

文章编号: 1001-0920(2013)08-1268-05

## 一种基于量子遗传算法的扩展 T-S 模型辨识

李 浩, 李士勇

(哈尔滨工业大学 控制科学与工程系, 哈尔滨 150001)

**摘 要:** 在传统 T-S 模型的基础上, 提出一种扩展 T-S 模型. 该模型由一组模糊规则组成, 由规则前件实现输入空间的划分, 将成员函数及其函数变换引入规则后件以实现输入子空间的非线性映射. 对于该模型的建立, 使用改进量子遗传算法优化规则前件, 递推最小二乘法确定规则后件参数. 通过对两个典型非线性系统辨识, 仿真结果表明了该模型可以显著提高辨识精度, 且具有很好的泛化性能.

**关键词:** 扩展 T-S 模型; 模糊规则; 成员函数; 量子遗传算法; 递推最小二乘法

**中图分类号:** TP273

**文献标志码:** A

## An expanded T-S model identification based on quantum genetic algorithm

LI Hao, LI Shi-yong

(Department of Control Science and Engineering, Harbin Institute of Technology, Harbin 150001, China.  
Correspondent: LI Hao, E-mail: hblh198095@163.com)

**Abstract:** An expanded T-S model is proposed based on the conventional T-S model. This model is comprised of a set of fuzzy rules. According to the premise part of the rules, the input space can be partitioned, and the membership values and their transformations are introduced in the consequent part of the rules to express the nonlinear mapping relation in the input subspace. To construct the model, the improved quantum genetic algorithm is used to optimize the premise part of the rules, and the recursive least squares method is used to determine the parameters in the consequent part of the rules. Through the identification of two nonlinear systems, simulation results show that the proposed model can improve the approximation accuracy and have excellent generalization ability.

**Key words:** expanded T-S model; fuzzy rule; membership value; quantum genetic algorithm; recursive least squares method

### 0 引 言

模糊系统因其具有良好的非线性逼近性能及其规则的可理解性和可解释性而受到了广泛的关注. T-S 模型<sup>[1]</sup>是一种常用的模糊模型, 它由一组模糊规则组成, 每一条规则对应输入变量相对于输出变量的线性子空间, 通过成员函数(即隶属度函数)将各线性子空间平滑地组合成一个复杂的系统模型. 该模型可以用较少的规则表示复杂的系统特性.

文献 [2-3] 基于“模糊函数”(FF)<sup>[4]</sup>的概念, 将输入输出空间划分为多个子空间, 每个子空间分别构建输入输出的映射函数, 从而得到更好的辨识精度. 该思路类似于传统模糊系统的构建. 对于子空间映射函数

的建立, 该文献指出, 将输入变量相对于各子空间的成员函数用于对输出变量的表示, 可以有效地减小辨识误差.

本文借鉴文献 [2] 的思想, 在传统 T-S 模型的基础上, 提出一种扩展 T-S 模型. 该模型由多条模糊规则组成, 通过规则前件实现对输入空间的划分, 规则后件将输入变量相对于该规则的成员函数及其函数变换与输入变量共同表达输出变量. 对于模型的建立, 用改进的量子遗传算法<sup>[5]</sup>优化规则前件, 用递推最小二乘法辨识规则的后件参数. 最后通过两个仿真实验表明了所提出的模型具有很高的辨识精度和很好的泛化性能.

收稿日期: 2012-03-14; 修回日期: 2012-05-08.

基金项目: 国家自然科学基金项目(60773065).

作者简介: 李浩(1980—), 男, 博士生, 从事智能优化、智能控制的研究; 李士勇(1943—), 男, 教授, 博士生导师, 从事智能优化、智能控制等研究.

## 1 T-S 模糊模型

T-S 模型是一种常用的模糊模型,它使用多条模糊规则描述系统的动态行为.第*i*条规则表示为

$$R^i: \text{if } x_1 \text{ is } A_1^i, x_2 \text{ is } A_2^i, \dots, x_m \text{ is } A_m^i, \\ \text{then } y^i = P_0^i + P_1^i x_1 + P_2^i x_2 + \dots + P_m^i x_m.$$

其中:  $i = 1, 2, \dots, c$ ,  $c$  为规则数目;  $x = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$  为输入变量;  $A_j^i$  为模糊集合;  $y^i$  为规则的输出;  $P_j^i$  为结论参数.给定一组输入变量,模型输出为

$$y = \frac{\sum_{i=1}^c \mu_i y^i}{\sum_{i=1}^c \mu_i}, \quad (1)$$

$$\mu_i = A_1^i(x_1) \cdot A_2^i(x_2) \cdot \dots \cdot A_m^i(x_m). \quad (2)$$

通常选取模型输出值相对于系统实际输出量测值的误差均方值MSE作为评价模型精度的标准,即

$$\text{MSE} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y_i - \hat{y}_i)^2. \quad (3)$$

其中:  $N$  为训练样本数目,  $y_i$  为第*i*个样本的实际输出值,  $\hat{y}_i$  为第*i*个样本的模型输出值.

