

中图分类号: V233.4

论文编号 1028707 19-B001

学科分类号: 082304

博士学位论文

航空发动机诊断与参数辨识多群体 协同遗传算法研究

研究生姓名	关晓颖
学科、专业	载运工具运用工程
研究方向	智能诊断及专家系统
指导教师	陈 果 教授

南京航空航天大学

研究生院 民航学院

二〇一九年二月

Nanjing University of Aeronautics and Astronautics
The Graduate School
College of Civil Aviation

Research on multi-population collaborative
genetic algorithm for aeroengine diagnosis and
parameter identification

A Thesis in
Vehicle Operation Engineering

By

Guan Xiaoying

Advised by
Prof. Chen Guo

Submitted in Partial Fulfillment

of the Requirements

for the Degree of

Doctor of Philosophy

Feb, 2019

承诺书

本人声明所呈交的博士学位论文是本人在导师指导下进行的研究工作及取得的研究成果。除了文中特别加以标注和致谢的地方外，论文中不包含其他人已经发表或撰写过的研究成果，也不包含为获得南京航空航天大学或其他教育机构的学位或证书而使用过的材料。

本人授权南京航空航天大学可以将学位论文的全部或部分内容编入有关数据库进行检索，可以采用影印、缩印或扫描等复制手段保存、汇编学位论文。

（保密的学位论文在解密后适用本承诺书）

作者签名：

日期： 年 月

摘 要

随着科学和工程技术迅速发展,系统和设备的复杂性越来越大,对设备的故障机理、故障模式分析也越来越复杂,迫切需要大力发展智能故障诊断技术,能够从收集到的信息中进行学习,自主分析及挖掘出有利于诊断的信息,实现智能诊断。我国航空发动机的自主研发,对建模、参数辨识、健康管理等技术也提出了智能化的要求。本文将计算智能和机器学习等人工智能方法应用到航空发动机领域,结合这个领域的实际背景及需求,围绕多群体遗传算法及其在航空发动机领域具有更好更广的适用性展开研究,包括遗传算法的改进、多群体遗传算法的迁移策略、特征模式的挖掘和自适应参数域调整等,主要内容如下:

(1) 提出用于特征选择的多群体多准则差分遗传算法。首先,提出差分遗传算法,以简单遗传算法为基础,结合 ReliefF 算法、类间距离与类内距离、频繁组合等多准则、以及差分策略设计遗传算子,实现对遗传算法的改进,克服简单遗传算法的早熟现象,并有利于选出适应度高且具有重要特征的个体;其次,采用多群体共同执行特征选择,设定进化到一定的代数后,各群体交流当前的最优个体,并从中挖掘出有效的特征模式,各群体共享这个特征模式,实现各群体可靠优良模式的传播。最后,通过仿真实例和 UCI 数据集对算法进行验证,并且与其他算法从收敛速度、种群均值、解的可靠性和稳定性进行比较,验证算法的有效性及其优势。

(2) 提出自适应参数域多群体协同优化遗传算法。首先,对简单遗传算法的变异算子进行改进,采用了差分变异和均匀变异相结合的方法,实现区间外探索和区间内开发,具有求泛和求精的能力;其次,采用多群体协同并定期交流挖掘出包含高质量解的区域,设计自适应调整参数域方法,实现参数域的动态调整,由于参数取值区间不断在变化,将大大提高算法的效率。变异算子的改进及结合多群体,有助于解决当参数正确值不包含在给定的初始取值区间内,导致找不到正确值的问题,从而降低了对参数初始取值区间的准确度要求;最后,采用 8 个标准函数(高维的单峰函数和多峰函数)对算法的性能进行验证。通过观察算法运行过程中参数区间的自适应调整过程,验证参数域自适应调整思路的正确性;并与其他算法在最优解、平均值、标准差和收敛速度等方面的比较,验证算法的优越性。

(3) 针对航空发动机滚动轴承故障信号的多维特征选择展开研究。航空发动机故障诊断首先面临大量故障特征,特征的冗余性和互斥性对于故障诊断的精度具有很大的影响,因此,如何提取和选择重要的“纯”特征子集对于提高故障诊断的精度和效率具有重要意义。本文将多群体多准则差分遗传算法应用于航空发动机滚动轴承故障特征选择,除了各群体的阶段性成果中挖掘有效的特征模式外,还处理特征模式中存在的极强相关性,从而获得更“纯”的特征模式传递给后代,指导后代向更优的方向进化,并且使得最终找到具有高分类准确率的特征子集,同时该特征子集特征间的差异大。最后,采用航空发动机滚动轴承故障模拟实验获得故障的样

本集，验证算法的有效性。

(4) 航空发动机动力学参数辨识是建立准确的动力学模型的基础，参数辨识的准确度对模型计算精度有很大的影响。然而，在实际的工程应用中，参数的取值区间不太容易准确定义，很多情况下会根据经验来给出。为了减小取值区间准确度对参数辨识结果的影响，本文将自适应参数域多群体协同优化遗传算法应用于航空发动机动力学模型参数辨识技术，在考虑参数初始取值区间不确定的情况下，研究振动模态参数辨识和转子系统连接刚度识别问题，并用试验和仿真数据对新方法的辨识结果进行了验证和分析，验证算法在工程应用中的效果。

关键词：多群体遗传算法；协同优化；特征选择；航空发动机；滚动轴承；智能诊断；自适应参数域；模态分析；连接刚度；参数辨识

ABSTRACT

With the rapid development of science and engineering technology, the complexity of systems and equipment is increasing, and the analysis of equipment failure mechanisms and failure modes is becoming more and more complex. It is therefore quite necessary to strengthen the development of intelligent fault diagnosis technology, which could automatically find out significant features for further diagnoses through analysing the collected faults, acquire the features, and thus achieve intelligent diagnosis. The independent research and development of aero-engines in China has also put forward intelligent requirements for modeling, parameter identification, and health management technologies. In this paper, artificial intelligence methods such as computational intelligence and machine learning are applied to the field of aero-engine. In combination with the practical background and requirements of this field, the research is focused on the multi-population genetic algorithm and its application in the field of aero-engine, including the improvement of genetic algorithm, the migration strategy of multi-population genetic algorithm, the mining of feature patterns and the adjustment of adaptive parameter domain, etc. The main contents are as follows:

(1) A multiple differential genetic algorithm with multi-criteria evaluation for feature selection is proposed. Firstly, the differential genetic algorithm is suggested. Based on the simple genetic algorithm, the differential genetic algorithm is improved by designing the genetic operators in combination with ReliefF algorithm, inter-class distance and intra-class distance, frequent combination and differential strategy, which overcomes the limitation of the premature of simple genetic algorithm and facilitates the selection of individuals with high fitness and important features. Secondly, the multi-population differential genetic algorithm is applied to the feature selection, in which each population shares the current best individual after the evolution with short-iterations, uses it in searching for the effective feature pattern and thus achieves the spread of good and reliable models obtained from multi-population. Finally, the algorithm is verified by simulation experiments and UCI data sets. In addition, the effectiveness and advantages of the algorithm proposed is also compared with those of other algorithms in terms of convergence speed, population mean value, reliability and stability.

(2) An adaptive adjustment parameter domain with multiple genetic algorithms is proposed. Firstly, the method of combining differential variation and uniform variation is adopted to improve the mutation operator of simple genetic algorithm, which realizes the exploration outside the interval

and the development within the interval and, which could achieve both generalization and refinement. Secondly, multi-population collaboration is introduced and the interval containing high-quality solutions is excavated through regular communication. At the same time, the adaptive adjustment parameter domain method is designed to realize the dynamic adjustment. As the parameter value range is constantly changing, the efficiency of the algorithm will be greatly improved. The improvement of the mutation operator and the combination of multi-population can help solve the problem that when the correct value of the parameter is not included in the given initial interval, the correct value cannot be found, and the accuracy requirement for the initial value range of the parameter is reduced. Finally, the performance of the algorithm is verified by eight standard functions (high-dimensional unimodal functions and multi-peak functions). By observing the adaptive adjustment process of the parameter interval during the algorithm operation, the correctness of the parameter domain adaptive adjustment method is verified. Compared with other algorithms in the aspects of optimal solution, mean value, standard deviation and convergence speed, the superiority of the algorithm is verified.

(3) The multi-dimensional feature selection of aero-engine rolling bearing fault signal is studied. A trouble with the eroengine fault diagnosis is that it has to deal with a large number of fault features, whose redundancy and mutual exclusion have a great impact on the accuracy of fault diagnosis. Therefore, how to extract and select the important "pure" feature subset is of great significance for improving the accuracy and efficiency of fault diagnosis. In this paper, multiple differential genetic algorithm with multi-criteria evaluation is applied to the fault feature selection of aero-engine rolling bearings. In addition to mining effective feature patterns from the phase results of each population, the algorithm also deals with the strong correlations in the feature patterns, so that more "pure" feature patterns are passed to the offspring and guide the descendants to evolve for a higher efficiency and accuracy until a subset of features with high classification accuracy is found, and the difference between features in the feature subset is significant. Finally, the eroengine rolling bearing fault simulation experiments are conducted to obtain the fault sample set, which prove the effectiveness of the algorithm.

(4) Aeroengine dynamics parameter identification is the basis for establishing accurate dynamic models. The accuracy of the parameter identification has a great effect on the accuracy of model calculation. However, in practical engineering applications, the accurate parameter range is not easy to define. In many cases, it could only be constructed out of experience. In order to reduce the impact of initial parameter interval accuracy on the identification results, this paper applies the adaptive

adjustment parameter domain with multiple genetic algorithms to the aeroengine dynamic model parameter identification practice. Taking into consideration the initial interval uncertainty of the optimization parameters, the vibration modal parameter identification and the connection stiffness identification of the rotor system are studied. The identification results of the proposed method are verified and analyzed with experimental and simulation data, and its application in engineering is illustrated.

Keywords: Multi-population genetic algorithm; Collaborative optimization; Feature selection; Aeroengine; Rolling bearing; Intelligent diagnosis; Adaptive parameter domain; Modal analysis; Connection stiffness; Parameter identification

目 录

第一章 绪论	1
1.1 研究背景及意义	1
1.2 研究现状	2
1.2.1 遗传算法的研究现状	2
1.2.2 多群体遗传算法的研究现状	5
1.2.3 自适应参数域遗传算法的研究现状	6
1.2.4 遗传算法在工程中的研究现状	7
1.3 本论文的主要研究内容及安排	10
第二章 特征选择的多群体多准则差分遗传算法	12
2.1 引言	12
2.2 特征选择基本原理	12
2.2.1 特征的评价准则	12
2.2.2 特征选择方法	13
2.2.3 遗传算法在特征选择中的实现技术	13
2.3 特征选择的多群体多准则差分遗传算法	15
2.3.1 ReliefF 算法	17
2.3.2 特征模式	17
2.3.3 多准则差分遗传算法	18
2.4 算例验证	20
2.4.1 算例 1 仿真数据	20
2.4.2 算例 1 的结果及分析	20
2.4.3 UCI 数据集	25
2.4.4 UCI 数据集的结果及分析	26
2.5 本章小结	29
第三章 自适应参数域多群体协同优化遗传算法	30
3.1 引言	30
3.2 自适应参数域多群体协同优化遗传算法	30
3.2.1 算法特点	30
3.2.2 算法流程	31

3.2.3 关键技术.....	32
3.3 算例验证.....	34
3.3.1 参数设置.....	36
3.3.2 实验结果及分析.....	36
3.4 本章小结.....	46
第四章 MUL-MEDGA 方法在航空发动机智能诊断特征选择中的应用.....	47
4.1 引言.....	47
4.2 航空发动机滚动轴承故障特征选择研究.....	47
4.2.1 航空发动机滚动轴承故障振动信号特征提取.....	47
4.2.2 航空发动机滚动轴承故障模拟实验.....	51
4.2.3 基于多群体多准则差分遗传算法的滚动轴承故障特征选择.....	53
4.3 滚动轴承故障的特征选择结果与分析.....	57
4.3.1 算法参数.....	58
4.3.2 结果比较及分析.....	58
4.4 本章小结.....	68
第五章 APMGA 方法在航空发动机动力学参数辨识中的应用.....	69
5.1 引言.....	69
5.2 APMGA 方法在振动模态参数辨识中的应用.....	69
5.2.1 模态参数识别的基本原理.....	69
5.2.2 基于自适应参数域多群体遗传算法的模态参数识别.....	71
5.2.3 结果及分析.....	75
5.3 APMGA 方法在转子系统支承和连接刚度辨识中的应用.....	86
5.3.1 含膜片联轴器的转子试验器简介.....	87
5.3.2 含膜片联轴器的转子试验器动力学模型.....	88
5.3.3 含膜片联轴器的转子试验器动力学模型参数.....	90
5.3.4 含膜片联轴器的转子试验器模态试验.....	94
5.3.5 连接刚度对固有频率的影响规律分析及优化刚度的选取.....	98
5.3.6 APMGA 方法的转子试验器膜片联轴器刚度辨识.....	104
5.3.7 转子连接刚度识别结果及分析.....	114
5.4 本章小结.....	119
第六章 总结与展望.....	121

6.1 总结	121
6.2 展望	122
参考文献.....	123
致 谢.....	132
在学期间的研究成果及发表的学术论文	133

图表清单

图 2.1	简单遗传算法过程（竞争选择、单点杂交、变异）	15
图 2.2	多群体多准则差分遗传算法的流程图	16
图 2.3	仿真数据	20
图 2.4	四种算法在不同种群规模的收敛曲线图	22
图 2.5	四种算法在不同种群规模的种群均值	23
图 2.6	最优特征子集、最优特征模式与迁移时机的关系	25
图 2.7	Weka 软件的初始化界面	27
图 3.1	自适应参数域多群体协同优化遗传算法的流程图	31
图 3.2	参数的正确值与初始取值区间的关系	32
图 3.3	8 个标准函数的其中一维参数取值区间的自适应调整过程（区间内）	38
图 3.4	8 个标准函数的其中一维参数取值区间的自适应调整过程（区间外）	39
图 3.5	8 个标准函数最优值所对应的 30 个参数优化结果（区间内）	45
图 3.6	8 个标准函数最优值所对应的 30 个参数优化结果（区间外）	46
图 4.1	航空发动机转子试验器	52
图 4.2	故障加工后的 6206 型滚动轴承实物图	53
图 4.3	试验所用的传感器与采集卡	53
图 4.4	滚动轴承故障特征选择的 Mul-MEDGA 流程图	54
图 4.5	Mul-MEDGA、MEDGA 与 SGA 的分类准确率	58
图 4.6	MEDGA 与 SGA 的收敛速度	59
图 4.7	6 个样本集 13 个特征的特征权值	62
图 4.8	单准则与多准则融合的分类准确率	65
图 5.1	被测结构的前三阶振型图	70
图 5.2	模态参数识别的 APMGA 算法流程图	72
图 5.3	两个测点的频率响应函数图	75
图 5.4	各测点模态参数实测值与拟合值的频响图对比	78
图 5.5	测点 1 初始区间为 Internal 的参数自适应调整过程	79
图 5.6	测点 1 初始区间为 External 的参数自适应调整过程	80
图 5.7	测点 2 初始区间为 Internal 的参数自适应调整过程	81
图 5.8	测点 2 初始区间为 External 的参数自适应调整过程	82

图 5.9	三种算法在不同测点不同区间的收敛图	86
图 5.10	转子系统连接刚度辨识的结构框图	87
图 5.11	含膜片联轴器转子试验器实物图	87
图 5.12	含膜片联轴器示意图	88
图 5.13	支承座三维模型图	88
图 5.14	轴承三维模型图	88
图 5.15	含膜片联轴器的转子试验器三维模型图	88
图 5.16	含膜片联轴器的转子试验器动力学模型	89
图 5.17	转子-支承-机匣动力学求解流程图	90
图 5.18	30927 型力锤	95
图 5.19	B&K4508 加速度传感器	95
图 5.20	NIUSB-9234 采集卡	95
图 5.21	支承状态下的短轴模态试验实物图	96
图 5.22	支承状态下的短轴模态试验示意图	96
图 5.23	短轴模态试验前三阶模态振型	96
图 5.24	支承状态下的长轴模态试验实物图	97
图 5.25	支承状态下的长轴模态试验示意图	97
图 5.26	长轴模态试验前四阶模态振型	97
图 5.27	整机状态下的含膜片联轴器的转子试验器模态试验实物图	98
图 5.28	整机状态下的含膜片联轴器的转子试验器模态试验示意图	98
图 5.29	整机模态试验前四阶模态振型	98
图 5.30	基于数值积分的转子-支承系统模态分析流程图	99
图 5.31	基于数值积分的转子-支承系统模态分析实例	100
图 5.32	短轴前三阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{1x} 的变化规律	100
图 5.33	短轴前三阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{2x} 的变化规律	100
图 5.34	长轴前四阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{3x} 的变化规律	101
图 5.35	长轴前四阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{4x} 的变化规律	102
图 5.36	膜片联轴器前四阶固有频率随联轴器径向连接刚度变化规律	103
图 5.37	膜片联轴器前四阶固有频率随联轴器角向连接刚度变化规律	104
图 5.38	刚度辨识的 APMGA 算法流程图	105
图 5.39	短轴支持向量机回归模型测试结果	108
图 5.40	长轴的支持向量机回归模型测试结果	110

