

基于混沌DNA遗传算法的模糊递归神经网络建模

陈 霄, 王 宁

(浙江大学 工业控制技术国家重点实验室, 浙江 杭州 310027)

摘要: 本文受生物DNA分子遗传机制和混沌优化算法的启发, 提出了一种混沌DNA遗传算法, 用于优化T-S模糊递归神经网络(FRNN). 该方法使用碱基序列表示T-S模糊递归神经网络的前件部分参数, 包括模糊规则数, 隶属度函数中心点和宽度; 设计更为复杂的遗传操作算子来改进遗传算法的寻优性能; 利用混沌优化算法优化种群中的较差个体. 同时使用递推最小二乘法(RLS)来辨识T-S模糊递归神经网络的后件部分参数. 最后, 采用基于混沌DNA遗传算法的T-S模糊递归神经网络对一种典型的pH中和过程进行建模. 通过与其他建模方法的比较, 仿真实验结果表明了所建模型的有效性.

关键词: 混沌理论; DNA; 遗传算法; 模糊神经网络; pH中和过程

中图分类号: TP273 **文献标识码:** A

Fuzzy recurrent neural network modeling based on chaos DNA genetic algorithm

CHEN Xiao, WANG Ning

(State Key Laboratory of Industrial Control Technology, Zhejiang University, Hangzhou Zhejiang 310027, China)

Abstract: Inspired by the biological deoxyribonucleic acid's(DNA) genetic mechanism and the chaos optimization method, we propose a chaos DNA based genetic algorithm(CDNA-GA) for the optimization of the T-S fuzzy recurrent neural network(FRNN) modeling method. In the CDNA-GA, the parameters of the antecedent part of the FRNN, including the fuzzy rule numbers, center points and widths of membership functions, are represented as the nucleotide base sequences; more complicated genetic operators are designed to improve the performance of genetic algorithm, and the chaos optimization method is applied to optimize the inferior individuals in the population. Furthermore, the corresponding parameters in the consequent part of the FRNN are determined with the recursive least-squares(RLS) algorithm. Finally, the proposed FRNN modeling method is applied to model a pH neutralization process, and the simulation results of the experiments show the feasibility of the established model compared with other reported methods.

Key words: chaos theory; DNA; genetic algorithms; fuzzy neural networks; pH neutralization process

1 引言(Introduction)

神经网络具有万能逼近器的特点, 被广泛用来描述各种复杂非线性系统^[1~3]. 但是基于神经网络模型进行控制律求解时, 结构复杂, 运算量大. Takagi-Sugeno(T-S)模糊递归神经网络(FRNN)的后件部分采用局部线性化模型, 相对于神经网络模型而言, 在处理多变量系统时可以减少模糊规则数, 更有利于求解非线性优化问题^[4~6]. 通常, T-S模糊递归神经网络中需优化的参数包括模糊规则的数目、隶属度函数参数等.

现有的T-S模糊递归神经网络参数的辨识方法主要有聚类算法和遗传算法等方法. 其中, 聚类算法如K-均值算法, 对初始聚类中心十分敏感, 并且只考虑输入数据, 据此建立的模型不能很好反映系统特性. 遗传算法是一种模拟生物进化过程的仿生算

法, 具有很强的易操作性和全局优化性能, 被广泛用于非线性规划问题^[7]、组合优化问题^[8]、参数辨识^[9]、控制器优化^[10]等领域中. 近年来, 很多学者使用遗传算法优化模糊模型的结构和参数, 取得了较好的结果^[11~13]. 然而面对复杂系统, 特别是非线性系统时, 遗传算法仍存在着不足, 如算法局部搜索能力较低, 易早熟收敛等. 传统的遗传算法采用0-1编码, 这种编码方式不能表达丰富的遗传信息, 也不能反映遗传信息对生物体生长、发育的调控作用^[14]. 为了更好的发挥遗传算法的仿生性能, 近年来, 基于碱基编码的遗传算法得到了人们的关注^[15, 16]. 这类遗传算法使用DNA分子和RNA分子的基本组成单位-碱基, 对问题的潜在解编码, 使算法中的个体可以携带更丰富的遗传信息, 方便引入更为复杂的遗传算子操作, 从而在一定程度上提高了遗传算法的

全局搜索能力,但在小区域内搜索效率的提高并不显著.