## 2 改进量子遗传算法 (IQGA)

量子遗传算法(QGA)是一种基于量子计算的智能优化算法<sup>[6-7]</sup>.算法中信息处理的最小单位是量子位(qubit),一个量子位可以表示为  $|\Psi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle$ .其中:  $\alpha$  和  $\beta$  分别为  $|0\rangle$  和  $|1\rangle$  的概率幅,  $|\alpha|^2$  和  $|\beta|^2$  分别为量子态  $|\Psi\rangle$  塌缩到  $|0\rangle$  和  $|1\rangle$  的概率.同时,每个量子位也可以用相平面中的一个角度  $\theta$  来唯一标识,即  $|\Psi\rangle = \cos\theta|0\rangle + \sin\theta|1\rangle$ .

算法用  $n$  个量子位来表示一条染色体,使得一条染色体可以同时表示为  $2^n$  个基本态的叠加.通过测量得到二进制解,利用量子旋转门实现染色体的更新.旋转门操作的具体实现为

$$\begin{bmatrix} \alpha'_i \\ \beta'_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\Delta\theta_i) & -\sin(\Delta\theta_i) \\ \sin(\Delta\theta_i) & \cos(\Delta\theta_i) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \alpha_i \\ \beta_i \end{bmatrix}, \quad (4)$$

对应角度

$$\theta'_i = \theta_i + \Delta\theta_i. \quad (5)$$

其中:  $i$  为第*i*个量子位,  $\Delta\theta_i$  为旋转门的旋转角度.反复执行测量与旋转门更新操作,最终算法收敛,实现了对目标函数的寻优.

对于旋转门的转角,可通过下式确定<sup>[5]</sup>:

$$\Delta\theta_i = (\theta_{bi} - \theta_i) \cdot r. \quad (6)$$

其中:  $\theta_{bi}$  为当前最优二进制解第*i*位的角度,当该位为“0”或“1”时,相应角度分别为“0”或“ $\pi/2$ ”;  $\theta_i$  为量子染色体第*i*位所对应角度;  $r$  为旋转角的调整系数,定义为

$$r = (k/M + h) \cdot l. \quad (7)$$

这里,  $k$  为当前种群中的第*k*个个体;  $M$  为种群规模;

$h$  和  $l$  均为常数,文中取  $h = 0.01$ ,  $l = 0.1$ .通过  $r$ , 种群中各个体可以按不同的速度向最优解进化,以实现局部收敛和全局收敛的平衡.

最后,引入染色体变异操作.按照变异概率  $p_m$  随机选取量子位,对选中的量子位施加量子非门变换,使该量子位的两个概率幅互换,对应的角度由  $\theta$  变为  $\pi/2 - \theta$ .通过变异操作,可以突破早熟收敛,增加种群多样性.

## 3 扩展 T-S 模型

### 3.1 扩展 T-S 模型的原理

对于系统建模问题,文献[4]提出了“模糊函数”的概念,针对一个输入输出系统,可以构建一个函数,使该函数的值与相同输入情况下系统的输出值尽可能相似.文献[2-3]指出,将输入输出空间划分为多个子空间,分别对每个子空间构建模糊函数,可以得到更好的辨识结果;同时还指出,将输入变量相对于子空间的成员函数用于各子空间中对输出变量的表示,可以减小辨识误差.基于该思路,文献[2-3]提出先用聚类方法将训练样本聚类,对于生成的各个簇,将各样本相对于该簇的成员函数及其简单函数进行变换,然后再与输入变量共同形成一个线性方程来表示输出变量.