图 5.41	联轴器的支持向量机回归模型测试结果.....	111
图 5.42	短轴前三阶模态振型对比.....	116
图 5.43	长轴前四阶模态振型对比.....	118
图 5.44	膜片联轴器前四阶模态振型对比.....	119
表 2.1	四种算法的遗传算子.....	21
表 2.2	解的质量及可靠性的比较数据.....	24
表 2.3	实验中所用 UCI 数据集.....	26
表 2.4	四种算法在 UCI 数据集上得到的分类准确率和对应特征数目.....	27
表 2.5	各种特征选择算法在 UCI 数据集上得到的分类准确率和对应特征数目.....	28
表 2.6	Mul-MEDGA 算法在 UCI 数据集找到的特征子集对应的混淆矩阵.....	28
表 3.1	标准函数.....	35
表 3.2	参数的两种初始取值区间.....	35
表 3.3	四种算法的变异算子及其他参数.....	36
表 3.4	不同迁移时机 8 个标准函数的最优值和平均值（区间内）.....	37
表 3.5	不同迁移时机 8 个标准函数的最优值和平均值（区间外）.....	37
表 3.6	四种算法 8 个标准函数在区间内的最优值、平均值和标准差.....	40
表 3.7	四种算法 8 个标准函数在区间外的最优值、平均值和标准差.....	41
表 3.8	四种算法单峰函数 f_1 在区间内和区间外的测试结果.....	42
表 3.9	四种算法多峰函数 f_8 在区间内和区间外的测试结果.....	43
表 4.1	6206 型轴承基本参数（单位 mm）.....	52
表 4.2	基于带机匣转子试验器的人工故障轴承试验方案.....	52
表 4.3	13 个无量纲特征量定义.....	53
表 4.4	滚动轴承故障样本集.....	57
表 4.5	四种算法的遗传算子及参数设置.....	58
表 4.6	1800 CH 数据集各特征对的 Pearson 相关系数.....	60
表 4.7	特征 S7 和特征 S8 的混淆矩阵和分类准确率.....	60
表 4.8	采用单群体与多群体找到的最佳特征子集.....	62
表 4.9	单群体与多群体找到的最佳特征子集的混淆矩阵和分类准确率.....	63
表 4.10	Mul-MEDGA 与其他算法找到的最佳特征子集.....	65
表 4.11	Mul-MEDGA 与其他算法找到的最佳特征子集的混淆矩阵和分类准确率.....	66
表 5.1	模型参数.....	75

表 5.2	模态参数的 2 类初始取值区间.....	76
表 5.3	测点 1 的参数辨识结果.....	77
表 5.4	测点 2 的参数辨识结果.....	77
表 5.5	测点 1 初始区间为 Internal 的比较结果	82
表 5.6	测点 1 初始区间为 External 的比较结果	83
表 5.7	测点 2 初始区间为 Internal 的比较结果	84
表 5.8	测点 2 初始区间为 External 的比较结果	85
表 5.9	短轴转子模型控制点.....	91
表 5.10	短轴转子单元信息.....	91
表 5.11	短轴节点单元信息.....	91
表 5.12	转子模型控制点.....	92
表 5.13	长轴转子单元信息.....	92
表 5.14	长轴转子节点信息.....	93
表 5.15	转子-基础支承刚度参数	93
表 5.16	转子-基础支承作用位置	94
表 5.17	联轴器刚度参数.....	94
表 5.18	30927 型力锤性能参数.....	94
表 5.19	B&K4508 加速度传感器性能参数	95
表 5.20	优化得到的支持向量模型参数及均方误差（短轴）	107
表 5.21	优化得到的支持向量模型参数及均方误差（长轴）	108
表 5.22	优化得到的支持向量模型参数及均方误差（联轴器）	110
表 5.23	短轴支承刚度的 3 种初始取值区间.....	114
表 5.24	两种算法的短轴支承刚度辨识结果.....	114
表 5.25	两种算法的短轴各阶仿真频率与实验频率的对比.....	115
表 5.26	长轴支承刚度的 3 种初始取值区间.....	116
表 5.27	两种算法的长轴支承刚度辨识结果.....	116
表 5.28	两种算法的长轴各阶仿真频率与实验频率的对比.....	117
表 5.29	膜片联轴器连接刚度的 2 种初始取值区间.....	118
表 5.30	两种算法的膜片联轴器连接刚度辨识结果.....	118
表 5.31	两种算法的膜片联轴器各阶仿真频率与实验频率的对比.....	118

注释表

$diff(A, R_1, R_2)$	表示样本 R_1 和样本 R_2 在特征 A 上的差
F	缩放因子
$MaxG$	群体数目
$popsiz$	种群规模
f_{min}	最小值
$True\ value$	参数真实值
ω_r	第 r 阶固有频率
ξ_r	第 r 阶相对阻尼比
a_{1r}	第 r 阶振型因子
$\hat{H}_{Alp}(\omega)$	拟合的测点频响函数值
$H_{Alp}(\omega)$	实测的测点频响函数值
$Re[\hat{H}_{Alp}(\omega_i)]$	拟合的频响函数的实部
$Re[H_{Alp}(\omega_i)]$	实测的频响函数的实部
$Im[\hat{H}_{Alp}(\omega_i)]$	拟合的频响函数的虚部
$Im[H_{Alp}(\omega_i)]$	实测的频响函数的虚部
$fitness$	适应度函数值
CL	调整尺度
k_H	径向刚度
k_ω	角向刚度

缩略词

缩略词	英文全称
GA	Genetic Algorithm
SGA	Simple Genetic Algorithm
LVW	Las Vegas Wrapper
Mul-MEDGA	Multiple Differential Genetic Algorithm with Multi-criteria Evaluation
MEDGA	Differential Genetic Algorithm with Multi-criteria Evaluation
DE	Differential Evolution,
DEGA	Different Evolution and Genetic Algorithm
RGA	Genetic Algorithm based on ReliefF
Weka	Waikato Environment for Knowledge Analysis
CFS	Correlation-based Feature Selection
APMGA	Adaptive Adjustment Parameter Domain with Multiple Genetic Algorithms
Single-GA	Single Genetic Algorithm
SVM	Support Vector Machine

第一章 绪论

1.1 研究背景及意义

长久以来，人们都致力于研究合适有效的方法或手段来获取问题的最优解，可以说，优化无处不在，它是人们对问题理想结果的追求。在生物界，生物进化总是朝着最适应自然环境的方向，遵从物竞天择，适者生存的自然法则，不断演化得到最完满的解决结果。20世纪40年代以来，科学家不断努力从生物学中寻求用于计算科学与人工系统的新思想、新方法，在计算机上模拟实现生物进化过程，从生物进化和遗传机理中发展出用于求解现实世界复杂问题的智能优化算法。智能优化算法包括进化计算、人工神经网络、模糊逻辑和计算学习理论等。在智能优化算法中，进化计算具有并行性高、全局搜索能力强、鲁棒性好等优点，广泛应用于求解优化问题^{[1]-[4]}。其中，进化算法中的遗传算法是通过模拟自然界中生物进化过程的遗传规律，达到寻找最优解的目的，是一种具有指向性的随机优化算法。遗传算法在求解问题时，独立于问题的知识领域之外，直接处理的对象是参数的编码集而不是问题参数本身，实现步骤简单规范，搜索过程既不受函数连续性的约束，也没有优化函数导数必须存在的要求，具有良好的全局搜索能力，与目标信息无关、无需求导、隐并行性等特点，能够有效地处理一些复杂的非线性和多维空间寻优等问题。但是，由于简单遗传算法存在“早熟”现象，为了克服这个现象及进一步提高算法的性能，不少学者展开了研究，提出改进遗传算子、采用多群体技术和自适应等方法，取得很好的效果。

如今，工业互联网、大数据、人工智能等信息技术已经成为驱动实体经济创新发展的新引擎。我国航空发动机的自主研发，对建模、参数辨识、健康管理等技术也提出了智能化的要求。航空发动机的“视情”维修，是以能准确判断航空发动机当前状态为前提的。然而，航空发动机部件多，结构复杂，就更需要抓住关键部件，因为这些关键部件的故障对航空发动机的影响是致命的，甚至使发动机（乃至飞机）丧失飞行能力。航空发动机转子系统及传动系统中的齿轮和轴承作为航空发动机的关键部件，这两个部件的磨损失效是发动机研究和使用过程中出现的主要故障。2015年5月8日，国务院公布的重点领域技术创新绿皮书中，将航空发动机关键零部件“含状态监视、故障诊断与处理、故障预测和寿命管理，能显著提高任务安全性和可靠性，并降低寿命周期成本”的先进健康管理系统列为发展重点^[5]。因此，采取必要的手段和技术对航空发动机的关键部件的状态评估与剩余寿命预测显得尤其重要。目前，对航空发动机进行状态监测与故障诊断的常用手段和方法主要有：基于发动机的气路性能参数状态诊断；发动机转子系统的振动诊断、基于油液分析的发动机磨损状态诊断以及发动机内部气路部件的孔探检测等技术。然而，采取各种技术和手段对发动机进行监测过程中将会获取大量的信号和参数等数

据或信息。在这些海量数据中，并不是所有的数据都对状态的监测起着积极作用，甚至存在有些参数对诊断起干扰作用。因此，需要采取有效的方法对航空发动机关键部件的状态数据进行综合评估，并从学习中发现规律，实现航空发动机故障的智能诊断。同时，除了能有效地进行故障诊断外，还应该关注效率。

同样地，对于一般复杂机械系统，为了分析其结构特性和动力学响应，通常将工程物理模型抽象为数学模型，借助动力学方法，建立系统的动力学模型进行分析和求解。然而，要获得准确的动力学模型，模型的物理参数是关键。模态分析技术是进行结构动态特性的预估及优化设计的主要手段。通过模态分析最终识别出系统的模态参数，为结构系统的振动特性分析、振动故障诊断和预报以及结构动力特性的优化设计提供依据。由于传统的模态参数识别方法，需要求解结构振动的特征方程，当特征矩阵奇异时，就会给模态参数识别带来困难；并且响应观测中采用参数辨识技术，掺杂的噪声常常使得目标函数非凸，致使传统的线性化参数识别方法可能只搜索到局部最优值^{[6]-[7]}。然而，可以通过将模型的物理参数识别问题转化为优化问题，运用具有鲁棒性、全局性等特点的遗传算法进行参数辨识。

综上所述，将计算智能和机器学习等人工智能方法应用到航空发动机领域，对多群体遗传算法进行深入的研究，并结合航空发动机领域的实际背景及需求，设计有效的策略，改进算法使之更有效地应用于航空发动机智能故障诊断和模态参数辨识，对于提升航空发动机故障的智能诊断及提高航空动力学建模的精度和效率具有重要意义。

1.2 研究现状

1.2.1 遗传算法的研究现状

遗传算法^[8]是1975年由美国密西根大学的 Holland 教授首先提出的，又被称为简单遗传算法（SGA, Simple Genetic Algorithm），以区别于其他后来的改进版本。它是一类根据“物竞天择，适者生存”的自然选择学说和遗传学说而提出的随机搜索方法。遗传算法通过编码将所要处理的问题空间参数转换为遗传空间的由基因按一定结构构成的染色体或个体；接着通过选择算子、交叉算子和变异算子（这3个算子称为遗传算法的3大基本算子）共同对给定的种群中的个体（或称为染色体）进行遗传优化，并根据适应度函数对个体的优劣进行评价，实现“优胜劣汰”的过程。选择和交叉算子促进了群体的进化，但却牺牲了群体的多样性；变异有助于恢复群体的多样性，它通过随机改变染色体某个基因或某些基因，避免了群体过早地向局部最优解收敛。

遗传算法简单、鲁棒性强以及具有良好的全局搜索能力和隐含的并行性等特点，它为求解各类复杂问题提供了一种通而易于实现的解决方案，受到人们的关注和广泛应用。模式定理保证了较优模式（遗传算法的较优解）的样本数呈指数增长，从而满足了求最优解的必要条件，

即遗传算法存在找到全局最优解的可能性；而积木块假设指出，遗传算法具备寻找全局最优解的能力，即积木块在遗传算子的作用下，能生成低阶、短矩、高平均适应度的模式，最终生成全局最优解^[9]。然而，由于遗传算法作为以群体进化为基础的算法，存在收敛速度慢和易早熟的不足。因此，提高遗传算法的收敛速度和克服易早熟成为了近年来研究的热点，而早熟收敛问题产生的重要原因是由于遗传算法的“优胜劣汰”选择机制导致基因与种群的多样性缺失。因此，对遗传算法的改进策略主要集中在：遗传算子（选择、交叉、变异）的改进、对交叉和变异参数自适应控制、采用多群体技术等。

（1）选择算子的改进

选择算子的作用是从当前群体中选择一些比较优良的个体，并将其复制到下一代群体中。轮盘赌选择法^[8]和锦标赛选择（竞争选择）法^[10]是最常用最基本的选择方法。轮盘赌选择法模拟轮盘赌过程，维护适应度值越好的个体被选择的概率越大的原则；锦标赛选择法学习锦标赛竞争方法，通过从当前种群中随机选取一定数量的候选者并在候选者中择优录取的方式实现选择操作。对于锦标赛选择法，它能最大的保证优胜劣汰，但是由于适应值较小的个体淘汰速度过快，容易使种群多样化迅速减小而产生早熟。对于轮盘赌选择算子，采用的是适应度较大者入选概率较高的原则，如果在进化过程中，产生了极个别或极少数适应值相当高的个体，这种选择机制会导致这些个体在种群中迅速繁殖，最终种群多样性降低，甚至占满整个种群，出现早熟收敛现象。针对这些问题，一些学者提出了改进的方法或新方法，并取得不错的效果^[11-19]。例如，Xie等人^[11]针对标准锦标赛选择算子在进化过程中不能动态调整选择压力，提出改进的锦标赛选择算子，结合种群不同的适应值等级，实现在进化过程中选择算子的动态调整；在进化早期阶段选择压力较小，较差的个体也有一定的生存机会，使得群体保持较高的多样性；进化后期阶段，选择压力较大，遗传算法缩小搜索邻域，更快找到最优解。曹道友等人^[12]对轮盘赌选择算子进行改进，将群体中的所有个体按照适应度从大到小进行排列，排在最前面1/4的个体复制两份，中间的2/4复制一份，最后面的1/4抛弃；这种方法可以将适应度比较低的个体直接淘汰掉，并且增加了适应度较好的个体的数目，使算法不容易陷入局部最优。杨平等^[13]则提出了基于切断的轮盘赌选择和无回放最大值选择法，通过实验验证了提出的方法有效地提高了收敛速度，提高了算法的性能。陈有青等人^[14]提出改进的选择算子，根据个体间适应值的相似性，把群体分为若干组，以组为单位进行轮盘赌选择；在选中的组中，由该组内的个体综合作用产生新的个体，使得新的个体与被选择的组有一定的相关性，同时又有别与组中的个体；使得 GA 在搜索过程中不仅可以很好地保持个体的多样性，并且可以提高解的精确度。Kuo等人^[17]提出的 Disruptive Selection 偏向于选择适应值好的和差的个体。Li等人^[18]采用的 Negative Selection 用于解很差的情况下收敛得到全局最优值。张琛等人^[19]则对轮盘赌选择策略与锦标赛选择策略进行比较，通过13个基准测试函数的测试结果得到在求解最小化问题的时候，采用锦

标赛选择策略能获得更优的性能。

(2) 交叉算子的改进

交叉算子是模仿自然界有性繁殖的基因重组过程，其作用在于将已有的优良基因遗传给下一代个体，并生成包含更复杂基因结构的新个体。常用的交叉算子有单点交叉、多点交叉、算术交叉算子等。其中，单点交叉是每次随机选出一对个体，依照交叉率在其交叉点相互交换两个个体的部分染色体，即将交叉点前或后的两个个体的部分结构进行互换，从而产生出两个新的个体。为了更好地将父代优良的基因遗传给下一代，Deb等人^[20]提出了一种群体中心交叉操作方法来改进交叉算子，该方法在产生新的个体时，利用所选的若干个用于产生新个体的平均信息、当前种群的平均信息以及当前待交叉的个体与若干个用于产生新个体的平均信息的距离产生新个体为进一步拓展应用范围。Deep^[21]设计一种称为拉普拉斯交叉操作，采用拉普拉斯函数结果与两个交叉个体间差值的乘积与原来个体进行相加的方法产生新个体。Tsai等人^[22]利用Taguchi方法的系统推理能力，使GA的交叉操作获得更优的遗传基因，以提高算法的优化性能及收敛速度。刘伟莉等人^[23]利用种群的最优个体作为蜂王与被选出的每个个体（雄蜂）以一定概率进行交叉操作，从而增强了对种群最优个体所包含信息的开采能力。

(3) 变异算子的改进

变异操作模拟自然界生物体进化中个体上某位基因发生的突变现象，从而改变个体的结构和物理性状。变异算子通过随机改变个体某个基因或某些基因，有助于恢复群体的多样性，避免群体过早地向局部最优解收敛。Leung等人^[24]提出一种基于小波理论的小波变异方法。Albayrak等人^[25]设计了贪婪子巡回变异算子（GSTM），在新算子中存在两种不同的贪婪搜索方法和组件。杨启文等人^[26]提出用二元变异算子（同或/异或）代替传统的变异算子，有助于防止有效基因的缺失，从而能够最大限度地避免早熟收敛。谢燕丽等人^[27]结合黄金分割法对变异算子进行改进，使种群在进化过程中尽可能地获得优良新个体，尽最大可能寻得全局最优解。

(4) 交叉和变异参数自适应控制

除了对遗传算子进行改进外，一些学者还对SGA采用固定的交叉概率和变异概率忽视了种群在进化过程中不同阶段不同繁殖频率的客观需求，提出了自适应的交叉概率和变异概率。其中，Srinivas和Patnaik^[28]提出的根据适应度值动态调整交叉概率和变异概率的遗传算法，是自适应技术中最基础也最具影响力的算法。Dai等人^[29]对这种传统自适应参数调整能力的遗传算法进行改进而提出的基于云模型的自适应遗传算法，能以更快的速度找到全局最优解，并且陷入局部最优的次数更少，有效地改进了算法的性能。Zhang等人^[30]提出的基于聚类分析的自适应遗传算法，将种群中的个体按K-means法聚成4个类，并根据最好个体的类和最差个体的类的大小情况动态调整交叉概率和变异概率。龚月姣等人^[31]使用23个测试函数对SGA和3种自适应遗传算法进行实验比较，讨论并总结出各种方法的优劣所在，实验结果表明，基于聚