而混沌是一种非线性现象,具有随机性、遍历性,同时又存在着一定的内在规律性.一般而言,混沌优化过程首先遍历搜索可行点,然后以当前最优点为中心,附加混沌扰动,在初始点周围寻找更好的点.混沌优化方法在搜索空间小时效果显著,但当搜索空间大时其效果不一定让人满意^[17,18].

鉴于以上分析,本文受生物DNA分子遗传机制的启发,结合混沌动力学特性,提出了一种混沌DNA遗传算法(CDNA-GA).混沌DNA遗传算法的基本思想是利用碱基对个体编码,并引入DNA分子操作概念来改进遗传算子,同时对于部分较差的个体引入混沌细搜索方法.应用CDNA-GA来辨识T-S模糊递归神经网络的前件参数,同时采用递推最小二乘法(RLS)整定网络的后件参数.最后采用基于CDNA-GA的T-S模糊递归神经网络对pH中和过程进行建模,仿真结果表明所建模型有较好的预测精度.

2 T-S模糊递归神经网络(T-S fuzzy recurrent neural network)

一个典型的单输入单输出系统的T-S模糊递归神经网络模型由两部分组成:前件部分网络和后件部分网络,其规则如下:

规则 j : 如果 $x(k)$ 是 A_j , 则

$$y_j(k) = B_j^T X(k), \quad j = 1, 2, \dots, M,$$

其中: $X(k) = [1, u(k-d), \dots, u(k-d-m+1), y(k-1), \dots, y(k-n)]$, u 为被控对象的输入, y 为被控对象的输出, $y_j(k)$ 为第 j 条规则所对应的模糊模型输出预测值, 而 m, n 为被控对象的阶次, $B_j = [b_{j,0} \ b_{j,1} \ \dots \ b_{j,m+n}]^T$ 为后件部分参数, M 为模糊规则数, A_j 为模糊神经网络的第 j 个输入模糊集. 对于单输入单输出系统, $x(k) = y(k)$. 若模糊神经网络模型的前件部分采用高斯型隶属度函数, 则前件部分输出为

$$\phi_j = \frac{\alpha_j}{\sum_{l=1}^M \alpha_l}, \quad j = 1, 2, \dots, M, \quad (1)$$

其中 α_j 为第 j 条规则的适用度:

$$\alpha_j = \exp\left[-\frac{\|y(k) - c_j\|^2}{\sigma_j^2}\right], \quad (2)$$

其中 c_j 和 σ_j 为神经网络输入模糊集 A_j 的高斯隶属度函数的中心点和宽度值.

T-S模糊递归神经网络模型的后件部分使用递归神经元来表示. 在后件部分中, 前件部分的每一条规则对应一个局部线性化模型. 经解模糊后, 可以得到T-S模糊递归神经网络模型的输出为:

$$y(k+1) = \sum_{j=1}^M \phi_j B_j^T X(k). \quad (3)$$

从以上分析中可以发现, 上述模糊神经网络模型需要整定的参数包括: 前件部分的隶属度函数的中心点 c_j , 宽度 σ_j 及后件部分的局部线性化参数 B_j , $j = 1, 2, \dots, M$. 本文采用混沌DNA遗传算法来辨识前件部分参数, 并利用递推最小二乘法确定后件部分参数.

