节策略能够保持抗体群多样性, 避免算法陷入局部最优, 由此建立的免疫算法的收敛性能好于克隆选择算法. 而FAIA与CHIA相比, 两者都具有较高的收敛次数, 但FAIA的搜敛速度明显快于CHIA, 最优解也更接近理想值, 这表明采用模糊逻辑调节算法参数比采用自适应因子的方法好, 针对不同的优化问题无须人为设置参数 γ 和 d , 大大降低了算法参数选择的难度, 增强了算法自适应搜索的能力.

4 FAIA在重油热解模型参数估计中的应用(Application of FAIA in parameter estimation of heavy oil thermal cracking model)

重油热解是催化裂化中的一个重要的化学反应过程, 对其采用集总反应模型, 可以简化组分繁多的反应体系. 图1表示重油热解的三集总反应过程^[1], 其中: H 为重油原料, x 为热解后生成的沸点小于 510° 的诸馏分、热解气及甲苯不溶物的产率之总和; x_W 为 $390^\circ \sim 510^\circ$ 的重质中间馏分产率; x_L 为热解气、 $210^\circ \sim 390^\circ$ 轻质馏分及缩合产物产率之和. 同时在图1中假设成立如下条件:

1) 热解反应原料重油 H 为渣油中沸点大于 510° 的甲苯可溶物, 反应后生成的中间重质馏分 W 可进一步转化为裂解气、轻质馏分及缩合物 L ;

2) 由W转化成集总物L的二次反应为一级反应.

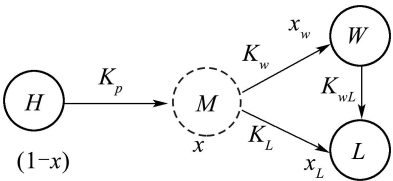


图 1 重油热解的三集总反应过程示意
Fig. 1 Three lumps reaction model of heavy oil thermal cracking process

根据图1, 在等温条件下, 当总反应级数为1时, 由反应机理可推导出反应的产率方程式为

$$x_L = \frac{C_L}{n_L} [1 - (1 - x)^{n_L}] + \frac{C_W C_{WL}}{n_W - C_{WL}} \left\{ \frac{1}{C_{WL}} (1 - (1 - x)^{C_{WL}}) + \frac{1}{n_W} [(1 - x)^{n_W} - 1] \right\}, \quad (13)$$

其中 $C_L = \frac{K_L}{K_P}$, $C_W = \frac{K_W}{K_P}$, $C_{WL} = \frac{K_{WL}}{K_P}$.

考虑到温度对反应速度的影响, 引入Arrhenius方程: $K = K_0 e^{-E/RT}$, 则有 $K_p = K_{p0} e^{-E_p/RT}$, $K_L = K_{L0} e^{-E_L/RT}$, $K_W = K_{W0} e^{-E_W/RT}$, 以及 $K_{WL} = K_{WL0} e^{-E_{WL}/RT}$, 则可以得出最终的反应的数学模型如下:

$$x_L = \frac{K_{LP0} e^{-E_{LP}/T}}{n_L} [1 - (1 - x)^{n_L}] + \frac{K_{WP0} K_{WLP0} e^{-(E_{WP} + E_{WLP})/T}}{n_W - K_{WLP0} e^{-E_{WLP}/T}} \cdot \left\{ \frac{1}{K_{WLP0} e^{-E_{WLP}/T}} (1 - (1 - x)^{K_{WLP0} e^{-E_{WLP}/T}}) + \frac{1}{n_W} [(1 - x)^{n_W} - 1] \right\}, \quad (14)$$

其中 x 和 T (反应温度)为自变量, x_L 为因变量, 上式中需要估计的参数共8个, 分别为 K_{LP0} , E_{LP} ,

K_{WP0} , E_{WP} , K_{WLP0} , E_{WLP} , n_W , n_L , 且有

$$K_{LP0} = \frac{K_{L0}}{K_{P0}}, K_{WP0} = \frac{K_{W0}}{K_{P0}},$$
$$K_{WLP0} = \frac{K_{WL0}}{K_{P0}}, E_{LP} = \frac{E_L - E_P}{R},$$
$$E_{WP} = \frac{E_W - E_P}{R}, E_{WLP} = \frac{E_{WL} - E_P}{R}.$$