类分析的自适应遗传算法在算法性能上较其它自适应遗传算法更优，具有很高的实用价值和前景。

以上的研究成果表明了对简单遗传算法的选择、交叉和变异等算子进行改进、采用自适应的交叉概率和变异概率，有利于克服简单遗传算法的早熟现象和提高算法的性能，所以，改进遗传算法是有效且需要的。

1.2.2 多群体遗传算法的研究现状

多群体遗传算法将遗传算法固有的并行性与多群体结合，各群体并发独立执行遗传算法，各群体间定期交流信息或交换优秀个体，一方面用来引入更优良的个体，另一方面丰富了种群的多样性，也称为多群体并行遗传算法。并行遗传算法是一种以并行计算技术为基础，以遗传算法为核心的随机优化算法。遗传算法的并行性可以从计算适应值进行个体评价、遗传算子操作、采用多群体技术等方面实现。其中，计算适应值进行个体评价和遗传算子操作仍然是从单群体的角度出发，对算法实现过程中的步骤实现并行；而采用多群体技术，则是从多群体角度出发，每个群体独立执行遗传算法且多群体实现并行，这种方式也符合自然界中生物的群体进化行为^[32]。

目前，并行遗传算法的实现方案大致可分为三类^[9]：全局型——主从式模型、分散型——细粒度模型（也称为邻域模型）、独立型——粗粒度模型（也称为孤岛模型）。

主从式并行遗传算法的其中一种形式是主处理器负责存储群体和执行选择、交叉和变异等遗传操作，而从处理器负责完成个体适应值的求解，适用计算时间主要集中在适应度评估的问题。Abramson等人^{[33][34]}在共享存储的并行计算机上实现了主从式并行遗传算法，并用于时间表优化，获得了较好的效果；但是，由于这种方法需要同步机制，容易引起负载不平衡，效率不高。Cantu-Paz等人^[35]以整体计算时间最小为目标，综合考虑各个从处理器结点的计算效率和主从结点通信成本，推导出最佳的从处理器量。

细粒度并行遗传算法是为每个个体分配一个处理器，每个处理器进行适应度的计算，而选择、交叉和变异的操作只在相邻个体之间进行。细粒度并行遗传算法对处理器的数量和通信能力要求很高，并且邻域大小影响算法的性能。Manderick等人^[36]基于二维网络拓扑结构开发了一种大规模并行遗传算法，用于研究同类群大小及染色体长度对于算法性能的影响。Sarma等人^[37]研究了个体邻域的大小和形状对选择操作的影响。

粗粒度并行遗传算法将各种群分成若干个子群并分配给各自对应的处理器，每个处理器独立执行遗传算法操作，并周期地把最好的个体迁移到相邻的子群体中^[38]。由于粗粒度并行遗传算法更符合自然界中生物的群体进化行为，且实现比较简单，所以成为研究并行遗传算法的主流。多群体遗传算法就是采用并行遗传算法的这种实现方式。

多群体遗传算法除了具有简单遗传算法的选择、交叉和杂交等遗传操作外，还增加了一些

影响算法性能的迁移策略。迁移策略包括群体规模（子群体数目）、迁移率（迁移个体数）、迁移频率（迁移间隔）、通信方式（同步或异步）等，迁移策略决定各子群体的耦合情况，并很大程度上决定算法的运行效率。一些学者对迁移策略对算法的性能影响展开了研究，并为应用提供了理论指导和参考。Alba和Troya^[39]通过大量的实验发现过度频繁的通信会导致种群多样性被破坏，降低算法的性能，并认为迁移策略是一个重要算法设计的因素。Maresk^[40]和Hart^[41]得到同样的结论。Cantú-Paz^{[42][43]}对迁移率、各群体的连接拓扑结构、群体规模进行研究分析，认为除了迁移率和各群体的连接拓扑结构外，种群规模也同样对算法性能有影响；并在充分考虑种群规模、迁移率和拓扑连接度与成功搜索概率的关系基础上，推导出了种群规模公式及拓扑连接度公式。Grosso等人^[44]研究群体规模、迁移率对算法的影响。迁移率取固定值，研究群体规模对算法的影响，发现群体规模影响着优良基因的传播速度，并行处理的子群体与单一个大群体作比较，前者的平均适应值的提高速度远远大于后者；另外，研究还发现，迁移率也影响着算法的性能，当迁移率较小时，并行处理的各子群体在不同的区域里进行搜索，相互之间共享的优化信息很少，因此所能达到的性能与孤立的并行种群几乎一样。对于中等水平的迁移率来说，情况却大不相同；但是，当迁移率提高到一定程度时，多群体并行遗传算法的性能与简单遗传算法的性能基本一致。郑志军^[45]的研究结果指出子群体间的迁移个体数、迁移间隔和子群体数目是影响多群体遗传算法性能的关键因素，并通过实验分析的方法指出了在解决具体问题这三个参数的取值规律。赖鑫生等人^[46]提出了一种基于渗透原理的迁移策略，研究多群体遗传算法的迁移代数和迁移率的问题，并利用有限群体马尔可夫链模型理论对文中提出的迁移策略进行了可行性分析。胡玉兰^[47]提出基于种群规模可变的粗粒度并行遗传算法，根据子群体的竞争力不同获得不同的迁移率，竞争力大的子群体则具有较高的竞争力，这样即保持了种群多样性，又可以控制群体规模呈指数级递增。

多群体遗传算法也广泛应用于解决各类问题。Chopar^[48]采用多群体遗传算法演绎外汇交易市场模型。Pereira^[49]使用粗粒度并行遗传算法来调整核反应堆单元参数。郭彤城^[50]提出自适应迁移并行遗传算法应用于无线通信网优化。路飞^[51]用多种群并行自适应遗传算法解决混合流水车间调度问题。封全喜^[52]使用多群体遗传算法解决物流配送车辆路径问题。吴浩扬^[53]提出基于实数编码的自适应伪并行遗传算法，并用于求解多峰问题。邹琳^[54]提出的基于实数编码的多种群并行遗传算法用于数值计算。刘志军^[55]采用了并行遗传算法用于图像超分辨率复原。

从以上的应用中可以看出，多群体遗传算法可应用于很多领域解决不同的问题。但同时也发现，以上的应用中更多是采用固定间隔的迁移频率，以及各群体交流的内容是将最优个体取代最差个体的迁移策略。

1.2.3 自适应参数域遗传算法的研究现状

为了提高遗传算法的搜索速度和解的质量，常用的方法是遗传算子改进、结合多群体等手

段^{[56]-[66]}，但对于个体基因的取值区间（参数域）在整个进化过程中是固定不变的。因此，一些学者提出了在进化过程中自适应调整参数域的方法^{[67]-[71]}，例如，Kwon等人^[67]提出了一种利用连续缩放因子识别全局解逐次缩放遗传算法(SZGA)；为了提高遗传算法的局部微调能力，该算法将搜索空间围绕着每100代最优适应度的设计点进行缩放；该方法与简单遗传算法等其他两种算法进行比较，验证了SZGA可显著提高遗传算法识别精确全局最小值的能力，并将其应用于求解坝体径向闸板支点的最优位置。Djurisic等人^[68]根据算法迭代到满足给定条件时，计算当前群体各参数的均值，然后综合参数原来的上边界和下边界，从而计算得到参数新的取值区间，再重新在新取值区间生成种群。实现了自适应缩小每个参数的边界，提高了搜索效率。Arakawa等人^[69]的自适应调整参数范围的方法是利用前代群体的均值和方差对参数范围进行调整。Yokose等人^[70]提出的方法，GA采用二进制编码，种群进化的初期，每个染色体的基因位比较多，实现在更广阔的区域寻找最优解；在进化的过程中，根据当前种群的最优个体和次优个体，不断减少染色体的基因位，使得搜索空间逐渐减少。

然而，以上方法无论个体基因的取值区间在整个寻优过程中是不变的，还是自适应调整，都潜在地默认参数的真实值是包含在初始取值区间，并且采用的自适应调整方法也是在区间内调整，并没有突破参数的初始取值区间。当真实值不包含在初始取值区间，就会导致算法找到的解并不是真实值。

1.2.4 遗传算法在工程中的研究现状

(1) 遗传算法在特征选择中的应用

特征选择的任务就是求出一组对分类最有效的特征，即在特征维数减少到同等水平时，其分类性能最佳。特征选择的过程可以看作是一个求解组合优化问题的过程，遗传算法在这方面具有很大的潜力，尤其当选择的范围很大（特征维数很高）且对特征间的关系缺乏认识时。应用于特征选择的遗传算法，常采用支持向量机和神经网络等分类器^{[72]-[76]}的准确率作为适应度函数对个体进行评价，或者采用特征相关性、信息熵等某种评价准则^{[77]-[81]}作为适应度函数对个体进行评价，从而选出最优特征或特征子集。

除了采用单群体遗传算法，还可以采用多群体遗传算法进行特征选择，也取得不错的效果^{[82]-[84]}。Li等人^[82]提出了一种带双链结构的多种群遗传算法用于特征选择，该方法具有动态邻域竞争选择算子、邻域正交交叉算子和自适应变异算子，能够有效地保持和增强种群的多样性，以及在复杂和高维搜索空间中寻找全局最优。刘元宁^[83]提出了一种自适应多种群的遗传算法，包含多种群规划模型和动态选择操作算法，应用于特征选择处理；该方法扩展了搜索空间，自适应地调整多个种群的运行状态，有效地控制早熟收敛，增强了局部搜索能力。

遗传算法同样应用于滚动轴承特征选择^{[85]-[96]}。Chen等人^[85]为了灵敏地检测到故障，以及提高故障诊断的准确率，提出了症状参数和应用的自动生成方法，并将其应用于变工况下的机械

设备故障诊断；该方法采用的GA，主要改进在于变异概率不是采用固定概率，而是根据该基因位的区分指数来决定。Kang等人^[86]针对低速滚动轴承的各种单缺陷或组合缺陷提出了可靠的故障诊断方法。该方法采用基于遗传算法（GA）的判别特征分析方法（GADFA），从所有提取出来的故障特征中选择最具辨别力的特征子集；该文使用的遗传算法侧重于种群大小的影响，并没有对简单遗传算法进行更多的改进。Ettefagh等人^[87]提出了一种混合GA-K均值聚类方法用于转子轴承系统的故障诊断，文中主要应用简单遗传算法克服了K-means的缺点。然而，遗传算法应用于滚动轴承的故障诊断，更多是采用单群体遗传算法或简单遗传算法，没有更多关注遗传算子的改进。

（2）遗传算法在振动模态参数辨识中的应用

对于一般复杂机械系统，为了分析其结构特性和动力学响应，通常将工程物理模型抽象为数学模型，借助动力学方法，建立系统的动力学模型进行分析和求解。然而，要获得准确的动力学模型，模型的物理参数是关键。模态分析技术是进行结构动态特性的预估及优化设计的主要手段。通过模态分析最终识别出系统的模态参数，为结构系统的振动特性分析、振动故障诊断和预报以及结构动力特性的优化设计提供依据。由于传统的模态参数识别方法，需要求解结构振动的特征方程，当特征矩阵奇异时，就会给模态参数识别带来困难；并且响应观测中采用参数辨识技术，掺杂的噪声常常使得目标函数非凸，致使传统的线性化参数识别方法可能只搜索到局部最优值^[61-71]。然而，可以通过将模型的物理参数识别问题转化为优化问题，运用具有鲁棒性、全局性等特点的遗传算法进行参数辨识。程珩^[6]提出了混合遗传算法进行连采机减速器试验模态参数识别，通过对简单遗传算法进行改进，在群体进化中引入拉马克学习机制，构造基于拉马克学习机制的局部搜索算子。算法应用于连采机减速器试验模态参数识别中，结果证明了混合遗传算法的有效性和准确性，也说明对于多级传动、低速重载并且内部布局复杂的齿轮箱，传统的试验模态处理方法往往不能实现精确识别，但混合遗传算法建立模态参数识别模型的方法为其试验模态参数识别提供了一个新的可行的研究路径。李守巨^[7]采用简单遗传算法，根据在时域内观测的结构动力响应数据，通过建立目标函数同时识别结构的振动参数和动载荷参数，实验结果表明了方法具有良好的抗观测噪声的能力，并且具有较高的识别精度，识别精度可以满足工程要求。宋志强^[97]采用简单遗传算法对水电站机组轴系统的自振频率和阻尼比进行了识别，实验结果验证了算法能有效克服噪声干扰，对水电机组轴系统自振频率和阻尼比的识别结果能够满足工程精度的要求。李中付^[98]采用简单遗传算法应用于模态参数的辨识，算例结果表明该方法能够高精度地识别幅值、频率、阻尼比和相位，但由于该文只对单自由度系统作了初步的探索性研究，获得了较满意的结果，今后将进一步探讨辨识多自由度模态参数。周天朋^[99]采用简单遗传算法应用于某型号卫星的振动试验数据模态分析，得到的固有频率、阻尼比与模态试验结果一致。实测频响函数与此方法计算得到的频响函数重合性很好。马蕾^[100]

将多体系统传递矩阵法与遗传优化算法相结合,识别刚柔耦合多体系统动力学模型的5个物理参数,和激光陀螺捷联惯导多体系统动力学模型的联接载体与陀螺支架台体的4个弹簧的y方向的4个刚度。在遗传算法的适应度函数构造中,结合小生镜技术得到的每个个体在群体中的共享度,一起作用于个体适应值。实验结果表明了该方法研究多体系统物理参数识别问题是可行和有效的;并且该方法无需建立复杂多体系统的总体动力学方程,涉及矩阵阶次低,计算速度快、程式化高。张瑞刚^[101]运用改进的量子遗传算法进行结构的损伤识别研究,对传统的量子遗传算法改进是通过初始化种群的全部基因值设置为固定值和引入动态旋转角调整策略,采用框架结构的数值仿真和试验研究,实验结果证明了该方法能够应用于复杂结构的损伤识别中,并且识别效果较好,能准确、有效地判断框架结构的损伤发生、损伤位置以及损伤程度,并且具有一定的抗噪能力。

从以上遗传算法在振动模态参数辨识中的应用现状分析中可以看出,遗传算法应用于模态参数辨识是可行且有效的。然而,以上研究成果基本上是基于简单遗传算法,没有对算法进行改进或采用多群体遗传算法,进一步提高性能和效果。并且,在实际应用中,往往不一定知道参数的真实值,如果采用多群体遗传算法,有利于增强找到的解为全局最优解的可靠性。因为简单遗传算法存在早熟现象,使得最终找到最优解可能是局部最优解,也可能是全局最优解;但如果采用多群体遗传算法,每个群体都独立地执行遗传算法操作,它们各有自己的最优解;如果全部群体或大部分群体找到的解相同,则该解作为全局最优解的可靠性就大大增强了。

通过以上遗传算法、多群体遗传算法及其应用的研究现状分析可以看出,克服简单遗传算法易陷入局部最优,提高算法性能,均取得很多研究成果,充分说明了对简单遗传算法的改进是有效和需要的。但在多群体遗传算法的研究及应用还存在以下不足,包括:

(1) 目前,多群体遗传算法在进化过程中采用的迁移策略,更多是单纯地将最优秀个体传播,而缺乏各群体阶段性优秀个体间有用信息或模式的挖掘及传播。传播一个优秀的个体,虽然对各群体的进化起引导作用;但是,如果这个优秀个体是次优的超级个体,就会导致进一步加快早熟。然而,如果从各群体阶段性的优秀个体中挖掘优良模式,一方面,优良模式是大部分或全部群体具有的,保证了优良模式的可靠性;另一方面,传播这个优良模式,既有利于提高种群的质量,加快收敛速度,又避免次优超级个体带来的风险。

(2) 目前,采用遗传算法或多群体遗传算法优化参数,都潜在地默认参数的真实值是包含参数的初始取值区间内,并且在整个进化过程中是固定不变,或者也只是在区间内调整,并没有突破参数的初始取值区间。然而,当真实值不包含在初始取值区间,就会导致算法找到的解并不是真实值。

(3) 目前,应用于特征选择的遗传算法中,在GA的改进上,未充分考虑特征权重对GA搜索的引导性;其次,对于filter方法,更多是采用单个评价准则;而filter法的单个评价准则不

能全面评价特征子集的好坏。基于此，基于遗传算法的特征选择既要定义有效的可分性准则进行特征评价，还需要设计有效的算法提高最优特征子集的可靠性和搜索效率。

(4) 目前，航空发动机的故障诊断或振动模态参数辨识，现有的研究成果基本上都是基于简单遗传算法，并没有将关注点也放在简单遗传算法的改进及结合多群体技术，这将大大地降低了遗传算法在航空发动机滚动轴承故障诊断及航空发动机振动建模参数辨识等的应用效果及效率。

1.3 本论文的主要研究内容及安排

本文以多群体遗传算法为研究对象，围绕遗传算法的改进、多群体遗传算法的迁移策略、特征模式的挖掘和自适应参数域调整等，及其在航空发动机故障诊断和振动建模参数辨识进行了研究。对全文内容的具体章节安排如下：

第一章是绪论，主要介绍了课题研究的背景及意义，分析遗传算法、多群体遗传算法及其在特征选择和航空发动机振动建模参数辨识中的国内外现状，总结目前多群体遗传算法及其在特征选择和参数辨识应用中有待进一步研究的问题，并在最后对本文研究内容进行了简介。

第二章对特征选择的多群体多准则差分遗传算法进行研究，提出了多群体多准则差分遗传算法，首先，对简单遗传算法进行改进，克服简单遗传算法的早熟现象，提高算法性能；其次，采用多群体及时共享阶段性成果，从中挖掘出有效的特征模式，引导后代向更好的方向进化，提高解的质量以及最佳特征子集的可靠性。最后，通过仿真实例和UCI数据集验证算法的有效性，并与其他算法从收敛速度、种群均值、解的可靠性和稳定性进行比较及分析；