文献[2-3]提出的辨识方法未使用传统的模糊规则形式,该方法直接用聚类所得成员函数表示各子空间的映射关系,辨识过程简单,无需设计者具备专门的模糊理论知识.但该方法存在以下缺点:

1) 该方法主要针对现有的训练样本构建输入输出变量间的函数关系,而不是描述整个系统的动态关系.对于训练样本之外的输入,不能直接方便地推理得到系统输出.文献[3]提出的推理方法相对复杂,而且推理过程做出的近似和假设,使得其精度和可靠性不易得到保证.

2) 聚类算法基于空间距离的相似性实现聚类,不能有效反映样本中输入与输出之间的联系.

3) 该方法以模糊函数的形式表示,不具有良好的可理解性和可解释性等.

考虑到文献[2-3]方法与传统模糊模型的诸多相似性,本文借鉴该方法的特点,基于传统T-S模型,提出一种扩展T-S模型.该模型由一组模糊规则构成,其第*i*条模糊规则为

$$R^i: \text{if } x_1 \text{ is } A_1^i, x_2 \text{ is } A_2^i, \dots, x_m \text{ is } A_m^i, \\ \text{then } y^i = f(x).$$

对于每条规则,规则前件对应于输入空间的一个模糊子空间,规则后件  $f(\cdot)$  表示在该子空间中输入与输出变量之间的函数关系.在本文中,定义附加变

量  $\tau_i$ , 该变量与原输入变量共同组成对输出变量的线性函数  $y^i = [1 \ x \ \tau_i]P^i$ .  $\tau_i$  包括输入变量隶属于该规则对应模糊子空间的成员函数及其简单函数变换, 函数变换可根据实际情况取为幂函数、指数函数、对数函数等. 本文选取  $\tau_i = [\mu_i \ln((1 - \mu_i)/\mu_i)]$ , 则规则后件可以表示为

$$y^i = [1 \ x \ \tau_i]P^i = [1 \ x_1 \ \cdots \ x_m \ \mu_i \ \ln((1 - \mu_i)/\mu_i)] \times [P_0^i \ P_1^i \ \cdots \ P_m^i \ P_{m+1}^i \ P_{m+2}^i]^T. \quad (8)$$

该模型规则前件部分的结构类似于传统 T-S 模型, 不同之处在于规则后件的线性方程中加入了成员函数及其简单函数变换. 由于成员函数及其函数变换均为输入变量的非线性函数, 模糊规则后件可实现输入变量相对于输出变量的非线性映射. 该模型可视为传统 T-S 模型的扩展, 同样可以满足万能逼近定理, 实现对系统的任意精度辨识.

### 3.2 模型的建立

对于模糊模型的建立, 常用的方法是先利用模糊聚类算法(如模糊  $C$  均值算法)将样本数据聚类以实现输入空间的划分, 由聚类结果生成模糊规则前件, 然后用参数辨识方法确定规则后件参数. 考虑到模糊  $C$  均值算法本质上是一种基于梯度的算法, 易陷入局部极值而难以实现对输入空间的有效划分, 而且在系统辨识中, 规则前件和后件的辨识是密切相关、相互影响的, 将它们分别处理必将产生不利影响. 本文将 IQGA 与递推最小二乘法相结合, IQGA 中每条染色体编码表示一个模糊模型的规则前件, 模型的规则后件由递推最小二乘法确定, 于是每条染色体可以分别对应一个确定的模糊模型. 通过算法对模型的整体优化来实现建模的目的.

设输入变量为  $x = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$ , 模型输出

$$y = \sum_{i=1}^c \mu_i y^i / \sum_{i=1}^c \mu_i, \quad (9)$$

$$\mu_i = A_1^i(x_1) \cdot A_2^i(x_2) \cdots A_m^i(x_m). \quad (10)$$

令

$$\omega_i = \mu_i / \sum_{j=1}^c \mu_j, \quad (11)$$

则模型输出为

$$y = \sum_{i=1}^c \omega_i y^i = \sum_{i=1}^c \omega_i (P_0^i + P_1^i x_1 + P_2^i x_2 + \cdots + P_m^i x_m + P_{m+1}^i \mu_i + P_{m+2}^i \ln((1 - \mu_i)/\mu_i)) = [\omega_1 \ \omega_1 x_1 \ \cdots \ \omega_1 x_m \ \omega_1 \mu_1 \ \omega_1 \ln((1 - \mu_1)/\mu_1) \cdots$$

$$\omega_c \ \omega_c x_1 \ \cdots \ \omega_c x_m \ \omega_c \mu_c \ \omega_c \ln((1 - \mu_c)/\mu_c)] \times [P_0^1 \ P_1^1 \ \cdots \ P_m^1 \ P_{m+1}^1 \ P_{m+2}^1 \ \cdots \ P_0^c \ \cdots \ P_m^c \ P_{m+1}^c \ P_{m+2}^c]^T. \quad (12)$$

对于  $N$  组输入输出数据, 系统以矩阵形式表示为

$$Y = X'P. \quad (13)$$

其中:  $P$  为  $L = c(m + 3)$  维的待辨识参数矩阵,  $X'$ 、 $Y$  分别为  $N \times L$ 、 $N \times 1$  的矩阵.