式(13)(14)中各符号说明参见文献[1]. 本文采用文献[1]中的56个观测元的实验数据对这8个参数进行估计. 每个观测元有 x , T 和 x_L 3个值. 并以编号为奇数的28个观测元的数据作为模型估计的建模样本 S_m , 用剩余的28个观测元的数据作为检验模型的测试样本 S_t . FAIA算法中设第 k 个样本对应的热解气的实验观测值为 x_{Lk} , 抗体群中第 i 个抗体对 S_m 中 x_{Lk} 的估算值为 x'_{Lk} , 则对于抗体 i , 最小化目标函数设为所有样本数据的相对误差绝对值之和:

$$f_{\min} = E_i = \sum_{k=1}^{S_m} \left| \frac{x_{Lk} - x'_{Lk}}{x_{Lk}} \right|, \quad (15)$$

分别采用FAIA, CHIA和CLONALG3种方法对重油热解模型进行参数估计. 仿真中设置超变异概率取0.1, CHIA中 $d=0.2$, $\gamma=5$, CLONALG中设置克隆数为0.5 N, 最大迭代次数都为500代, 其他参数同函数优化. 最后再根据优化估计获得的参数值对28组测试样本进行检验, 记录3种方法的最佳参数估计值、取最佳估计值的建模样本相对误差平均值、测试样本的相对误差平均值如表2所示, 并得到FAIA、CHIA和CLONALG取最佳估计值的测试样本模拟曲线图和预测误差比较曲线图如图2~图5所示.

表2中的数据 and 测试样本预测曲线图2~图5显示CLONALG所得的预测数据偏离实际的 x_{Lk} 较大, 其建模样本相对误差均值和测试样本相对误差均值都比CHIA和FAIA算法得到的数据大, 这些都说明对于复杂非线性系统模型参数估计问题, FAIA和CHIA比CLONALG的估计误差小. 而与CHIA相比较, FAIA得到的测试样本相对误差更小, 其估计结果也好于文献[1]采用改进的遗传算法结果, FAIA能够更准确地估计出重油模型参数值.

表 2 重油热解三集总模型参数估计结果

Table 2 Parameter estimation results of heavy oil thermal cracking model

算法	E_{LP}	E_{WP}	E_{WLP}	K_{LP0}	K_{WP0}	K_{WLP0}	n_L	n_W	建模样本平均相对误差/%	测试样本平均相对误差/%
CLONALG	1801	1451	1405	9.528	1.151	4.562	1.754	3.930	9.456	10.403
CHIA	1236	1762	2109	4.309	1.538	3.726	1.337	1.174	6.505	6.642
FAIA	1006	2117	1271	3.025	1.247	2.118	1.225	1.019	6.064	6.334

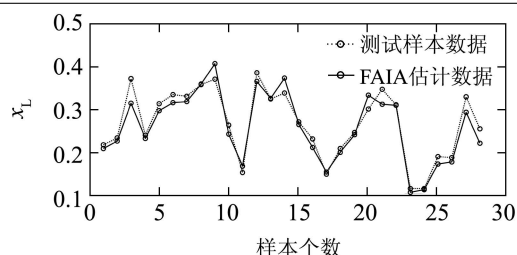


图2 FAIA对重油模型测试样本的估计

Fig. 2 Estimation results of heavy oil thermal cracking model obtained by FAIA

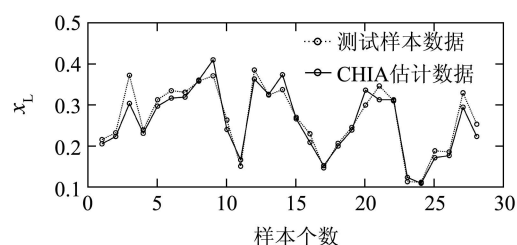


图3 CHIA对重油模型测试样本的估计

Fig. 3 Estimation results of heavy oil thermal cracking model obtained by CHIA

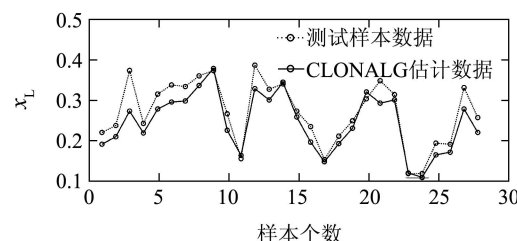


图4 CLONALG对重油模型测试样本的估计

Fig. 4 Estimation results of heavy oil thermal cracking model obtained by CLONALG