第三章对自适应参数域多群体协同优化遗传算法进行研究，采用多群体协同进行参数优化。在算法运行过程中，定期进行多群体的交流及信息的共享，有效地挖掘出包含高质量解的区域，在进化过程中自适应调整参数取值区间；其次，通过对简单遗传算法的变异算子进行改进，采用差分变异和均匀变异相结合的变异算子，实现区间外探索和区间内开发，具有求泛和求精的能力。最后，采用8个标准函数（高维的单峰函数和多峰函数）对算法的性能进行验证。通过观察在算法运行过程中参数区间的自适应调整过程，验证了参数域自适应调整思路的正确性；并与其他算法在最优解、平均值、标准差和收敛速度等方面的比较，验证算法的优势性；

第四章将多群体多准则差分遗传算法运用于典型的航空发动机智能诊断技术中的特征选择，针对航空发动机滚动轴承故障信号的多维特征选择展开研究，从各群体的阶段性成果挖掘有效的特征模式，并处理特征模式中的极强相关性。最后，对特征选择结果的正确有效性进行分析和验证，并与其他算法的比较。

第五章将自适应参数域多群体协同优化遗传算法应用于航空发动机振动建模参数辨识。首先，应用于振动模态参数辨识，对模态耦合严重的三阶模型进行模态参数识别；其次，应用于含膜片联轴器的转子试验器系统刚度辨识；最后，在不同的参数初始取值区间进行验证算

法的有效性。该算法对参数初始取值区间的准确定义要求可以适当放松，具有较强的工程应用价值。

最后，在结束语中，总结了主要研究成果。基于作者的认识，对多群体遗传算法及其在航空发动机中的应用进一步深入研究进行了展望。

第二章 特征选择的多群体多准则差分遗传算法

2.1 引言

由于存在大量无关、冗余的特征甚至噪声数据，在进行数据预处理时，特征选择是最重要、使用最广泛的技术之一；特征选择的任务就是求出一组对分类最有效的特征，即在特征维数减少到同等水平时，其分类性能最佳。filter法和wrapper法是常用的方法。filter法利用单独的可分性准则来选择特征；wrapper法利用分类器进行特征选择。由于wrapper法是直接利用分类器的错误率作为特征选择的依据，具有特征选择精度高的优点，但由于每次选择子集后都需要进行学习训练，耗时大。而filter法的单个评价准则不能全面评价特征子集的好坏，选择精度较低。基于此，特征选择既要定义有效的可分性准则进行特征评价，还需要设计有效的算法提高最优特征组合的可靠性和搜索效率。

本章提出了多群体多准则差分遗传算法（Mul-MEDGA, Multiple Differential Genetic Algorithm with Multi-criteria Evaluation），首先对遗传算法进行改进，克服简单遗传算法的早熟，提高算法性能；其次，采用多群体及时共享阶段性成果，从中挖掘出有效的特征模式，引导后代向更好的方向进化，提高解的质量；最后，注重最优特征子集的可靠性评价，在每次GA终止时得到的结果进一步评价，选择频繁出现的特征或特征组合，避免偶尔出现的特征所产生的干扰，提高最佳特征子集的可靠性。

2.2 特征选择基本原理

2.2.1 特征的评价准则

进行特征选择，首先要确定选择的准则，就是如何评价选出的一组特征。不同的评价准则具有不同的优化偏向，如何选择评价准则应根据具体的问题而定。下面介绍几种常用的判据。

(1) 基于类内类间距离的可分性判据

基于类内类间距离的判据，是希望找到的特征子集，能够使得类间距离大，类内距离小。对两类情况，可以用两类中任意两两样本间的距离的平均来代表两个类之间的距离。对于多类情况，令 $x_k^{(i)}, x_l^{(j)}$ 分别为 w_i 类及 w_j 类中的 D 维特征向量， $\delta(x_k^{(i)}, x_l^{(j)})$ 为这两个向量间的距离，则各类特征向量之间的平均距离为

$$J_d(x) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^c P_i \sum_{j=1}^c P_j \frac{1}{n_i n_j} \sum_{k=1}^{n_i} \sum_{l=1}^{n_j} \delta(x_k^{(i)}, x_l^{(j)}) \quad (2-1)$$

其中， c 为类别数， n_i 为 w_i 类的样本数， n_j 为 w_j 类的样本数， P_i 、 P_j 是相应类别的先验概率。 $\delta(x_k^{(i)}, x_l^{(j)})$ 可以采用欧式距离度量。

(2) 基于概率分布的可分性判据

对于两类情况，可以通过两类的分布密度函数间的距离（重叠程度）作为可分的度量。假设先验概率相等，当两类概率密度函数完全不重叠时，则两类完全可分；相反，当两类概率密度函数完全重合时，则两类完全不可分。常用的概率距离度量有Bhattacharyya距离、Chernoff界限和散度。

（3）基于熵的可分性判据

在信息论中，熵（Entropy）表示不确定性，熵越大，不确定性就越大。人们就借用熵的概念定义类可分性的判据。在进行特征选择时，应该选择具有最小不确定性的特征用于分类，即熵最小的特征越有利于分类。常用的熵度量有Shannon熵、平方熵。

2.2.2 特征选择方法

常见的特征选择方法大致可分为三类：过滤式（filter）、包裹式（wrapper）和嵌入式（embedding）。

（1）过滤式选择

过滤式方法先对数据集的初始特征进行“过滤”，即进行特征选择，再用选出来的特征训练模型。这种方法特征选择过程与后续学习无关。其中Relief（Relevant Features）是一种著名的过滤式特征选择方法。

（2）包裹式选择

包裹式特征选择直接把最终将要使用的学习器的性能作为特征子集的评价准则。它的目的就是为给定学习器选择最有利于其性能、“量身定制的”的特征子集。LVW（Las Vegas Wrapper）是一个典型的包裹式特征选择方法。

（3）嵌入式选择

嵌入式特征选择是将特征选择过程与学习器训练过程融为一体，两者在同一个优化过程中完成，即在学习器训练过程中自动地进行了特征选择。

2.2.3 遗传算法在特征选择中的实现技术

2.2.3.1 简单遗传算法

1975年由美国密西根大学的Holland教授首先提出的遗传算法又被称为简单遗传算法（SGA），以区别于其他后来的改进版本。尽管如此，简单遗传算法仍然是很多优化研究首选的基础算法。简单遗传算法通过选择算子、交叉算子和变异算子共同对给定的种群中的个体（或称为染色体）进行遗传优化，实现“优胜劣汰”的过程。下面对遗传算法的编码、适应度函数和遗传算子进行概述。

（1）个体编码及初始化种群

遗传算法不能直接处理问题空间的参数，必须把它们转换成遗传空间的由基因按一定结构

组成的染色体或个体。这一转换操作就叫做编码，也可以称作（问题的）表示(representation)。最初的遗传算法是以二进制为编码的，后来浮点运算的发展促使实数编码逐渐成为主流。

遗传算法中初始种群中的个体可以在给定的取值范围随机产生的，直到初始种群中个体数达到了预先确定的规模。

（2）适应度函数

遗传算法的适应度函数也叫评价函数，是用来判断种群中的个体的优劣程度的指标，个体的适应度越大，该个体被遗传到下一代的概率也越大；反之，个体的适应度越小，该个体被遗传到下一代的概率也越小。适应度函数需要根据所求问题的目标函数来进行设计，它直接影响到遗传算法的性能。由于遗传算法的适应度函数取正值，因此，对于求目标函数最小值问题，需要将其转化为求目标函数最大值的优化问题。

（3）选择算子

选择算子的作用是从当前群体中选择一些比较优良的个体，并将其复制到下一代群体中。个体被选后，可随机地组成交配对，以供后面的交叉操作。常用的选择算子有轮盘赌选择算子和锦标赛选择算子。

轮盘赌选择算子是指个体被选中并遗传到下一代群体中的概率与该个体的适应度大小成正比；通过计算第 i 个个体的选择概率和累积概率，并结合 $[0,1]$ 之间产生的随机数，从而选出进入下一代的个体。这样的过程不断重复，直至达到种群大小。

锦标赛选择（竞争选择）算子是每次从种群中随机选出 k 个个体，并从中选出最优的一个体遗传到下一代。这样的过程不断重复，直至达到种群大小。

（4）交叉算子

交叉是指把两个父代个体的部分结构加以替换重组而生成新个体的操作。常用的交叉算子有单点交叉、多点交叉等。其中，单点交叉是每次随机选出一对个体，依照交叉率在其交叉点相互交换两个个体的部分染色体，即将交叉点前或后的两个个体的部分结构进行互换，从而产生出两个新的个体。

（5）变异算子

变异算子是指对种群中的染色体的每位基因，根据变异率随机地确定其是否要发生改变。最常用的是均匀变异，它是指在该基因的取值范围内随机产生一个数取代原来的基因。

图2.1给出了遗传算法种群个体进行竞争选择、单点杂交（交叉）和变异的抽象图示。个体中的变量又称为基因，实际上是待解问题的变量，个体的长度代表待解变量的维数；种群中个体的数量 m 又称为种群大小，简单遗传算法的一次迭代就是对迭代种群中的个体依次进行选择、杂交和变异的过程，完成这3步后得到新的种群，这时就可以确定种群中个体的适应度值，适应度的评价一般基于待解问题的目标函数，这样就可以找出本次迭代的最优个体。

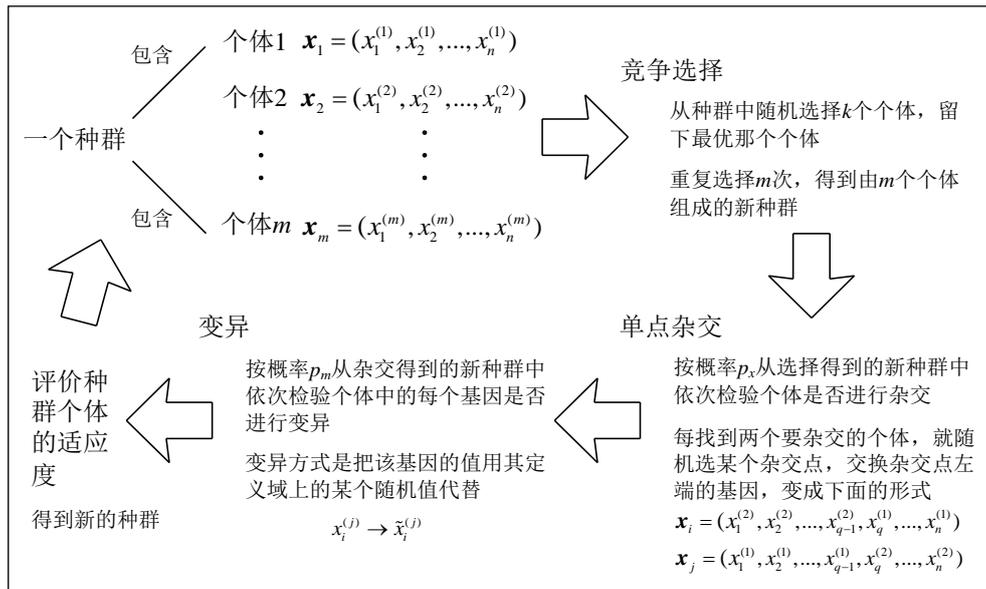


图 2.1 简单遗传算法过程（竞争选择、单点杂交、变异）

由于优化的目标是找到适应度最高的个体，因此在简单遗传算法的每次进化过程后都要把本次迭代得到的最优个体与算法至今为止找到的最优个体进行比较，如果新找到的个体更优，新个体就会取代原有个体成为新的至今最优个体，否则，至今最优个体会取代当前种群中的最差个体。这样的目的是为了把最优的个体放到将要进行下一次迭代的种群中，刺激种群朝优化区域进化。这个步骤称为精华过程，是遗传算法优化中的重要步骤。

2.2.3.2 特征选择的遗传算法

特征选择是指从一个拥有一定特征数的数据集中选择一组最优特征的过程。特征选择的过程可以看作是一个求解组合优化问题的过程，因此，可以用解决组合优化问题的方法来解决特征选择问题。遗传算法（GA， Genetic Algorithm）在这方面具有很大的潜力，尤其当选择的空空间很大（特征维数很高）且对特征间的关系缺乏认识时。

遗传算法的实现涉及5个主要因素：个体的编码、初始种群的设定、适应度函数（评价函数）的设计、遗传算子(选择、交叉、变异)和算法控制参数。采用遗传算法进行特征选择，为了求得最优特征子集及提高算法的性能，遗传算法要重点解决的问题：（1）构造适应度函数；（2）遗传算子（选择、交叉和变异）的设计。适应度函数用于评价个体优劣，对于特征选择问题，适应度函数的构造要结合特征选择的评价准则，使得能够选出有利于分类的特征或特征子集；遗传算子的设计要有利于提高算法的性能。

2.3 特征选择的多群体多准则差分遗传算法

由于filter方法的单个评价准则不能全面评价特征子集的好坏，为了提高选择精度，以及提高特征子集作为最佳子集的可靠性，本章提出了多群体多准则差分遗传算法用于特征选择，分

别从四个方面去选择和评价特征子集：第一，单个特征对分类的贡献，为GA搜索提供先验知识和导向。采用ReliefF算法计算单个特征权值，权值越大，则该特征对分类的影响就越大；第二，特征子集作为一个整体进行评价，选取类间距离大、类内距离小的特征子集；第三，采用多群体并定期交流，挖掘搜索过程中的有用信息，获取有效的特征模式，并将该特征模式分享给各个群体，有效地指导后代向更优的方向进化；第四，注重最优特征子集的可靠性评价，在每次GA终止时得到的结果进一步评价，选择频繁出现的特征或特征组合，避免偶尔出现的特征所产生的干扰。

特征选择的多群体多准则差分遗传算法的流程图如图2.2所示。

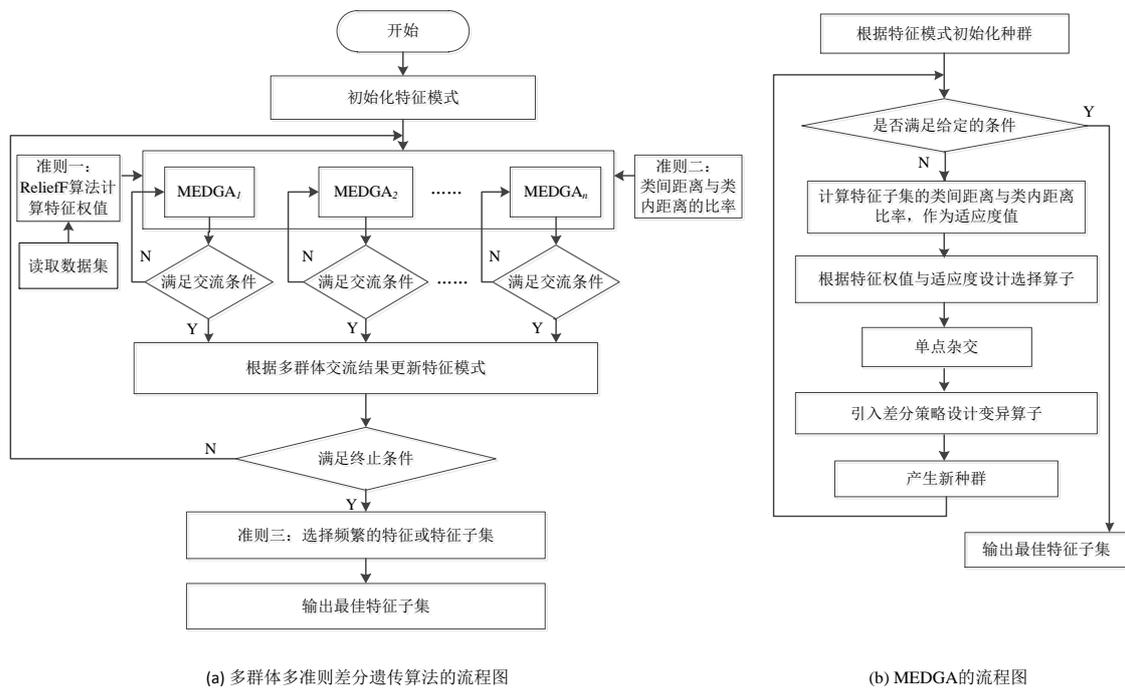


图 2.2 多群体多准则差分遗传算法的流程图

算法的实现过程描述如下：

- (1) 初始化特征模式；
- (2) 读取数据集，采用ReliefF算法，计算特征的权值，权值越大，则该特征对分类的影响就越大；
- (3) 采用多群体技术，每个群体独立执行多准则差分遗传算法（MEDGA，Differential Genetic Algorithm with Multi-criteria Evaluation）搜索合适的特征子集；
- (4) 每个群体各自迭代 d 代后就暂停进化，然后交流和分享各自最优个体，从中挖掘有利于提高分类准确率特征模式；
- (5) 各群体重新以新的特征模式生成种群，继续执行MEDGA算法。这样实现了阶段性的成果（特征模式）传给后代，指导后代向更优的方向进化；

(6) 当算法满足终止条件时结束，将得到的结果进一步评价，选择频繁出现的特征子集，避免偶尔出现的特征所产生的干扰。

(7) 输出最佳特征子集。

2.3.1 ReliefF 算法

ReliefF算法^[102]是Kononenko在1994年提出的，它是一种改进的Relief算法，也是目前filter特征选择方法之一，它主要用于处理多类问题以及回归问题。通过不断调整权值，使得和类别相关性高的特征赋予较高的权值。