建模过程首先对规则前件参数编码以产生染色体. 对于模型前件语言变量, 采用三角形隶属函数

$$A_j^i(x_j) = \max\{0, 1 - |x_j - a_j^i|/b_j^i\}, \quad (14)$$

其中  $a_j^i$  和  $b_j^i$  分别为前件语言变量的中心和宽度. 对模型中所有  $a_j^i$  和  $b_j^i$  编码, 共包括  $2mc$  个待优化参数, 每个参数由  $B$  位二进制串组成, 则每条染色体长度为  $2mcB$ . 生成的每条染色体均对应一个模糊系统的规则前件, 实现了模糊空间的划分. 进一步, 在规则前件确定的情况下, 用递推最小二乘法辨识规则后件参数. 令  $x'_d$ 、 $y_d$  表示  $X'$ 、 $Y$  第  $d$  行的行向量, 算法具体实现如下:

$$S_{d+1} = S_d - \frac{S_d \cdot x'_{d+1} \cdot x'_{d+1} \cdot S_d}{1 + x'_{d+1} \cdot S_d \cdot x'_{d+1}}, \quad (15)$$

$$P_{d+1} = P_d + S_d \cdot x'_{d+1} \cdot (y_d - x'_{d+1} \cdot P_d), \quad (16)$$

其中  $d = 0, 1, \dots, N - 1$ . 初始条件为:  $P_0 = 0$ ,  $S_0 = aI$ ,  $a$  一般为大于 10000 的正数. 模型前后件均确定后, 即得到一个确定的模糊模型. 由于算法中对于每个个体表示的规则前件均可以用递推最小二乘法确定规则后件参数, 即每个个体可以对应一个确定的模糊模型, 通过算法优化可以实现对模型的整体优化, 进而得到一个整体意义上最优的模糊模型. 模型性能采用 MSE 评价函数, 算法中染色体适应度函数取为  $F = 10 - \text{MSE}$ . 具体辨识步骤可描述如下:

1) 令  $t = 1$ , 生成初始种群  $Q(t)$ , 种群包括  $M$  个量子染色体  $\theta_1^T, \theta_2^T, \dots, \theta_M^T$ , 每个染色体长度为  $n = 2mcB$ , 即  $\theta_j^T = [\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_n]$ . 所有量子位角度均取为  $\theta = \pi/4$ , 表示初始化时所有状态以相同概率进行叠加.

2) 测量各个体  $\theta_j^T$ , 得到长度为  $n$  的二进制串  $p_j^t$ , 进而形成二进制串构成的种群  $P(t)$ .

3) 将  $P(t)$  中个体分别解码构成模糊规则前件, 再用递推最小二乘法计算出模型后件, 每条染色体即对应一个确定的模糊模型.

4) 计算每个模型的 MSE 值, 进而计算其对应的染色体适应度值以评价  $P(t)$  中的所有个体, 并与当前保留的最优个体比较, 得到新的最优个体 best, 若满足终止条件, 则终止算法.

5) 令  $t = t + 1$ .

- 6) 按照式 (6) 生成旋转角, 采用量子旋转门更新  $Q(t-1)$ , 产生  $Q'(t-1)$ .
- 7) 执行量子变异操作, 得到  $Q(t)$ .
- 8) 返回步骤 2).

#### 4 实验仿真

为了验证模型的有效性, 将其用于两个典型非线性系统的辨识.

**实验 1** Box-Jenkins 煤气炉数据<sup>[8]</sup>由 296 对输入输出量测值组成, 输入量  $u_k$  为煤气气体的流速, 输出量  $y_k$  为二氧化碳的浓度, 采样间隔为 9s. 选择  $y(t-1)$ 、 $u(t-3)$  为输入变量,  $y(t)$  为输出变量, 用本文的方法建立模糊模型. IQGA 算法种群规模为 50, 迭代次数为 1000, 变异概率为  $p_m = 0.01$ . 为比较模型性能, 同时用 T-S 模型对该系统建模, 实验选用不同的规则数目, 所得结果如表 1 所示.