3 使用混沌DNA遗传算法辨识前件部分参数(Determination of antecedent parameters in FRNN with CDNA-GA)

3.1 参数编码和初始化群体(Encoding method and initialization)

众所周知, DNA分子的基本组成元素是核苷酸. 而核苷酸的区别仅在于碱基的不同. 其中, 腺嘌呤(A)、鸟嘌呤(G)、胞嘧啶(C)和胸腺嘧啶(T)是4种最常见的碱基. 因此, 核苷酸可以分为腺嘌呤核苷酸、鸟嘌呤核苷酸、胞嘧啶核苷酸和胸腺嘧啶核苷酸. 这4种核苷酸按照一定的排列顺序, 以磷酸二脂键相连, 可以形成一条核苷酸序列, 也称碱基序列. 同时, 一个核苷酸上的碱基可以与另一个核苷酸上的碱基通过氢键相结合, 形成碱基对. 遵守Watson-Crick互补性原则: A和T配对, C和G配对. 这样, 一条核苷酸单链序列可以与另一条特定的核苷酸单链序列结合, 从而构成一条DNA双链. 根据生物DNA分子的构成过程, DNA分子可以抽象为4个字母A, T, C, G的集合.

受生物DNA分子结构的启发, 混沌DNA遗传算法采用A, T, C, G这4种碱基对问题的潜在解进行编码. 由于这种编码不能直接用于计算机处理, 数字0/1/2/3被用来对这4种碱基进行编码. 其采用的映射形式为: 0123/CGAT. 同时这种映射也继承了碱基的互补原则, 即这4个数字按照01/23的原则配对互补.

基于上述编码原则, 对模糊神经网络的前件部分参数进行编码. 设前件部分有 M 条规则, 每条规则包含一个高斯隶属度函数中心点参数和一个宽度参数, 则需要优化的参数有 $2M$ 个. 设每一个参数均使用长度为 l 的碱基串编码.

遗传算法中某一个体 i 的编码结构如下:

$$[c_{i,1}, \dots, c_{i,M_i}, \underbrace{0, \dots, 0}_{D-M_i}, \sigma_{i,1}, \dots, \sigma_{i,M_i}, \underbrace{0, \dots, 0}_{D-M_i}],$$

其中: M_i 为个体 i 所对应的模糊神经网络模型的模糊规则数, 在初始化种群时随机产生, $1 \leq M_i \leq D$, D 为最大规则数.

3.2 适应度值的计算(Fitness evaluation)

在混沌DNA遗传算法中, 经解码后, 每一个个体对应一个网络的前件部分, 与之相应的网络的后件部分可以通过递推最小二乘法得到, 从而构造一个模糊神经网络. 而对于一个模糊神经网络而言, 不仅

要考虑网络的拟合精度, 还要考虑网络结构的复杂度, 即模糊规则数. 因此本文定义第*i*个个体的适应度函数如下:

$$f_i = E_i + \lambda M_i, \quad (4)$$

其中: λ 为权重因子, E_i 为第*i*个个体对应的模糊神经网络的输入值与给定值的误差:

$$E_i = \sum_{j=1}^{N_s} (y_j - y_{d_j})^2, \quad (5)$$

其中: y_j 为模型输出预测值, y_{d_j} 为过程实际输出值, N_s 为训练样本数. 据式(4)和式(5), f 值即适应度值越小, 该个体越优秀.

3.3 遗传操作算子(Genetic operators)

受生物DNA分子操作的启发, 混沌DNA遗传算法采用了更为复杂的遗传操作, 主要包括: 选择、交叉、变异.

1) 选择操作.

本文采用的选择操作是锦标赛选择操作和精英保留策略. 锦标赛选择是从当前群体中随机选择两个个体, 将其中适应度值较小的个体保存到下一代群体中. 精英保留机制指将当前群体中适应度值最小的个体直接保存到下一代种群中, 这种保留机制可以保证算法的收敛性. 通过这两种选择方法, 可以在原种群中选择一定数量的个体来形成新的种群.

2) 交叉操作.

在种群中随机挑选两个个体, 作为交叉操作的父体, 交叉过程如图1所示.