算法的主要思想是：每次从训练样本集 D 中随机取出一个样本 R_i ，找出与样本 R_i 同类的 k 个最近邻 H_j ，对每个类 $C \neq \text{class}(R_i)$ ，找出与 R_i 不同类的 k 个最近邻 $M_j(C)$ ，然后根据式(2-2)更新每个特征的权值：

$$W(A) = W(A) - \sum_{j=1}^k \text{diff}(A, R_i, H_j) / (mk) + \sum_{C \neq \text{class}(R_i)} \left[\frac{p(C)}{1 - p(\text{class}(R_i))} \sum_{j=1}^k \text{diff}(A, R_i, M_j(C)) \right] / (mk) \quad (2-2)$$

式中： $\text{diff}(A, R_1, R_2)$ 表示样本 R_1 和样本 R_2 在特征 A 上的差； m 为重复次数。其计算公式为

$$\text{diff}(A, R_1, R_2) = \frac{|R_1[A] - R_2[A]|}{\text{Max}(A) - \text{Min}(A)} \quad (2-3)$$

然而，虽然ReliefF算法适合处理具有大量实例的高维数据集，评估效率高，在噪声过滤方面表现优异，但它不能去除冗余特征^[103]。

2.3.2 特征模式

多群体共同执行特征选择，设定它们进化到一定的代数后，就进行交流和分享有用的信息，挖掘有效的特征模式。而这个特征模式应该由重要特征或特征子集组成。因此，特征模式根据各群体当前的最优个体分析得到。具体如下：

假设所研究的问题数据集共有 n 个特征，则特征模式由这 n 个特征组成，特征模式表示为

$$\text{pattern} = p_1 p_2 \dots p_n \quad (2-4)$$

初始化特征模式 $\text{pattern} = 00 \dots 0$ ，表示任何一个特征都重要，随机初始化个体形成种群；当各群体运行 d 代后，根据各群体当前的最优个体更新 pattern ；具体如下：

(1) 假设有 m 个群体，它们各自运行 d 代后，得到的最优个体为 b_j ($j = 1, 2, \dots, m$)，其中 $b_j = (b_j^1 b_j^2 \dots b_j^n)$ 。

(2) 更新特征模式

$$p_i = p_i + b_j^i \quad (2-5)$$

其中， $1 \leq i \leq n$ ， $2 \leq j \leq m$ ， b_j^i 表示第 j 个群体的最优个体 b_j 的第 i 个特征。当 p_i 为0，表示

m 个群体的当前最优个体都没有选中第 i 个特征,说明这个特征不重要的可能性很大;反之, p_i 值越大,说明这个特征重要性越大。

(3) 各群体根据新的 $pattern$ 重新初始化种群: 如果 $p_i \geq t$ ($1 \leq t \leq m$), 则种群每个个体的第 i 个基因位取值为1, 否则随机取0或1。 $t=1$ 表示各群体最优个体选中的特征都是重要特征; $t=m$ 表示只有各群体的最优个体都选中这个特征, 才认为是重要特征。因此, 特征模式就是由这些重要特征或特征子集组成。

特征模式更新是各群体间交流, 从各自的最优个体中挖掘有用信息的结果, 指导后代向更优的方向进化。

2.3.3 多准则差分遗传算法

下面介绍多准则差分遗传算法(MEDGA)的实现。

(1) 个体编码及初始种群的设定

采用二进制编码。由于所研究的问题共有 n 个特征, 因此每个个体就由 n 个基因位组成, 每个基因位就是一个特征, 每个基因位的取值是0或1, 0代表该特征没有被选中, 1代表该特征被选中。换句话说, 每个个体由 n 个0、1字符组成的字符串, 这些个体是随机生成, 个体的组合就形成了初始种群。

(2) 适应度函数

由于特征之间可能存在不同程度的相关性, 不应只关注单个特征对分类的贡献, 应将特征子集作为一个整体进行评价, 选取类间距离大、类内距离小的特征子集。因此, 下面定义特征子集类间距离与类内距离之比作为适应度函数, 其计算公式为

$$f = \frac{\sum_{j=1}^c \|\bar{x}^{(j)} - \bar{x}\|^2}{\sum_{j=1}^c \frac{1}{n_j - 1} \sum_{k=1}^{n_j} \|x_k^{(j)} - \bar{x}^{(j)}\|^2} \quad (2-6)$$

式中: $\bar{x}^{(j)}$ 为特征子集在 j 类的均值向量; \bar{x} 为特征子集在全体数据集的均值向量; $x_k^{(j)}$ 为第 j 类的第 k 个样本向量; n_j 为第 j 类的样本数; c 表示类别数。

式(2-6)中的分子衡量类间的疏散程度, 值越大, 则说明类间越疏散; 分母表示类内的聚集程度, 值越小, 则说明类内越聚集。

(3) 特征权值与适应值相结合的选择算子

采用ReliefF计算得到特征权值, 得到了单个特征对分类的贡献; 适应度函数从类间与类内距离计算特征子集整体对分类的贡献。特征权值作为先验知识, 为算法搜索提供导向性, 将适应度高且具有重要特征的个体选出, 因此, 设计了特征权值与适应度相结合的选择算子, 具体如下:

1) 计算特征子集权值的均值; 假设特征子集的特征个数为 n , $W(A_i)$ 为特征 A_i 的权值, 则

计算特征子集权值的均值为

$$aver = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n W(A_i) \quad (2-7)$$

2) 计算个体 k 的适应度在种群中的比重

$$S_k = f_k / \sum_{i=1}^{popsize} f_i \quad (2-8)$$

式中: $popsize$ 为种群规模; f_i 为个体 i 的适应度。

3) 计算个体被选择的概率

$$p_k = t * aver + (1-t) * s_k \quad (2-9)$$

式中: t 为 $[0,1]$ 的随机数, 表示适应度与特征权值各占的比重。本章 $t=0.5$ 。

4) 计算累积概率以构造一个轮盘;

5) 轮盘赌选择: 在 $[0,1]$ 区间内产生一个的随机数, 若该随机数小于或等于个体 k 的累积概率且大于个体 $k-1$ 的累积概率, 则选中个体 k 。

(4) 差分变异

差分进化 (Differential Evolution, DE) 是一种基于群体差异的启发式随机搜索算法, 变异操作方面使用差分策略, 即利用种群中个体间的差分向量对个体进行扰动, 实现个体变异。DE 的变异方式有效利用群体分布特性, 提高算法搜索能力, 避免遗传算法中变异方式的不足^[104]。

本章采用了改进的差分变异, 在每一个新个体的生成过程中用到了父代多个个体的线性组合, 而不是遗传算法传统单一的父代染色体交叉技术; 并且根据两个父体的度量距离来决定变异基因位数, 然后根据式 (2-13) 计算基因值。有利于提高种群的多样性, 提高算法的搜索能力。具体如下:

1) 随机选择三个不同父代个体 $r1, r2, r3$;

2) 计算两个父代个体的距离

$$dist = \sqrt{\sum_{i=1}^{NVARs} (r2^{(i)} - r3^{(i)})^2} \quad (2-10)$$

式中: $rj^{(i)}$ 表示个体 $rj(j=1,2,3)$ 的第 i 个基因值; $NVARs$ 为个体的基因数目。

3) 确定个体变异基因数, p 为 $(0,1)$ 随机数;

$$dm = \begin{cases} (\text{int})dist + 1, & \text{if } p < (dist - (\text{int})dist) \\ (\text{int})dist, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2-11)$$

4) 每个基因位的变异: 随机选择一个基因位 i , 设该基因位的值表示为 h_i ; 根据选出的三个父代个体, 计算它们在基因位 i 的线性组合并赋给 h_i , 即

$$h_i = r1^{(i)} + F * (r2^{(i)} - r3^{(i)}) \quad (2-12)$$

式中: F 为缩放因子, 一般是取值范围为 $[0,2]$ 的常量, 用于控制差分向量的扰动程度。经验表明 F 取值太小容易使种群过早收敛, 而 F 取值过大时算法收敛速度会明显下降^[105]。本章 $F=$

1.0。

由于 r_1, r_2, r_3 的取值是0或1（由于本章GA的编码方式采用二进制编码），这三个变量取值就有8种组合，而根据式（2-12）计算得到，其中6种组合的结果是0或1，而另外2种组合（001和110）的结果分别是-1和2，因此， h_i 的最终值就根据式（2-13）计算得到：

$$h_i = \begin{cases} h_i, & \text{if } h_i = 0 \text{ or } h_i = 1 \\ 0, & \text{if } \frac{1}{1+e^{-h_i}} < rand(0,1) \\ 1, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2-13)$$

2.4 算例验证

下面采用两类算例验证多群体多准则差分遗传算法的性能。第一类算例（算例1）是仿真数据集，第二类算例（算例2）是UCI数据集。

2.4.1 算例1 仿真数据

为了测试算法的寻优能力，作了如下仿真试验。样本数共281个，3类样本组成，这3类的样本数分别为93，108和80，特征维数为20，其中特征1和特征2是有效的分类特征，特征3至特征20的取值为0到1之间的随机数，对分类基本不起作用。各样本在特征1和2张成的空间的分布如图2.3（a）所示，特征3和特征4的分布如图2.3（b）所示，图中每种颜色代表一种类别。显然，优化的目标是得到最优特征组合11000000000000000000。

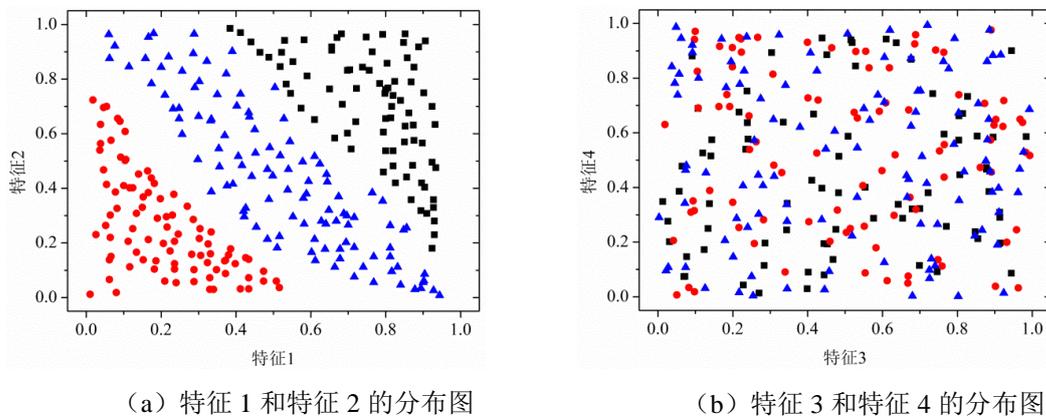


图 2.3 仿真数据

2.4.2 算例1 的结果及分析

本章多群体多准则差分遗传算法，每个群体都独立执行多准则差分遗传算法（MEDGA），MEDGA通过对简单遗传算法（SGA）进行改进，提高算法的搜索速度，克服简单遗传算法的早熟现象，提高算法性能。多个群体则在算法运行过程中挖掘及分享有效信息，引导后代向更优的方向进化，同时也更一步提高解的质量和最佳特征子集的稳定性和可靠性。因此，本章算法的性能验证将从以下几个方面进行：

第一，从算法的收敛速度、种群均值等方面进行比较，验证多准则差分遗传算法改进效果；

第二，对多群体多准则差分遗传算法与单群体多准则差分遗传算法、多群体简单遗传算法与单群体简单遗传算法进行解的质量、成功找到最佳特征子集次数等方面进行比较，验证多群体多准则对提高解的质量、最佳特征子集的稳定性和可靠性。

第三，分析群体迁移时机和特征模式之间的关系，给利用多群体遗传算法用于特征选择提供一些可供参考的建议。

(1) 多准则差分遗传算法的测试结果及分析

由于多准则差分遗传算法 (MEDGA) 以简单遗传算法 (SGA) 为基础，对选择算子和变异选择进行了改进。为了验证这两个算子分别对MEDGA的影响，MEDGA与其他3种算法进行比较，这3种算法分别是：差分遗传算法 (DEGA, Different Evolution and Genetic Algorithm)、基于ReliefF的遗传算法 (RGA, Genetic Algorithm based on ReliefF) 和SGA。各种算法的遗传算子及参数设置如表2.1所示：

表 2.1 四种算法的遗传算子

遗传算子	MEDGA	DEGA	RGA	SGA
选择算子	特征权值与适应值相结合	轮盘赌选择	特征权值与适应值相结合	轮盘赌选择
交叉算子	单点交叉	单点交叉	单点交叉	单点交叉
变异算子	差分变异	差分变异	均匀变异	均匀变异

其他参数取值及说明如下：

交叉率：取值过大会破坏群体中的优良模式，不利于进化；取值过小，产生新个体的速度较慢，一般建议取值范围是0.4-0.99^[32]；本节交叉率取值为0.7；

变异率：取值较大可能会破坏很多较好的模式；取值太小则产生新个体的能力和抑制早熟现象能力较差；一般建议取值范围是0.0001-0.1^[32]；本节变异率取值为0.05；

为了避免一次测试带来的偶然性，算法共测试50次，每次运行200代。

1) 算法的收敛速度

图2.4所示的是在50次测试中选取各种算法最快找到最优特征组合的一次测试，并分别从4种种群规模80, 100, 150, 200对四种算法的收敛情况进行分析。由于种群后期都已经收敛，所以选取前100代进行分析。从图中可得到，在不同的种群，MEDGA都能最快找到最优解，基本都在10代以内就收敛到最优解；当在种群规模80和100时，MEDGA和DEGA找到最优解的速度相差不大，但和RGA或SGA差别就大；但当在种群规模150和200时，四种算法的差别就没那么明显，但种群规模大，搜索时间就需要更多。因此，总体来看，MEDGA在不同种群规模中收敛速度是最快的。

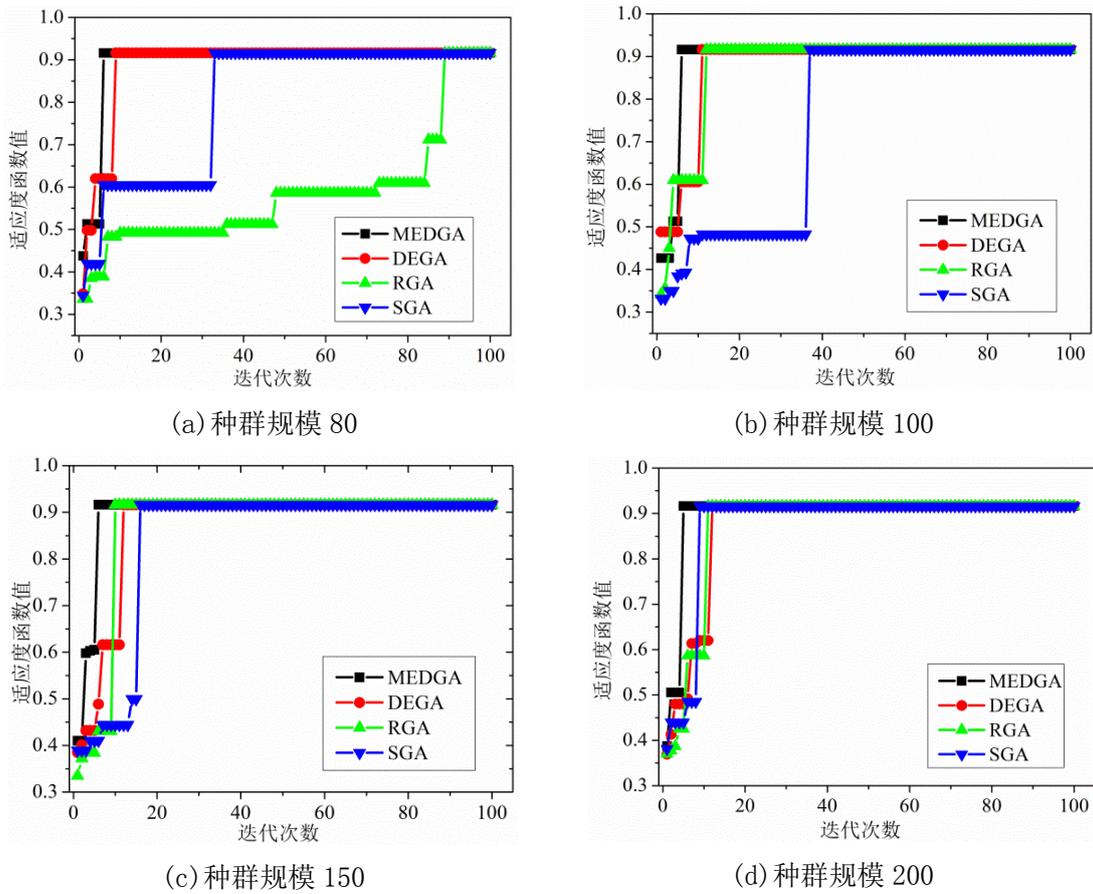
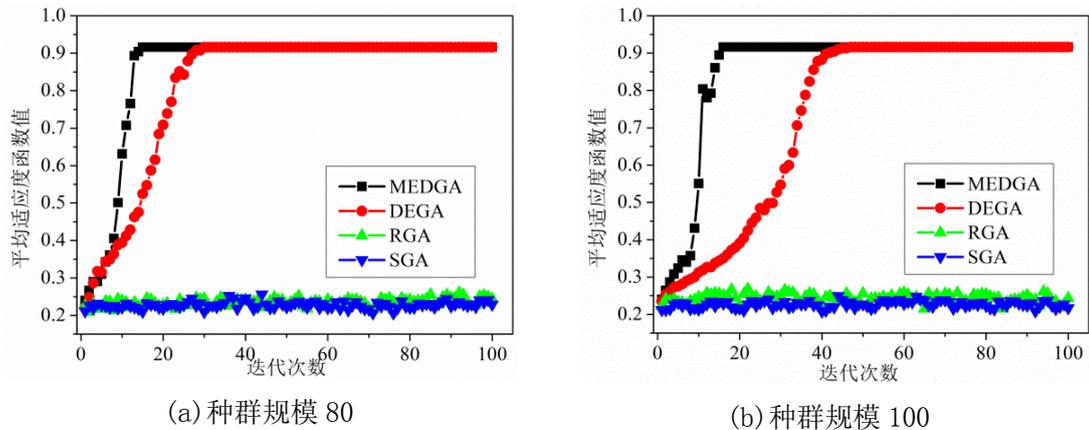