表 1 两种模型性能比较

规则数目	2	3	4	5
MSE (T-S 模型)	0.1206	0.1059	0.0982	0.0948
MSE (本文模型)	0.1116	0.0926	0.0861	0.0745

由仿真结果可以看出, 在规则数目相同的情况下, 该模型辨识精度均优于 T-S 模型. 即使在规则数少于 T-S 模型的情况下, 该模型往往也能得到与 T-S 模型类似甚至更优的精度, 充分表明了该模型具有比 T-S 模型更好的辨识性能. 图 1 所示为选取 3 条模糊规则时模型的输出以及实际系统的输出, 对应的模型误差如图 2 所示.

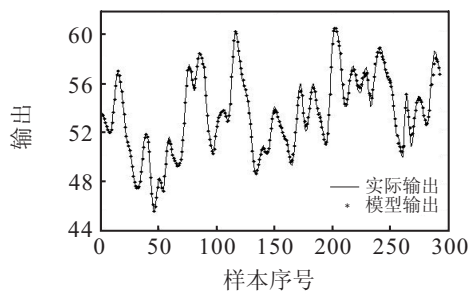


图 1 模型输出值与真实值比较

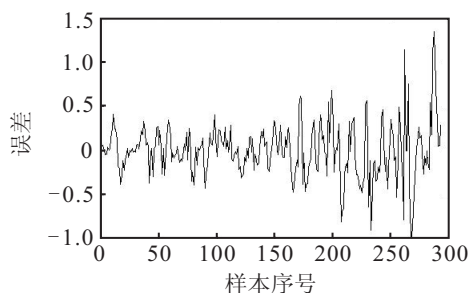


图 2 模型误差曲线

**实验 2** 样本数据由如下双输入单输出非线性函数生成<sup>[9]</sup>:

$$y = (1 + x_1^{-2} + x_2^{-1.5})^2, \quad (17)$$

其中  $x_1, x_2 \in [1, 5]$ . 随机生成 50 组训练样本, 用本文提出的模型进行辨识. 模型包括 3 条规则, 使用 IQGA 算法, 种群规模为 50, 迭代次数为 1000, 变异概率为  $p_m = 0.01$ . 模型输出与实际输出如图 3 所示, 模型误差如图 4 所示.

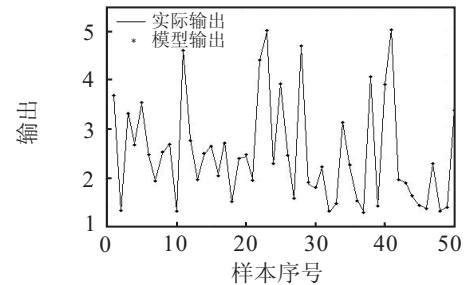


图 3 模型输出值与真实值比较

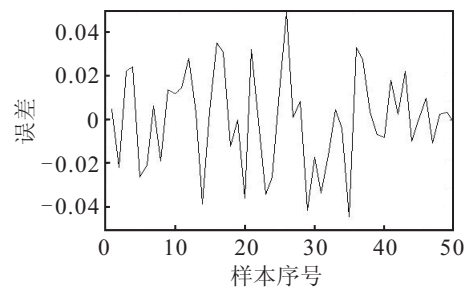


图 4 模型误差曲线

为检验该模型的泛化性能, 根据该函数生成 50 组检验样本, 将检验样本输入模糊模型, 模型输出的 MSE 值为 0.0074, 模型误差如图 5 所示.

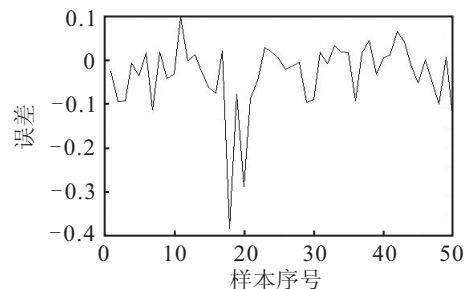


图 5 模型误差曲线

由仿真结果可以看出, 本文模型不仅具有很高的辨识精度, 而且具有很好的泛化能力.