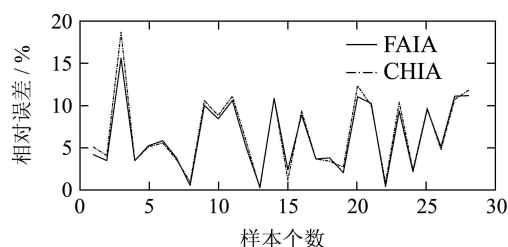


图5 FAIA和CHIA对测试样本估计相对误差的比较

Fig. 5 Estimation relative error comparison of FAIA and CHIA

5 结论(Conclusion)

本文针对复杂非线性系统建模中的优化问题,提出了一种模糊自适应免疫算法,该算法结合克隆选择原理和混沌理论设计了混沌超变异操作,增强了算法在解域的搜索能力,并基于免疫网络理论建立了免疫网络调节策略,保持了抗体群的多样性,同时采用模糊逻辑模块调节超变异因子和抗体群死

亡比率,增强了算法在解域搜索的自适应能力.通过优化函数测试验证了FAIA具有良好的收敛性能,将FAIA应用于催化裂化过程重油热解模型参数估计,结果显示FAIA的参数估计误差明显低于克隆选择算法和无模糊逻辑的混沌超变异免疫算法.

参考文献(References):

- [1] 宋晓峰, 陈德钊, 胡上序, 等. 基于优选策略的遗传算法对重油热解模型参数的估计[J]. 高校化学工程学报, 2003, 17(4): 411 – 417. (SONG Xiaofeng, CHEN Dezhaoh, HU Shangxu, et al. Eugenic evolution strategy genetic algorithms for estimating parameters of heavy oil thermal cracking model[J]. *Journal Chemistry Engineer of Chinese University*, 2003, 17(4): 411 – 417.)
- [2] MUKESH S, RINKU A. Maximum likelihood method for parameter estimation in non-linear models with below detection data[J]. *Environmental and Ecological Statistics*, 2003, 10(4): 445 – 454.)
- [3] PATERKIS E, PETRIDIS V, KRAGIAS A. Genetic algorithm in parameter estimation of nonlinear dynamic systems[M] // *Lecture Notes in Computer Science*. Heidelberg: Springer, 1998, 1498: 1008 – 1017.
- [4] CASTRO L N DE, TIMMIS J I. Artificial immune systems as a novel soft computing paradigm[J]. *Soft Computing*, 2003, 7(8): 526 – 544.
- [5] ALEX A FREITAS, JON TIMMIS. Revisiting the foundations of artificial immune systems for data mining[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2007, 11(4): 521 – 541.
- [6] EMMA HART, JON TIMMIS. Application areas of AIS: the past, the present and the future[J]. *Applied Soft Computing*, 2008, 8(1): 191 – 201.
- [7] L N DE CASTRO, F J VON ZUBEN. The clonal selection algorithm with engineering applications[C] // *Proceedings of Genetic and Evolutionary Computation Conference*. Berlin Heidelberg: Springer-Verlag, 2000: 36 – 37.
- [8] TIMMIS J. Challenges for artificial immune systems[M] // *Lecture Notes in Computer Science*. Heidelberg: Springer, 2006, 3931: 355 – 367.
- [9] JOANNE H. WALKER, SIMON M GARRET. Dynamic function optimization: comparing the performance of clonal selection and evolution strategies[M] // *Lecture Notes in Computer Science*. Heidelberg: Springer, 2003, 2787: 273 – 284.
- [10] 左兴权, 范玉顺. 一类用于函数优化的基于混沌搜索的免疫算法[J]. 控制理论与应用, 2006, 23(6): 957 – 960. (ZUO Xingquan, FAN Yushun. Chaotic-search-based immune algorithm for function optimization[J]. *Control Theory & Applications*, 2006, 23(6): 957 – 960.)
- [11] HERRERA F, LOZANO M. Adaptation of genetic algorithm parameters based on fuzzy logic controllers[C] // HERRERA F, VERDEGAY J L. *Genetic Algorithms and Soft Computing*. Berlin: Physica-Verlag, 1996: 95 – 125.
- [12] FARMER J, PARCKARD N, PERELSON A. The immune system, adaptation and machine learning[J]. *Physica D*, 1986, 22: 187 – 204.

作者简介:

何宏 (1973—), 女, 副教授, 博士, 主要研究领域为计算智能理论及其在系统建模和优化中的应用, E-mail: heh@shnu.edu.cn;

钱锋 (1961—), 男, 教授, 博士, 博士生导师, 主要从事工业过程先进控制、优化与故障诊断、人工智能在流程工业过程建模、控制和优化中的应用等方面的研究, E-mail: fqian@ecust.edu.cn.