图 2.4 四种算法在不同种群规模的收敛曲线图

2) 种群均值情况

图2.5所示的在50次测试中选取各种算法最快找到最优特征组合的一次测试，分析种群均值情况。从图中可得到，MEDGA和DEGA这两种算法种群均值比RGA和SGA的种群均值高很多，特别是MEDGA，在进化初期比其他三种算法的种群均值都高，这说明在进化初期就能快速搜索到优秀的个体。



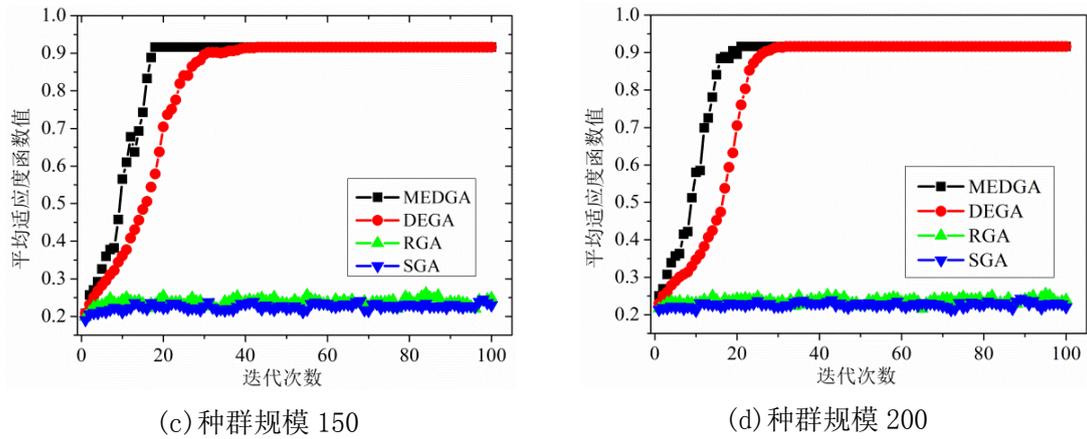


图 2.5 四种算法在不同种群规模的种群均值

综合以上图2.4和图2.5的分析，它们分别从种群收敛速度和种群均值这两个方面对算法的性能进行分析。可以看出MEDGA比其他三种算法表现得更优，这是因为MEDGA算法以特征权值作为先验知识，对算法的搜索起到引导作用；另外，变异操作采用差分变异，将3个不同父代个体进行线性组合生成一个新的个体，这更利于将父代优秀的基因或基因模式学习并遗传给后代。另外，MEDGA和DEGA在各方面的性能相差不大，但MEDGA与RGA的性能相差比较大，说明差分变异与权值相比，差分变异对算法的性能改善作用更大。因此，多准则差分遗传算法有效地克服了简单遗传算法的早熟现象，提高算法的性能。下面将多准则差分遗传算法与多群体结合，进一步提高算法的性能及提高最优特征子集的可靠性。

(2) 多群体遗传算法与单群体遗传算法的测试结果及分析

由于采用多群体并实施定期交流，挖掘出阶段性有用的信息指导后代向更优的方向进化，有利于进一步提高解的质量；并且如果大部分或全部群体找到的结果相同，将大大增强最终找到的特征子集作为最优特征子集的可靠性。下面将以多准则差分遗传算法和简单遗传算法为基础，并结合多群体，对多群体多准则差分遗传算法（Mul-MEDGA）与多准则差分遗传算法（MEDGA），多群体简单遗传算法（Mul-SGA）与简单遗传算法（SGA）进行解的质量和可靠性验证与分析。Mul-MEDGA和Mul-SGA采用的群体个数是5，遗传算子及有关的参数采用表2.1。

从50次测试的角度对各种算法找到的最优特征子集可靠性进行分析。其中，表2.2中的“最优特征子集的次数”是指在50次测试中，成功找到最优特征组合“1100000000 0000000000”的次数；“最优特征模式的次数”是指50次测试中成功找到最佳特征模式“11*****”的次数（“*”代表一个“0”或“1”）。

在表2.2中，可以分析得到：

均值方面：Mul-MEDGA的均值最高，说明该算法找到的解质量高，特别是种群规模为100和150时，50次测试中找到的解都等于最优特征子集的适应值；种群规模为80和200时，也只有

1-2次没找到最优特征子集，但解的均值也非常高，并且从标准差中可以看出，波动比较小，说明解的稳定性好；同时，Mul-SGA的均值也比MEDGA和SGA要好；说明采用多群体有利于提高解的质量。

最优特征子集和最优特征模式：Mul-MEDGA找到的次数是最多，其次是Mul-SGA。说明定期挖掘有效的信息并交流，有利于良好的特征模式传递给后代，提高解的稳定性和可靠性。

表 2.2 解的质量及可靠性的比较数据

方法	种群规模	均值	标准差	最优特征子集的 次数	最优特征模式 的次数
Mul-MEDGA	80	0.9043	0.05901	48	50
	100	0.91619	0	50	50
	150	0.91619	0	50	50
	200	0.91047	0.04041	49	50
MEDGA	80	0.78478	0.24136	17	43
	100	0.84378	0.21169	28	44
	150	0.79724	0.20853	22	46
	200	0.84318	0.23104	23	43
Mul-SGA	80	0.84776	0.15169	37	49
	100	0.83143	0.15776	34	47
	150	0.90586	0.16608	37	45
	200	0.86864	0.17885	33	46
SGA	80	0.62856	0.14727	5	36
	100	0.66081	0.19536	5	32
	150	0.74939	0.25602	5	25
	200	0.69675	0.1868	7	32

(3) 群体迁移时机和特征模式之间的关系

特征模式是各群体定期交流的结果，它有利于引导后代向更优的方向进化，提高解的质量。本章迁移时机指各群体各自迭代了多久才进行各群体的交流。下面对迁移时机与最优特征模式、最优特征子集的关系进行测试及分析，结果如图2.6所示，图中 $MaxG$ 表示群体数目，本节取值为5，即5个群体； $pattern \geq 1$ ，表示某特征只要被任一群体的当前最优个体选中，则认为该特征重要，在特征模式中该特征位置“1”，其他 $pattern$ 的取值类似定义。

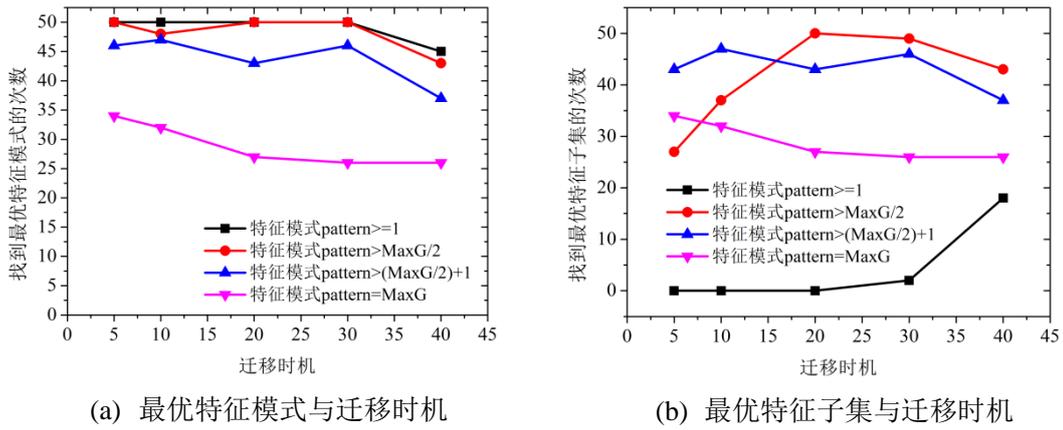


图 2.6 最优特征子集、最优特征模式与迁移时机的关系

图2.6 (a) 显示了在不同迁移时机, 对重要特征的判定标准不同而形成的特征模式不同的情况下, Mul-MEDGA找到最优特征模式的次数。图2.6 (b) 显示了同样条件下Mul-MEDGA找到最优特征子集的次数。对这两个图进行分析, 可以得到:

1) 迁移时机越小, 且重要特征的定义越松, 则最优特征模式不容易丢失, 但要找到最优特征子集困难。从图2.6 (a) 中可以发现, 当迁移时机为5, 且特征模式 $pattern \geq 1$ 时, 在50次测试中, 找到最优特征模式的次数也是50, 即每次测试都能找到最优特征模式。但从图2.6 (b) 中看出, 同样在迁移时机为5, 特征模式 $pattern \geq 1$ 时, 但找到最优特征子集的次数为0。这是因为各群体交流得太早, 即迁移时机过早, 则会导致各群体用于交流的当前最优个体质量不高, 这些个体除了包含最优特征模式外, 还含有较多冗余的特征, 因此, 就得到了找到最佳特征模式的次数多, 但找到最优特征子集的次数少。

2) 迁移时机越长, 且重要特征的定义越严格, 则找到最优特征模式的次数和最优特征子集的结果不算理想。从图2.6 (a) 中可以发现, 当迁移时机为40, $pattern = MaxG$ 时, 找到最优特征模式的次数是最少的。从图2.6 (b) 中看出, 同样在迁移时机为40, $pattern = MaxG$ 时, 最优特征子集找到的次数也不高。这是因为各群体交流得比较晚, 各群体都进化得比较充分, 各群体用于交流的当前最优个体质量总体相对较高, 这些个体找到的特征集合中含有较少的冗余特征, 但如果对重要特征的定义严格, 就容易失去一些特征, 因此容易导致找到最佳特征模式和最优特征子集的次数较少。

3) 从图2.6 (a) 和图2.6 (b) 中可以得到, 当迁移时机为20, $pattern \geq MaxG/2$ 时结果最好。因此, 选择合适的迁移时机, 合理定义重要特征形成特征模式, 这两个方面的选择要适度。

2.4.3 UCI 数据集

本节从UCI数据集^[106]中选取了5个数据集用于算法的测试比较, 这5个数据集如表2.3所示。

表 2.3 实验中所用 UCI 数据集

数据集	样本数	特征个数	类别数
Iris	150	4	3
Wine	178	13	3
Ionosphere	351	34	2
Glass-Identification	214	9	6
Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)	569	30	2

iris数据集（安德森鸢尾花卉数据集）是用来给花做分类的数据集，它根据花萼长度、花萼宽度、花瓣长度、花瓣宽度四个特征来判断花的品种（山鸢尾、变色鸢尾还是维吉尼亚鸢尾）。

Wine数据集（葡萄酒数据集）是用来推断葡萄酒起源的数据集，它根据葡萄酒的13种化学成分（即13个特征）来推断葡萄酒的起源（共有3个起源）。

Ionosphere数据集（电离层数据集）是根据给定的电离层中的自由电子的雷达回波预测大气结构。

Glass-Identification数据集（玻璃辨别数据集）根据不同玻璃的特性来对玻璃进行分类，判断出它是哪一种类型的玻璃。

Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)数据集包括乳房肿块镇抽吸活检图像的数字化的多项测度值，这些值代表出现在数字化图像中的细胞核的特征，诊断结果为恶性或良性。30个特征的值是由数字化细胞核的10个不同特征的均值、标准差、最大值构成。

2.4.4 UCI 数据集的结果及分析

下面采用UCI数据集更进一步验证遗传算法的改进及采用多群体对算法在特征选择效果的提高。利用Weka软件检验各种特征选择算法选出的特征子集进行分类识别，在Weka软件里采用最近邻分类器验证分类的准确率。

Weka全称为怀卡托智能分析环境（Waikato Environment for Knowledge Analysis），是由新西兰Waikato大学的研发团队开发的数据挖掘软件。Weka工作平台包含能处理所有标准数据挖掘问题的方法：回归、分类、聚类、关联规则挖掘以及属性选择。同时，它提供一个统一的界面，可结合预处理及后处理方法，将不同的学习算法应用于任何所给的数据集，并评估由不同的学习方案所得出的结果，找到能够解决当前问题的有效方法。另外，Weka也是一个开放性的数据挖掘平台，用户除了可以使用Weka平台提供的算法外，还可以将个性化的算法封装进Weka中，更好的扩展数据挖掘的功能。图2.7是Weka软件的初始化界面。

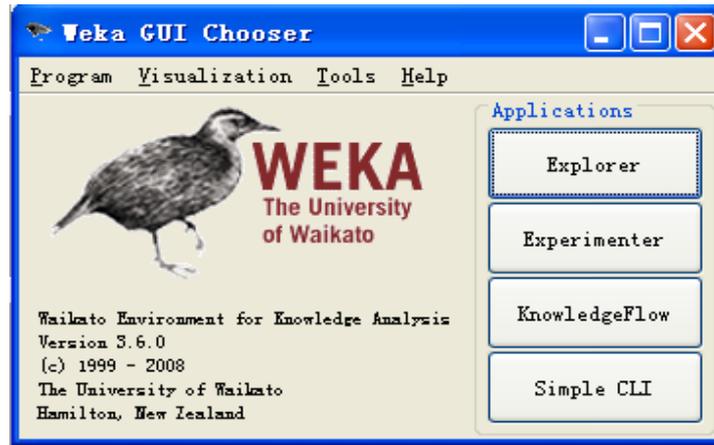


图 2.7 Weka 软件的初始化界面

表2.4给出了简单遗传算法 (SGA)、多群体简单遗传算法 (Mul-SGA)、多准则差分遗传算法 (MEDGA) 和多群体多准则差分遗传算法 (Mul-MEDGA) 在UCI数据集上所得的分类准确率和对应的特征数目 (括号中表示)。从表中可得到, Mul-MEDGA算法得到的特征子集获得更高的分类准确率; 并且, 改进后的遗传算法 (MEDGA) 和结合多群体的简单遗传算法 (Mul-SGA) 的分类效果也明显优于简单遗传算法 (SGA), 说明算法改进和采用多群体技术是有效的。

表 2.4 四种算法在 UCI 数据集上得到的分类准确率和对应特征数目

	Iris	Wine	Ionosphere	Glass- Identification	Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)
Mul-MEDGA	96% (2)	97.25% (6)	94.02% (8)	84.68% (4)	97.01% (5)
MEDGA	96% (2)	96.34% (6)	94.02% (8)	75.84% (4)	94.2% (9)
Mul-SGA	95.33% (1)	96.32% (5)	92.31% (8)	84.68% (4)	94.2% (9)
SGA	90% (1)	63.37% (1)	92.31% (8)	66.41% (1)	94.2% (9)

表2.5给出了多群体多准则差分遗传算法 (Mul-MEDGA) 与ReliefF、CFS (Correlation-based Feature Selection) ^[107]特征选择算法在UCI数据集上所得的分类准确率和对应的特征数目 (括号中表示)。考虑到比较的公平性, 对于ReliefF方法, 它是按特征权重大小排名的, 因此, 进行分类准确率比较时, 就按特征权重大小排名依次取靠前的特征, 且特征数目与Mul-MEDGA的特征子集的特征数目相同。从表中可得到, Mul-MEDGA算法以更少或相同的特征数目获得更高的分类准确率; 特别是对于数据集Ionosphere和Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic), 它们的原始特征数目分别是34和30, 所有特征参与分类得到的分类准确率分别是86.32%和95.96%; 然而,

Mul-MEDGA算法在数据集Ionosphere以8个特征获得了94.02%的分类准确率，在数据集Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)以5个特征获得了97.01%的分类准确率。可见，Mul-MEDGA比使用全部特征进行预测，可以获得更高的分类准确率。

表 2.5 各种特征选择算法在 UCI 数据集上得到的分类准确率和对应特征数目

	Iris	Wine	Ionosphere	Glass- Identification	Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic)
Mul-MEDGA	96% (2)	97.25% (6)	94.02% (8)	84.68% (4)	97.01% (5)
ReliefF	96% (2)	96.32% (6)	92.02% (8)	83.85% (4)	95.96% (5)
CFS	96% (2)	94.14% (6)	88.89% (8)	81.21% (5)	95.78% (11)
所有特征	95.33 % (4)	96.44% (13)	86.32% (34)	83.97% (9)	95.96 % (30)

表2.6显示了Mul-MEDGA算法在UCI三个数据集找到的特征子集对应的混淆矩阵。混淆矩阵主对角线上的数值表示正确分类的样本数，数值越大越好。从表中可以看出，算法找到的特征子集能较平衡正确地分出不同的类别，具有互补性和代表性。

表 2.6 Mul-MEDGA 算法在 UCI 数据集找到的特征子集对应的混淆矩阵

(a) 数据集 Iris 的混淆矩阵

数据集 Iris		预测类别		
		Iris-setosa	Iris-versicolor	Iris-virginica
实际类别	Iris-setosa	50	0	0
	Iris-versicolor	0	48	2
	Iris-virginica	0	4	46

(b) 数据集 Ionosphere 和数据集 Breast Cancer Wisconsin(Diagnostic)的混淆矩阵

数据集 Ionosphere		预测类别		数据集 Breast Cancer Wisconsin(Diagnostic)	预测类别		
		g	b		M	B	
实际类别	g	218	7	实际类别	M	202	10
	b	14	112		B	7	350

2.5 本章小结

本章将多群体多准则差分遗传算法应用于特征选择，并采用仿真数据和UCI数据集对算法进行了验证，取得了如下研究结果：

(1) 采用仿真数据，从算法的收敛速度、种群均值等方面进行比较，验证多准则差分遗传算法能够有效地提高算法的性能；

(2) 采用仿真数据，对多群体多准则差分遗传算法与单群体多准则差分遗传算法、多群体简单遗传算法与单群体简单遗传算法进行解的质量、成功找到最佳特征子集次数等方面进行比较，验证多群体多准则对提高解的质量、最佳特征子集的稳定性和可靠性是有效的；