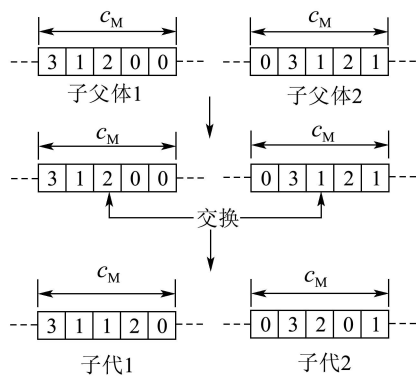


图 1 交叉操作

Fig. 1 Crossover operation

首先将每个父体按照编码参数的不同分成 $2D$ 个子序列, 并将编码同一参数的子序列配对组成子父体, 如图1中均编码 c_M 的两段子序列即配对为一对子父体. 在每对子父体间, 均执行两点交叉, 将交叉点间的内容互换, 从而生成两个新的个体: 子代1和子代2. 在交叉操作中, 交叉点的位置是随机决定的. 交叉操作的执行概率为 p_c .

3) 变异操作.

变异操作是一种重要的遗传操作, 用来产生新的个体. 本文采用的变异操作由3种变异算子组成:

a) 反密码子变异.

与交叉操作相似, 将执行反密码子变异的个体分成 $2D$ 个序列片段, 操作过程如图2所示.

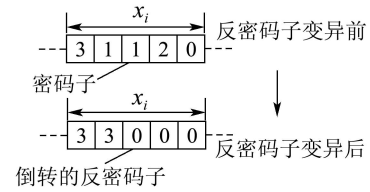


图 2 反密码子变异

Fig. 2 Inverse anticodon mutation

首先在每一个序列片段中随机选取一小段序列定义为密码子, 如112(密码子的长度和位置是随机决定的). 随后依据Watson-Crick互补性原则可生成一段与密码子中的碱基互补的序列003, 称之为反密码子. 然后将反密码子序列中的碱基进行倒位处理, 得到倒转的反密码子序列300. 最后将倒转的反密码子300代替密码子112的位置, 从而形成了一个新的个体. 反密码子变异算子的执行概率为 p_{IA} .

b) 最大最小变异.

将个体中出现频率最高的碱基用个体中出现频率最低的碱基来代替, 这种变异方法称为最大最小变异, 操作过程如图3所示. 在个体中, 碱基1的使用频率最高, 而碱基0的使用概率最低. 这样在新个体中, 碱基1的位置就被碱基0所代替. 这里要注意的是, 最大最小变异操作将个体视为一个整体操作, 而不需将个体按参数分块, 它的执行概率为 p_{MM} .



图 3 最大最小变异

Fig. 3 Max-min mutation

c) 普通变异.

普通变异算子与普通二进制遗传算法中的翻转变异类似, 它的操作方法为将个体中的每一位碱基以概率 p_m 变异为另一种碱基. 普通变异与最大最小变异相同, 也是个体视为一个整体操作, 而不需将个体按参数分块.

3.4 混沌优化方法(Chaos optimization)

为了增强算法跳出局部最优解的能力, 本文引入了混沌优化方法. 混沌状态具有对初始值极其敏感的特点: 取不同的初值, 可得到不同轨迹的混沌变量. 根据混沌状态这一特点, 本文对于种群中的适应度值较大的个体, 即较差的个体, 采用混沌细搜索的方法, 在原个体的周围搜寻更优秀的个体. 这里采用Logistic映射形式生成混沌变量:

$$X_{n+1} = \mu X_n(1 - X_n), \quad n = 0, 1, 2, \dots, N, \quad (6)$$

其中: $0 < X_0 < 1$ (且 $X_0 \neq 0.25, 0.5, 0.75$), 取 $\mu = 4$, 则 X_n 在 $(0,1)$ 内遍历.

对于需要进行混沌细搜索的个体, 首先将其对应的各部分参数值映射到混沌变量区间, 进行混沌迭代. 若最后得到的新个体的适应度值小于原有个体, 则原有个体被新的个体代替; 否则仍使用原有个体.