#### 5 结论

本文提出了一种扩展 T-S 模糊模型. 该模型由一组模糊规则组成, 通过规则前件实现对输入空间的模糊划分, 将成员函数及其简单函数变换引入规则后件以实现输入子空间的非线性映射. 对于该模型的建立, 将改进量子遗传算法与递推最小二乘法相结合, 由量子染色体编码规则前件, 用递推最小二乘法确定规则后件参数, 由算法实现对模型的整体优化. 将该

模型用于两个典型非线性系统辨识, 仿真结果表明, 该模型具有比 T-S 模型更好的辨识性能, 而且对于训练样本之外的其他样本也具有很好的泛化性能。

### 参考文献(References)

- [1] Takagi T, Sugeno M. Fuzzy identification of systems and its applications to modeling and control[J]. IEEE Trans on Systems, Man, and Cybernetics, 1985, 15(1): 116-132.
- [2] Turksen I B. Fuzzy functions with LSE[J]. Applied Soft Computing, 2008, 8(3): 1178-1188.
- [3] Celikyilmaz A, Turksen I B. Enhanced fuzzy system models with improved fuzzy clustering algorithm[J]. IEEE Trans on Fuzzy Systems, 2008, 16(3): 779-794.
- [4] Demirci M. Fuzzy functions and their fundamental properties[J]. Fuzzy Sets and Systems, 1999, 106(2): 239-246.
- [5] 李士勇, 李浩. 一种基于相位比较的量子遗传算法[J]. 系统工程与电子技术, 2010, 32(10): 2219-2222.
- (Li S Y, Li H. Quantum genetic algorithm based on phase comparison[J]. System Engineering and Electronics, 2010, 32(10): 2219-2222.)
- [6] Han K H, Kim J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problems[C]. Proc of the 2000 IEEE Congress on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Press, 2000: 1354-1360.
- [7] Han K H, Kim J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(6): 580-593.
- [8] Box G E P, Jenkins G M. Time series analysis, forecasting and control[M]. San Francisco: Holden Day, 1970.
- [9] Sugeno M, Yasukawa T. A fuzzy-logic-based approach to qualitative modeling[J]. IEEE Trans on Fuzzy Systems, 1993, 1(1): 7-31.
- 
- (上接第1267页)
- [4] Fleischmann M, Krikke H R, Dekker R, et al. A characterization of logistics networks for product recovery[J]. J of Operations Management, 2003, 21(3): 259-279.
- [5] Choi S C. Price competition in a channel structure with a common retailer[J]. Marketing Science, 1991, 10(4): 271-296.
- [6] Choi S C. Price competition in a duopoly common retailer channel[J]. J of Retailing, 1996, 72(2): 117-134.
- [7] Seong Y P, Hean T K. Modelling hybrid distribution channels: A game-theoretic analysis[J]. J of Retailing and Consumer Services, 2003, 10(3): 155-167.
- [8] Bhatnagar R, Sohal A S. Supply chain competitiveness: Measuring the impact of location factors, uncertainty and manufacturing practices[J]. Technovation, 2005, 25(5): 443-456.
- [9] Daganzo C F. On the stability of supply chains[J]. Operations Research, 2004, 52(6): 909-921.
- [10] Paul R K, Germaine H S. Managing disruption risks in supply chains[J]. Production and Operations Management, 2005, 14(1): 53-68.
- [11] Nagatani T, Helbing D. Stability analysis and stabilization strategies for linear supply chains[J]. Physica A, 2004, 35(3/4): 644-660.
- [12] Gunasekaran A, Patel C, McGaughey R E. A framework for supply chain performance measurement[J]. Int J of Production Economics, 2004, 87(3): 333-347.
- [13] 黄祖庆, 达庆利. 直线型再制造供应链决策结构的效率分析[J]. 管理科学学报, 2006, 9(4): 51-57.  
(Huang Z Q, Da Q L. Study on efficiency of serial supply chains with remanufacture[J]. J of Management Sciences in China, 2006, 9(4): 51-57.)
- [14] 赵树宽, 赵鹏飞. 中国汽车业技术供应链技术效率评价研究[J]. 中国软科学, 2010(10): 172-179.  
(Zhao S K, Zhao P F. A study to evaluate the technical efficiency of technological supply chain in chinese auto-Industry[J]. China Soft Science, 2010(10): 172-179.)
- [15] Davenport T H. Putting the enterprise into the enterprise system[J]. Harvard Business Review, 1998, 76(4): 121-131.