(3) 采用UCI数据集，并与其他算法进行比较，验证多群体多准则差分遗传算法找到的特征子集，以更少的特征数目获得更高的分类准确率；

(4) 分析了群体迁移时机和特征模式之间的关系，为利用多群体遗传算法用于特征选择提供一些可供参考的建议。

第三章 自适应参数域多群体协同优化遗传算法

3.1 引言

遗传算法由于其隐含的并行性和全局寻优能力，广泛应用于参数优化。然而，我们通常假设所要优化的参数，它们的正确值包含在给定的初始取值区间。但是，在实际的应用中，参数的取值区间有时没办法准确给出，有时会凭经验给出，就有可能参数的正确值不一定在初始取值区间内，这将可能对优化效果产生很大的影响。因为参数的正确值与给定的初始取值区间之间存在两种情况：第一，正确值包含在给定的初始取值区间内；第二，正确值不包含在给定的初始取值区间内。当出现第二种情况，并且参数的取值区间如果在算法的整个运行过程中都是固定不变，将会导致最终找到的参数优化结果并不是正确值。

有鉴于此，本章提出了自适应参数域多群体协同优化遗传算法（APMGA, Adaptive Adjustment Parameter Domain with Multiple Genetic Algorithms）。该方法能够动态自适应调整参数取值区间，使得参数初始取值区间不一直都是固定的，而是根据群体当前的运行情况动态调整，这样不仅解决了上述的第二种情况，同时也降低了对参数初始取值范围的准确度要求；并且由于参数取值区间不断在变化，也将大大提高算法的效率。本章将详细介绍APMGA的实现过程，以及算法的有效性及优越性的验证。

3.2 自适应参数域多群体协同优化遗传算法

3.2.1 算法特点

自适应调整参数域多群体协同优化遗传算法运用了多群体协同优化技术，在算法运行过程中，定期进行多群体的交流及信息的共享，有效地挖掘出包含高质量解的区域。算法的创新点体现在：

(1) 收敛速度快。因为采用多群体进行优化，每个群体都会获得一个优化结果，如果大部分或全部群体得到的结果相同或相近，则该结果作为正确值的可靠性大大提高，可以适当收窄原来的取值区间，使后代个体在更精确的区间搜索问题的解，有利于提高收敛速度；

(2) 自适应调整参数域。同样地，如果各群体现阶段找到的结果差异较大，说明现在的取值区间有正确值的概率较小，需要突破原来的取值区间进行搜索。

(3) 多群体协同优化。多群体的定期交流，使得各个群体能够及时共享这些阶段性成果，引导后代向更好的方向进化，提高搜索效率以及解的质量。有效地改进了单群体在搜索过程缺乏信息交流和挖掘，以及不能动态调整参数域的不足。

因此，本章采用多群体协同进行参数优化，并在搜索过程中自适应调整参数取值区间。同

时，对遗传算法的变异算子进行改进，采用差分变异和均匀变异相结合的变异算子，实现区间外探索和区间内开发，具有求泛和求精的能力，具体体现在：

(1) 差分变异通过缩放因子，给种群中部分个体的某些基因位提供机会在初始取值区间外取值，有机会扩展初始取值区间，解决当正确值不在初始取值区间所带来的问题，实现区间外的探索，具有求泛能力；

(2) 均匀变异给种群中另一部分个体的基因位在给定的取值区间内取值，实现区间内的开发，找到更高精度的解，具有求精能力。

3.2.2 算法流程

本章算法流程图如图 3.1 所示。

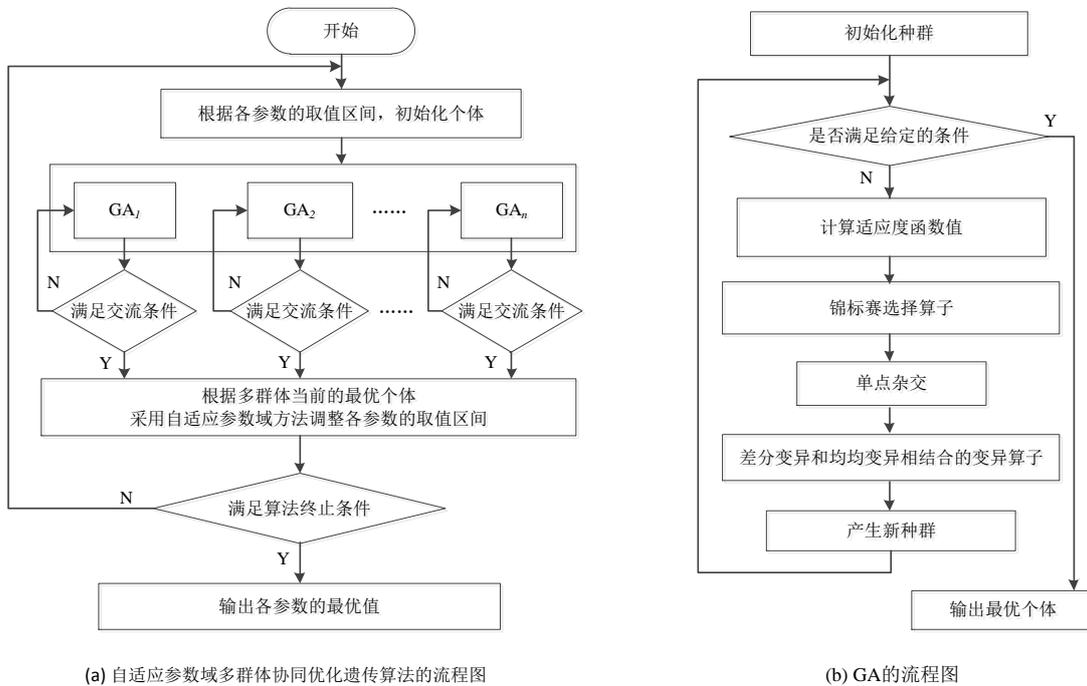


图 3.1 自适应参数域多群体协同优化遗传算法的流程图

算法具体实现过程如下：

- (1) 确定需要优化的参数，群体数目 N ，以及交叉率、变异率等遗传算子，
- (2) 给出需要优化的参数取值区间；
- (2) 根据参数的取值区间产生随机数，完成各群体个体初始化，形成初始种群；
- (3) 各群体独立采用 $GA_i, i=1,2,\dots,N$ ，进行参数优化；
- (4) 当各群体独立进化到指定代数 d ，就进行信息交流和分享；并且根据各群体的当前优化结果，自适应调整参数的取值区间；
- (5) 完成参数取值区间调整后，得到参数新的取值区间；这时，各群体根据新的参数取值

区间重新进行个体初始化，形成新种群；接着各自继续执行GA操作；

(6) 直到满足终止条件结束，输出结果。

3.2.3 关键技术

3.2.3.1 自适应调整参数域方法

由于先验知识等原因，对于所要优化的参数初始取值区间不一定能够准确给出，就会出现如图3.2(a)和图3.2(b)两种情况，其中， $[a,b]$ 为参数的初始取值区间， c 为正确值。参数的正确值与给定的初始取值区间存在两种情况：第一，正确值包含在给定的初始取值区间（图3.2(a)）；第二，正确值不包含在给定的初始取值区间（图3.2(b)）。

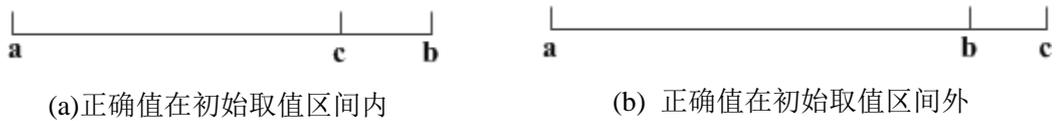


图 3.2 参数的正确值与初始取值区间的关系

当出现图3.2(b)这种情况，如果算法的设计对于参数的取值区间在整个运行过程中都是固定不变，将会导致正确值无法在给定的取值区间内找到，这将对要所优化的问题产生很大的影响。因此，如果在算法运行过程中，各群体能够将各自当前搜索情况互相分享和学习，从而挖掘出包含高质量解的区间，并自适应调整参数取值区间，这样就可以避免图3.2(b)这种情况所带到的不足。同时，也降低了对参数初始取值范围的精确度要求；并且由于参数取值区间不断在变化，将大大提高算法的效率。

自适应调整参数域方法具体如下：

假设有 m 个群体独立执行遗传算法操作，当各群体各自迭代 d 代后，它们找到的最优个体分别为 b_1, b_2, \dots, b_m ，其中 $b_i = (b_i^1, b_i^2, \dots, b_i^n)$ ， $1 \leq i \leq m$ ， n 为基因个数（即需要优化的参数个数，每个基因代表一个待优化的参数）， b_i^j 表示第 i 个最优个体的第 j 个基因（ $1 \leq j \leq n$ ）。假设对于第 j 个基因，当前 m 个最优个体在该基因上的值都比较集中，即 $b_1^j, b_2^j, \dots, b_m^j$ 的值都比较集中，我们就可以认为第 j 个基因的正确值就在附近的概率高，这时应该收窄这个基因的取值区间；反之，如果 $b_1^j, b_2^j, \dots, b_m^j$ 的值比较分散，就应该适当扩大该基因的取值区间。由于方差可以用来衡量随机变量与均值的散布度，因此，本章用方差来判断 $b_1^j, b_2^j, \dots, b_m^j$ 的值是集中还是分散，从而实现参数取值区间的自适应调整。另外，在求解第 j 个基因的均值是采用加权平均，这是因为当前最好个体 b_1, b_2, \dots, b_m 的适应度不一定都相同，具有更高适应度的 b_i ，它的基因 b_i^j 所占权重应该更大，因此第 j 个基因的均值并不是直接求平均，而是采用加权平均。

具体实现步骤如下：

(1) 当前最优个体 b_1, b_2, \dots, b_m 的适应度分别为 f_1, f_2, \dots, f_m ；

(2) 计算基因 b_i^j 的权重

$$w_j = \frac{f_j}{\sum_{i=1}^m f_i} \quad (3-1)$$

(3) 计算每个基因的加权平均 a_j ($1 \leq j \leq n$)

$$a_j = \sum_{i=1}^m w_i b_i^j \quad (3-2)$$

(4) 计算当前各群体最优个体在第 j 个基因的散布程度, 将 w_j 作为权重, 修正第 j 个基因值与均值的距离, 同时也避免异常点带来的敏感性。

$$d_j = \sum_{i=1}^m w_j (b_i^j - a_j)^2 \quad (3-3)$$

(5) 计算各基因的新取值区间

$$\begin{aligned} currLower_j &= a_j - \sqrt{d_j} \\ currUpper_j &= a_j + \sqrt{d_j} \end{aligned} \quad (3-4)$$

(6) 为了进一步加强更新后的参数取值区间的可靠性, 新的参数取值区间将综合考虑初始取值区间、至今找到的最优个体的取值区间, 以及各群体迭代 d 代调整后的取值区间。

假设第 j 个基因 ($1 \leq j \leq n$) 的初始取值区间为 $(initLower_j, initUpper_j)$, 至今找到的最优个体的取值区间为 $(gLower_j, gUpper_j)$, 各群体迭代 d 代调整后的取值区间 $(currLower_j, currUpper_j)$, 则调整后的第 j 个基因的取值区间 $(lower_j, upper_j)$ 为

$$\begin{aligned} lower_j &= 0.3 * initLower_j + 0.3 * gLower_j + 0.4 * currLower_j \\ upper_j &= 0.3 * initUpper_j + 0.3 * gUpper_j + 0.4 * currUpper_j \end{aligned} \quad (3-5)$$

至此, 各基因新的取值区间调整完毕。各群体按照新的取值区间重新初始化个体, 继续执行GA进行优化。

3.2.3.2 迁移时机

迁移时机反映了各群体在什么时候进行信息的交流和迁移, 如果这个时机选择不当, 会降低优化的性能。对于迁移时机, 可以采用的方法有:

(1) 各群体每迭代固定的代数后, 就进行信息交流和迁移; 这种方法的关键是选择合适的固定代数。

(2) 以反映当前种群状况的某个(些)特性作为迁移依据, 当优化达到一定条件时才进行迁移。这种方法的关键是特性的选择。

本章算法采用上述的第1种方法, 预先设定一个最大停滞代数 d , 当各群体都满足停滞条件时, 就暂停优化, 进行参数域的调整。

3.2.3.3 改进遗传算法

由于每个群体都独立地在相同的参数取值区间进行初始化种群, 接着执行遗传算法的选择、交叉和变异等操作, 当各群体迭代 d 代后, 就暂停进化, 进行各群体的交流和更新参数取值区间。

本章算法采用的遗传算法是对简单遗传算法的变异算子进行了改进，采用了差分变异和均匀变异相结合的方法。下面介绍改进遗传算法的主要实现技术（包括编码、选择、交叉及变异）。

（1）编码

采用实数编码。设所研究的问题共有 n 个参数需要优化，则每个参数就作为个体的一个基因，即每个个体由 n 个基因组成，若干个体就形成了种群。

（2）选择算子和交叉算子

选择算子：由于求解的最小化问题，本章遗传算法选用锦标赛选择算子。锦标赛选择的核心思想是，一次随机抽出若干个染色体（个体），并将这组染色体中适应度最大的一个个体选入下一代。不断重复这个过程，直到达到种群规模为止。

交叉算子：采用单点交叉和固定的交叉概率 p_c ，即各个体根据交叉概率 p_c 决定是否参与交配，不参与的个体直接放入下一代；需要参与交配的，则每次选出2个个体交换各自的部分基因，形成2个新的子代个体放入下一代。

（3）变异算子

变异算子的作用主要是提高种群的多样性，防止早熟。本章算法采用的变异算子，除了增加种群的多样性和提高解的精度外，还提供机会给个体基因向取值区间外进行不断探索，这样有利于解决当正确值不在初始取值区间时产生的找不到正确值的问题。因此，本章算法采用两种变异算子。对于任一个群体，假设种群规模为 $popsiz$ e，则其中的 k 个个体的基因采用差分变异，剩下的 $popsiz$ e- k 个个体的基因采用均匀变异。

差分变异：在每一个新个体的生成过程中用到了父代多个个体的线性组合。首先在 k 个个体中随机选出3个个体，使用式（3-6）计算新个体在基因位 i 的取值。

$$h_i = r1^{(i)} + F * (r2^{(i)} - r3^{(i)}) \quad (3-6)$$

式中： $rj^{(i)}$ 表示个体 $rj(j=1,2,3)$ 的第 i 个基因值； $1 \leq i \leq n$ ， n 为个体的基因数目。 F 为缩放因子，一般是取值范围为 $[0,2]$ 的常量，用于控制差分向量的扰动程度。本章 $F=0.5$ 。差分变异除了提高种群多样性外，还可以通过缩放因子，给 k 个个体的某些基因位提供机会在初始取值区间外取值。当更新基因取值区间时，就有机会扩展初始取值区间，解决当正确值不在初始取值区间所带来的问题。

均匀变异：对于 $popsiz$ e- k 个个体中的每个个体，根据变异概率 p_m 选出要变异的基因，然后在该基因的取值区间内产生一个随机数来取代该基因的值。

3.3 算例验证

本章采用了文献^[108]提供的求最小值的8个标准函数作为算例，如表3.1所示。这8个标准函数 $f_1 - f_8$ 都是高维问题，维数 $n=30$ ，其中， $f_1 - f_5$ 是单峰函数， $f_6 - f_8$ 是存在很多局部最优解的多峰函数。

由于遗传算法的定义是适应度越高，个体的生存能力越强，所以遗传算法的适应度函数定义为：

$$F(x) = -fabs(f(x) - f_{min}) \quad (3-7)$$

其中， f_{min} 为表3.1中的“最小值”。也就是误差越小，对应的适应度就越高，反之亦然。

为了验证算法的性能，下面将给出参数在两种情况下的初始取值区间，分别是函数最小值时，其对应的最小值坐标（参数正确值）包含在初始取值区间内（称为“区间内”）和最小值坐标（参数正确值）不包含在初始取值区间内（称为“区间外”），如表3.2所示。

表 3.1 标准函数

函 数	维度 n	定义域	最小值
$f_1(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2$	30	$[-100,100]^n$	0
$f_2(x) = \sum_{i=1}^n x_i + \prod_{i=1}^n x_i $	30	$[-10,10]^n$	0
$f_3(x) = \sum_{i=1}^n (\sum_{j=1}^i x_j)^2$	30	$[-100,100]^n$	0
$f_4(x) = \max_i \{ x_i , 1 \leq i \leq 30\}$	30	$[-100,100]^n$	0
$f_5(x) = \sum_{i=1}^{n-1} [100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2]$	30	$[-30,30]^n$	0
$f_6(x) = -20 \exp(-0.2 \sqrt{\frac{1}{30} \sum_{i=1}^n x_i^2}) - \exp(\frac{1}{30} \sum_{i=1}^n \cos 2\pi x_i) + 20 + e$	30	$[-32,32]^n$	0
$f_7(x) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos(\frac{x_i}{\sqrt{i}}) + 1$	30	$[-600,600]^n$	0
$f_8(x) = 0.1\{\sin^2(\pi 3x_1) + \sum_{i=1}^{n-1} (x_i - 1)^2 [1 + \sin^2(3\pi x_{i+1})] + (x_n - 1)^2 [1 + \sin^2(2\pi x_n)]\} + \sum_{i=1}^n u(x_i, 5, 100, 4)$ $u(x_i, a, k, m) = \begin{cases} k(x_i - a)^m, & x_i > a \\ 0, & -a \leq x_i \leq a \\ k(-x_i - a)^m, & x_i < -a \end{cases}$	30	$[-50,50]^n$	0