3.5 混沌DNA遗传算法的实现步骤(Procedure of CDNA-GA)

Step 1 设置算法运行参数, 种群大小size, 编码长度 l , 最大规则数 D , 最大进化代数 G_{lim} , 遗传算子操作概率 p_c, p_{IA}, p_{MM}, p_m , 并初始化群体. 取当前进化代数 $t = 0$.

Step 2 计算群体中每个个体的适应度值, 并且 $t = t + 1$.

Step 3 对种群中的个体执行交叉操作, 并将新生成的个体插入原有种群中, 不删除原个体.

Step 4 对种群中的每个个体(包括Step 3中新生成的个体)依次按照变异概率执行3种变异操作, 新产生的个体将代替原有个体在种群中的位置.

Step 5 对于种群中适应度值较大的一半个体执行混沌细搜索, 若得到的新个体的适应度值小于原个体, 则新个体将代替原个体在种群中的位置; 否则仍使用原有个体.

Step 6 对种群中的所有个体执行锦标赛选择, 直到Size - 1个个体被选出进入下一代种群, 并且将上一代群体中的最优个体作为精英保留到下一代种群中.

Step 7 判断是否满足进化原则: 当前进化代数 t 等于最大进化代数 G_{lim} 或者当前代数 t 的最优个体与 $t - 1$ 代的最优个体之间的差距小于阈值 Δ . 若满足则将最优结果输出; 否则回到Step 2.

4 使用递推最小二乘法整定后件参数(Determination of consequent parameters in FRNN with RLS)

当得到一组模糊神经网络模型的前件参数后, 需要对后件参数进行辨识才能构造一个完整的神经网络. 最小二乘法是最常用的估计方法, 但由于使用最小二乘法, 不仅占用内存量大, 而且当遇到奇异矩阵或近似奇异矩阵时, 该算法无法实现参数辨识. 为了减少计算量, 减少数据在计算机中所占的存储量, 并保证系统参数的可辨识性, 本文采用递推最小二乘法来辨识后件参数 B_j , 设

$$\theta = [B_1^T \ B_2^T \ \cdots \ B_M^T]^T, \quad (7)$$

$$\psi(k) = [\phi_1 X(k)^T \ \cdots \ \phi_M X(k)^T]^T. \quad (8)$$

辨识过程如下:

$$\theta(k) = \theta(k-1) + K(k) \times [y_d(k) - \psi^T(k)\theta(k-1)], \quad (9)$$

$$K(k) = P(k-1)\psi(k) \times [\psi^T(k)P(k-1)\psi(k) + 1]^{-1}, \quad (10)$$

$$P(k) = P(k-1) - K(k)K^T(k) \times [\psi^T(k)P(k-1)\psi(k) + 1]. \quad (11)$$

5 pH中和过程仿真实验与结果(Simulation experiments and results of pH neutralization process)

pH中和过程通过反应物(碱液或酸液)来对流入物(酸液或碱液)来进行中和. 一个典型的pH中和过程机理模型及过程正常操作参数见文献[19]. 此过程模型中, 碱液 q_3 为控制量来控制pH输出值. 定义碱液 q_3 为被控对象输入 u , pH输出值 pH_4 为被控对象输出 y . 随机产生500组数据(q_3 及相应的 pH_4)作为T-S模糊神经网络的训练和测试数据. 其中300组用于模糊递归神经网络的训练, 200组用于所建模型的测试. 设混沌DNA遗传算法的参数为: 最大进化代数 $G_{lim} = 200$, 种群数size = 30, 每个参数的编码长度 $l = 10$, 交叉概率 $p_c = 0.6$, 变异概率 $p_{IA} = 0.5$, $p_{MM} = 0.5$, $p_m = 0.001$, 目标函数权重因子 $\lambda = 0.8$.

经混沌DNA遗传算法优化整定后, 得到的T-S模糊递归神经网络模型的前件部分中各输入模糊集对应的隶属度函数如图4所示. 对应的后件部分参数由递推最小二乘法辨识得到:

如果 $pH_4(k)$ 是 A_1 , 则

$$y_1(k) = -3.7128 - 0.0873u(k) - 0.002u(k-1) + 0.0005u(k-2) + 0.0087y(k-1) - 0.0028y(k-2) + 0.001y(k-3);$$

如果 $pH_4(k)$ 是 A_2 , 则

$$y_2(k) = 14.4429 - 0.0064u(k) - 0.0001u(k-1) + 0.0006y(k-1) + 0.0001y(k-2);$$

如果 $pH_4(k)$ 是 A_3 , 则

$$y_3(k) = -2.8181 - 0.1294u(k) - 0.0032u(k-1) + 0.0014u(k-2) + 0.0134y(k-1) - 0.0084y(k-2) + 0.0019y(k-3);$$

如果 $pH_4(k)$ 是 A_4 , 则

$$y_4(k) = -4.1294 + 0.1648u(k) + 0.0038u(k-1) - 0.0012u(k-2) - 0.0167y(k-1) + 0.0073y(k-2) - 0.0021y(k-3);$$

如果 $pH_4(k)$ 是 A_5 , 则

$$y_5(k) = 8.5796 + 0.0129u(k) + 0.0002u(k-1) -$$

$$0.001y(k-1) - 0.0002y(k-2) - 0.0001y(k-3).$$

因此, 据式(1)~(3)可以得到本文所建立的T-S模糊递归神经网络模型的输出. A_1 到 A_5 为模型的5个输入模糊集. 其中: A_1 代表输出液酸性最强, A_2 代表输出液酸性较强, A_3 代表输出液酸性中, A_4 代表输出液酸性较弱, A_5 代表输出液酸性最弱.

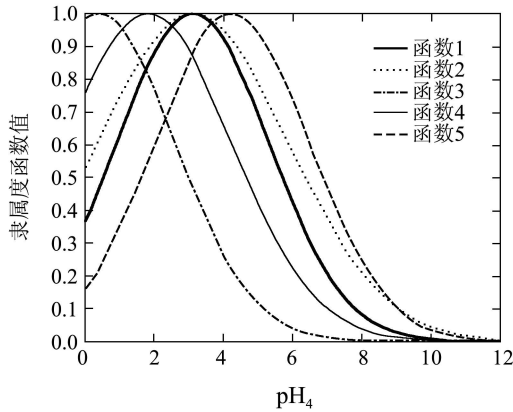


图 4 混沌DNA遗传算法优化的FRNN隶属度函数
Fig. 4 Membership function of FRNN optimized by CDNA-GA

为了测试建立模型的有效性, 使用未参与训练的200组数据作为测试数据代入所建立的模型. 建模误差如图5(a)所示. 为了说明本文方法的有效性, 将同样的测试数据带入基于遗传算法得到的模型和模糊聚类法得到的模型^[6], 得到的建模误差如图5(b)和图5(c)所示. 这些不同建模方法的最大建模误差和误差平均值列于表1.

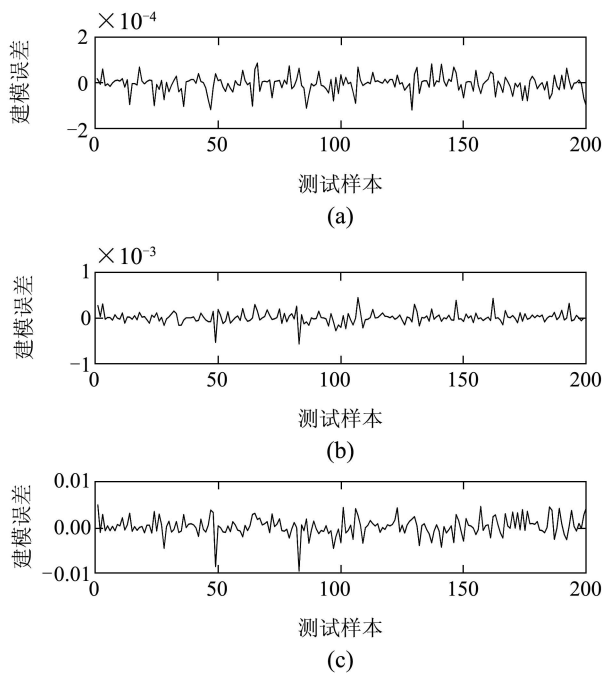


图 5 基于测试样本的不同算法的建模误差
Fig. 5 Modeling error of different algorithms based on test data

表 1 基于测试数据的不同算法的建模误差比较
Table 1 Comparison of modeling error based on test data for different algorithms

| 方法 | 最大误差 | 平均误差 |
|------------|--------------|--------------|
| 本文 | 1.2044e - 04 | 2.6713e - 05 |
| GA-FRNN | 5.7029e - 04 | 8.1412e - 05 |
| K均值聚类-FRNN | 0.0095 | 0.0015 |

由图5及表1可见, 基于同样的测试数据, 采用混沌DNA遗传算法优化的模糊递归神经网络模型较好地拟合了pH中和过程. 其最大建模误差, 与使用GA-FRNN建模误差相比, 减少了近4/5, 是K均值聚类法建模误差1/78; 其平均建模误差, 是GA-FRNN的1/3, 是K均值聚类法建模误差1/56.

6 结论(Conclusion)

本文提出了一种混沌DNA遗传算法, 用于优化T-S模糊递归神经网络的前件部分参数, 并使用递推最小二乘法来辨识T-S模糊神经网络模型的后件部分参数. 最后使用T-S模糊递归神经网络对pH中和过程进行建模, 仿真结果与其他算法得到的结果进行比较, 本文方法所建模型的误差最小, 表明了本方法的有效性. 这种建模方法可以用于解决其他复杂非线性系统的建模问题.

参考文献(References):

- [1] NIE J H, LOH A P, HANG C C. Modeling pH neutralization processes using fuzzy-neural approaches[J]. *Fuzzy Sets and Systems*, 1996, 78(1): 5 - 22.
- [2] 丛秋梅, 柴天佑, 余文. 污水处理过程的递阶神经网络建模[J]. *控制理论与应用*, 2009, 26(1): 8 - 14. (CONG Qiumei, CHAI Tianyou, YU Wen. Modeling wastewater treatment plant via hierarchical neural networks[J]. *Control Theory & Applications*, 2009, 26(1): 8 - 14.)
- [3] 白锐, 柴天佑. 碱赤泥浆流量的非线性智能PID控制[J]. *控制理论与应用*, 2009, 25(4): 783 - 786. (BAI Rui, CHAI Tianyou. Nonlinear intelligent PID control for the flowrate of red alkali slurry[J]. *Control Theory & Applications*, 2009, 25(4): 783 - 786.)
- [4] LIN C J, CHEN C H. A compensation-based recurrent fuzzy neural network for dynamic system identification[J]. *European Journal of Operational Research*, 2006, 172(2): 696 - 715.
- [5] BARBOUNISA T G, THEOCHARIS J B. A locally recurrent fuzzy neural network with application to the wind speed prediction using spatial correlation[J]. *Neurocomputing*, 2007, 70(7/9): 1525 - 1542.
- [6] 陶吉利, 王宁, 陈晓明. 基于多目标的模糊神经网络及在pH控制过程中的应用[J]. *化工学报*, 2009, 60(11): 2820 - 2826. (TAO Jili, WANG Ning, CHEN Xiaoming. Multi-objective optimization based FRNN and its application to pH control process[J]. *Journal of Chemical Industry and Engineering(China)*, 2009, 60(11): 2820 - 2826.)
- [7] 陈世明, 方华京. 一类针对带约束优化问题的进化规划算法[J]. *华中科技大学学报(自然科学版)*, 2004, 32(3): 5 - 7. (CHEN Shiming, FANG Huajing. An evolutionary programming algorithm for constrained optimal planning problems[J]. *Journal of Huazhong University of Science and Technology(Nature Science Edition)*, 2004, 32(3): 5 - 7.)

- [8] 王高平, 王永骥. 改进的多目标遗传算法在营养决策中应用[J]. 计算机工程与应用, 2007, 43(4): 198 – 206.
(WANG Gaoping, WANG Yongji. Applications of improved multiple objective genetic algorithm in nutrition decision making[J]. *Computer Engineering and Applications*, 2007, 43(4): 198 – 206.)
- [9] PARK S, BHARGAVA S, CHASE G. Fitting of kinetic parameters of NO reduction by CO in fibrous media using a genetic algorithm[J]. *Computer & Chemical Engineering*, 2010, 34(4): 485 – 490.
- [10] 马建军, 李文强, 郑志强, 等. 基于非线性控制分配的飞翼航向控制方法[J]. 飞行力学, 2009, 27(5): 29 – 32.
(MA Jianjun, LI Wenqiang, ZHENG Zhiqiang, et al. Yaw control of a flying wing aircraft based on nonlinear control allocation[J]. *Flight Dynamic*, 2009, 27(5): 29 – 32.)
- [11] 孙强, 程明. 基于模糊神经网络的双凸极永磁电机非线性建模[J]. 控制理论与应用, 2007, 24(4): 601 – 606.
(SUN Qiang, CHENG Ming. Nonlinear modeling for doubly salient permanent magnetic motor based on fuzzy neural network[J]. *Control Theory & Applications*, 2007, 24(4): 601 – 606.)
- [12] CHOI JN, OH SK, PEDRYCZ W. Identification of fuzzy models using a successive tuning method with a variant identification ratio[J]. *Fuzzy Sets and Systems*, 2008, 159(21): 2873 – 2889.
- [13] KHALED B. Genetic algorithm for the design of a class of fuzzy controller: an alternative approach[J]. *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, 2008, 8(8): 398 – 405.
- [14] 任立红, 丁永生, 邵世煌. 采用DNA遗传算法优化设计的TS模糊控制系统[J]. 控制与决策, 2001, 16(1): 16 – 20.
(REN Lihong, DING Yongsheng, SHAO Shihuang. Optimal design of TS fuzzy control system based on DNA genetic algorithm[J]. *Control and Decision*, 2001, 16(1): 16 – 20.)
- [15] TAO J L, WANG N. DNA computing based RNA genetic algorithm with applications in parameter estimation of chemical engineering processes[J]. *Computers & Chemical Engineering*, 2007, 31(12): 1602 – 1618.
- [16] CHEN X, WANG N. A DNA based genetic algorithm for parameter estimation in the hydrogenation reaction[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2009, 150(2/3): 527 – 535.
- [17] 杨海东, 鄂加强. 自适应变尺度混沌免疫优化算法及其应用[J]. 控制理论与应用, 2009, 26(10): 1069 – 1074.
(YANG Haidong, E Jiaqiang. An adaptive chaos immune optimization algorithm with mutative scale and its application[J]. *Control Theory & Applications*, 2009, 26(10): 1069 – 1074.)
- [18] 宋莹, 陈增强, 袁著祉. 基于混沌优化的非线性预测控制器[J]. 控制理论与应用, 2007, 24(4): 561 – 564.
(SONG Ying, CHEN Zengqiang, YUAN Zhuzhi. A nonlinear predictive controller based on chaos optimization[J]. *Control Theory & Applications*, 2007, 24(4): 561 – 564.)
- [19] NAHAS EP, HENSON MA, SEBORG DE. Nonlinear internal model control strategy for neural network models[J]. *Computers & Chemical Engineering*, 1992, 16(12): 1039 – 1057.

作者简介:

陈霄 (1981—), 女, 讲师, 博士, 目前研究方向为仿生智能算法, E-mail: chenxiao@hdu.edu.cn;

王宁 (1961—), 男, 教授, 博士生导师, 通讯作者, 主要研究方向为生物计算与智能系统、计算机控制与优化等, Email: nwang@iipc.zju.edu.cn.