表 3.2 参数的两种初始取值区间

函数	最小值	最小值坐标(参数正确值)	区间内	区间外
$f_1(x)$	0	(0,0,...,0)	$[-100,100]^n$	$[100,500]^n$
$f_2(x)$	0	(0,0,...,0)	$[-10,10]^n$	$[10,100]^n$
$f_3(x)$	0	(0,0,...,0)	$[-100,100]^n$	$[-500,-100]^n$
$f_4(x)$	0	(0,0,...,0)	$[-100,100]^n$	$[-500,-100]^n$
$f_5(x)$	0	(1,1,...,1)	$[-30,30]^n$	$[-500,-50]^n$
$f_6(x)$	0	(0,0,...,0)	$[-32,32]^n$	$[1,10]^n$
$f_7(x)$	0	(0,0,...,0)	$[-600,600]^n$	$[-1000,-500]^n$
$f_8(x)$	0	(1,1,...,1)	$[-50,50]^n$	$[10,100]^n$

3.3.1 参数设置

本章算法采用多群体并定期交流信息，信息迁移时机的选择很关键，太早交流不利于分享到当前种群更优的信息，太迟交流容易导致算法进化停滞。所以下面首先在不同的迁移时机对算法的性能进行比较，从而选取合适的迁移时机用于后面的算法测试。

另外，本章算法以基本遗传算法（SGA）为基础，采用均匀变异和差分变异相结合的变异算子，同时采用多群体且每个群体独立执行遗传算法操作搜索问题的解，定期交流分享信息，实现参数取值区间的自适应调整。因此，为了分析算法各方面的改进性能，本章算法APMGA与单群体遗传算法（Single-GA，Single Genetic Algorithm）、差分遗传算法（Different Evolution and Genetic Algorithm, DEGA）、简单遗传算法（SGA）进行比较，研究分析差分变异、均匀变异以及多群体在参数两种不同初始取值区间下，对算法最终优化效果的作用。四种算法主要的区别在于变异算子、是否采用多群体技术、迁移时机与调整参数取值区间这四个方面，具体如表3.3所示。

为了保证比较的有效性，四种算法的相同参数设定如下：种群规模 $popsiz=100$ ，算法最大迭代次数是10000代，锦标赛选择算子，单点交叉算子，交叉概率为0.7，变异概率为0.05；同时，为了减少统计误差，每种算法各运行50次。

表 3.3 四种算法的变异算子及其他参数

遗传算子及参数	APMGA	Single-GA	DEGA	SGA
变异算子	均匀变异+差分变异	均匀变异+差分变异	差分变异	均匀变异
群体数目	4	1	1	1
迁移时机	每个群体各自迭代 $d=20$ 代	无	无	无
调整参数取值区间	是	否	否	否

3.3.2 实验结果及分析

算法验证将从迁移时机、参数域自适应调整过程、与其他3种算法在最优值、均值、方差和收敛速度等方面的性能进行比较；其中，迁移时机的测试是为了验证多群体迁移时机太早或太晚对优化结果的影响，从而选出合适的迁移时机用于后续验证测试；参数域自适应调整过程则是为了验证参数域调整设计思路的正确性；与其他算法在各方面指标的比较是为了验证算法的有效性及其优势性。

3.3.2.1 迁移时机

为了分析迁移时机太早或太晚对算法性能的影响，下面将迁移时机在以下4种情况下的优化结果进化比较及分析，其中“最优值”是指50次测试中找到的最优值，“平均值”是指50次结果

的平均。其中表3.4和表3.5中的 d 表示各群体独立迭代 d 代后才进行迁移或交流。

表 3.4 不同迁移时机 8 个标准函数的最优值和平均值（区间内）

函数	最优值				平均值			
	$d=5$	$d=20$	$d=50$	$d=100$	$d=5$	$d=20$	$d=50$	$d=100$
f_1	5.28E-12	1.00E-12	6.74E-13	5.35E-07	1.62E-10	3.25E-12	2.72E-12	1.24E-06
f_2	8.93E-06	5.61E-06	3.46E-06	3.06E-04	2.09E-04	8.68E-06	5.47E-06	5.28E-04
f_3	5.57E-06	1.69E-11	3.93E-08	0.00447	9.47E-01	4.70E-11	2.53E-07	9.92E-03
f_4	1.35536	2.36E-06	2.24E-06	0.00334	2.27611	4.26E-06	4.26E-06	5.46E-03
f_5	18.016	0.0049	9.99162	18.7752	24.71005	0.18829	11.46771	19.86548
f_6	1.87E-06	1.11E-06	7.04E-07	1.74E-04	0.10858	1.78E-06	1.13E-06	2.72E-04
f_7	9.18E-14	3.87E-14	2.08E-14	9.00E-08	1.66E-13	8.83E-14	4.85E-14	2.21E-07
f_8	1.55E-12	4.54E-13	2.85E-13	4.86E-08	4.58E-03	8.84E-13	4.52E-13	1.07E-07

表 3.5 不同迁移时机 8 个标准函数的最优值和平均值（区间外）

函数	最优值				平均值			
	$d=5$	$d=20$	$d=50$	$d=100$	$d=5$	$d=20$	$d=50$	$d=100$
f_1	9.02E-12	1E-12	1.18E-12	1.13E-05	1.38E-10	3.36E-12	2.83E-12	2.57E-05
f_2	7.32E-06	6.75E-6	3.79E-06	4.22E-03	0.02928	8.66E-6	6.13E-06	1.00E+08
f_3	1.52E-03	2.02E-11	2.29E-06	0.40717	100.5743	4.64E-11	2.81E-05	0.75384
f_4	212.67	1.33E-5	1.55E-05	0.01622	234.8484	3.38E-5	3.41E-05	0.02763
f_5	23.572	0.06439	13.863	23.7067	97756.83	0.70166	14.90277	8.20E+08
f_6	1.34042	1.19E-6	7.13E-07	5.24E-05	2.36965	1.78E-6	1.19E-06	7.77E-05
f_7	2.00E-12	2E-12	2.00E-12	3.36E-07	2.00E-12	2E-12	2.00E-12	7.63E-07
f_8	1.62E-11	4.63E-13	2.12E-13	6.69E-08	6.80E+08	1.54E-03	6.59E-04	2.74E-07

从表3.4和表3.5中可以看出，参数取值区间是区间内还是区间外，总体来说 $d=20$ 和 $d=50$ 时8个标准函数的最优值总体比 $d=5$ 或 $d=100$ 时的结果更优；而对于 $d=20$ 和 $d=50$ 两种情况，当 $d=20$ 时，函数 f_3 和 f_5 占有明显的优势。因此，下面算法的测试选择的迁移时机选择 $d=20$ ，即各群体独立迭代20代后就进行交流。

3.3.2.2 参数取值区间的自适应调整

由于8个标准函数都是高维函数，同一个函数的各参数初始取值区间都是相同的，因此，下面将对每个函数只取一维显示其取值区间的调整过程。另外，由于算法的最大迭代数是10000，各群体都迭代20代后才进行交流并调整取值区间，本章算法APMGA采用4个群体，因此算法终

止时共进行了125次区间调整。由于大部分函数经过45次调整后，取值区间变化不太甚至不变，趋于稳定，所以图3.3和图3.4的参数取值区间调整过程一般选取前45次，有个别函数则需要进行稍多些的调整才基本稳定（例如，函数 f_5 ）。在图3.3和图3.4中，横坐标表示参数取值区间的调整次数，纵坐标表示区间上、下边界的取值；图名 f_i-x_i 表示函数 f_i 的第 i 维参数。

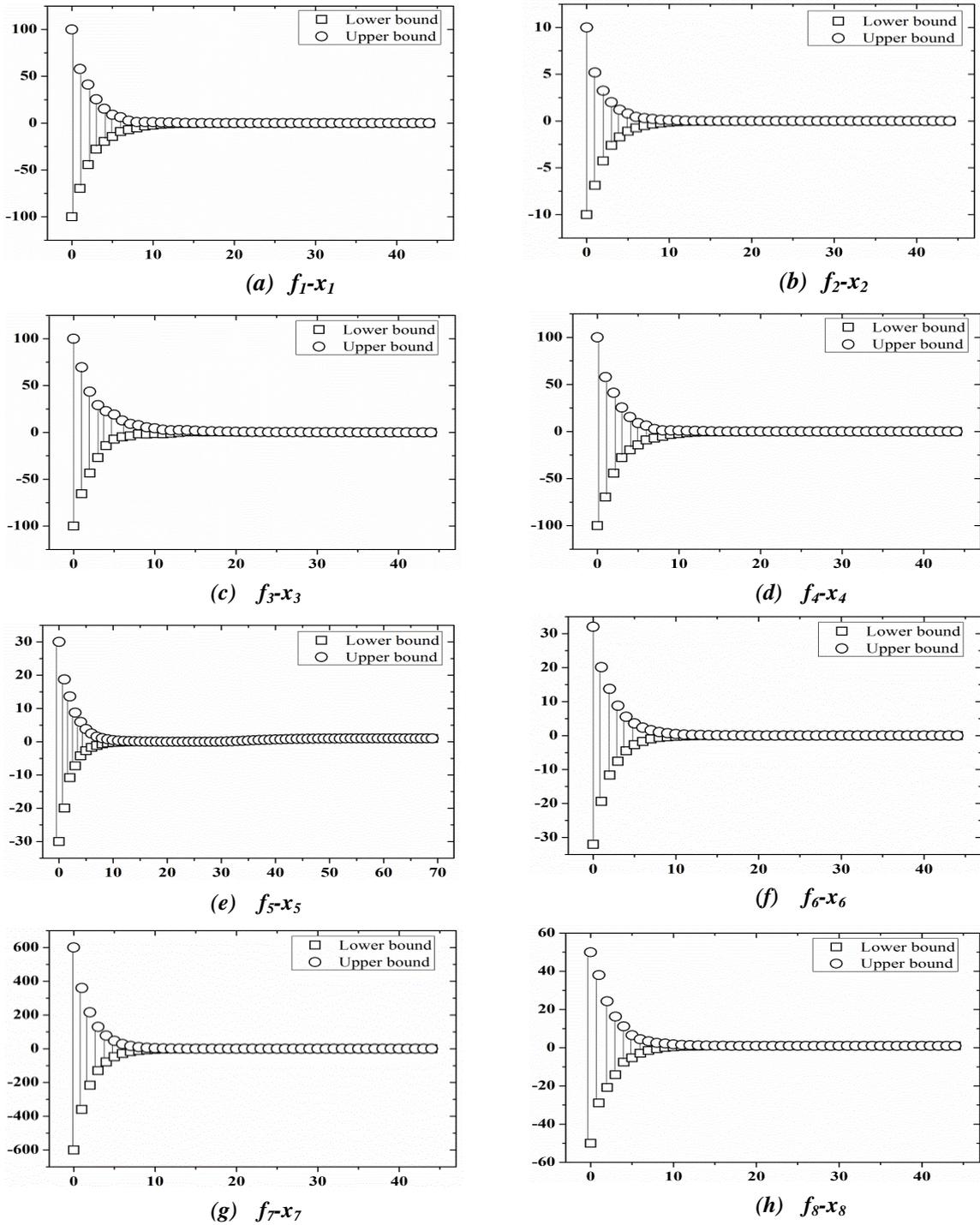


图 3.3 8 个标准函数的其中一维参数取值区间的自适应调整过程（区间内）

从图 3.3 可以看出, 参数取值区间是“区间内”的情况下, 参数区间的每次调整都是在不断地收窄, 这表明了各群体当前各自找到的最优个体所对应的参数值都比较集中, 说明参数的最优值在该区域的概率很大, 这时就可以收窄当前取值区间, 使得后续的进化在更窄的区域内搜索, 大大加快了求解的速度。

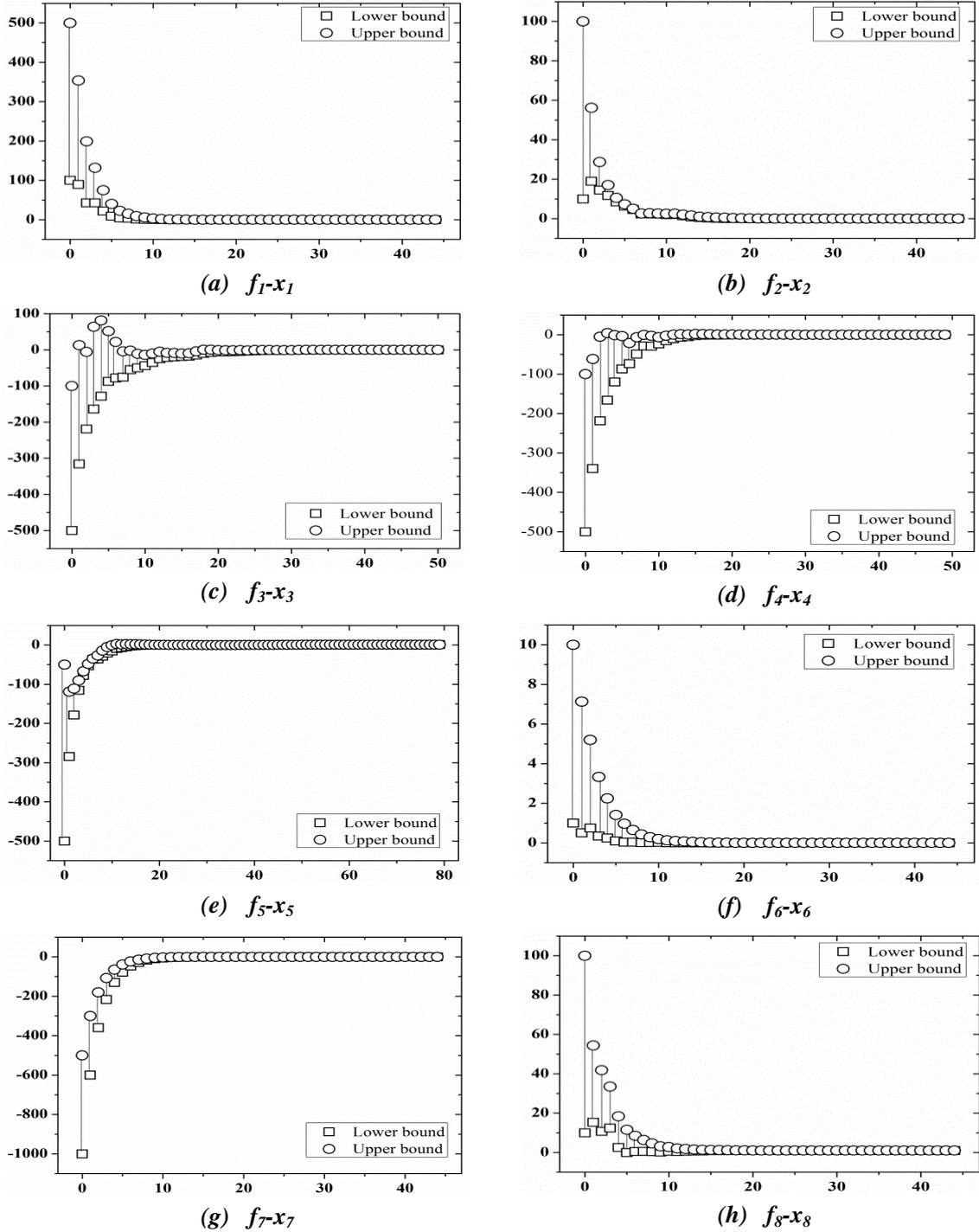


图 3.4 8 个标准函数的其中一维参数取值区间的自适应调整过程 (区间外)

从图3.4可以看出，参数取值区间是“区间外”的情况下，参数的取值区间不断地向参数正确值的方向靠拢，说明各群体当前找到的最优个体对区间调整具体很好的导向性。图3.3和图3.4验证了参数取值区间自适应调整方法是可行且有效的。

3.3.2.3 与其他算法的比较

(1) 4种算法的最优值、平均值和标准差

下面分别对参数的初始取值区间为“区间内”和“区间外”这两种情况，对4种算法各运行50次，并根据50次测试结果统计出最优值 (Best)、平均值 (Mean) 和标准差 (Std.Dev)，结果分别如表3.6和表3.7所示。

表 3.6 四种算法 8 个标准函数在区间内的最优值、平均值和标准差

算法		f_1	f_2	f_3	f_4	f_5	f_6	f_7	f_8
APMGA	Best	1.00E-12	5.61E-06	1.69E-11	2.36E-06	0.0049	1.11E-06	3.87E-14	4.54E-13
	Mean	3.25E-12	8.68E-06	4.70E-11	4.26E-06	0.18829	1.78E-06	8.83E-14	8.84E-13
	Std.Dev.	1.68E-12	1.33E-06	1.84E-11	1.42E-06	0.78703	2.43E-07	2.13E-14	2.41E-13
Single-GA	Best	9.24E-11	6.87E-06	1.02E-05	2.58E-04	0.1471	1.18E-05	5.25E-06	2.86E-09
	Mean	1.05E-09	3.42E-05	3.85E-05	4.68E-04	27.38107	3.35E-05	0.01195	3.55E-08
	Std.Dev.	7.37E-10	2.02E-05	2.24E-05	1.17E-04	19.00411	1.35E-05	0.01558	2.47E-08
DEGA	Best	1.68E-07	9.29E-55	5.48E-07	0.817673	23.9413	1.34044	0.0291826	1.34939
	Mean	0.177249	0.0203206	0.168696	1.77104	55601.4	2.5068	0.872663	356643
	Std.Dev.	0.300051	0.0923129	0.377073	0.468571	98363.1	0.661186	1.24145	1.03E+06
SGA	Best	7.37E-06	1.06E-02	1.33E-01	1.67E-02	1.95E+00	3.87E-03	3.34E-03	6.05E-05
	Mean	4.39E-05	2.44E-02	1.11E+00	7.98E-02	1.48E+02	8.93E-03	1.12E-01	4.33E-03
	Std.Dev.	1.70E-05	1.64E-02	4.19E-01	3.62E-02	6.32E+01	5.80E-03	3.51E-02	5.17E-04

从表3.6中可以看出：

1) 函数最小值时各参数正确值包含在初始取值区间内（即表2的“区间内”列），4种算法的最优值都接近函数的最小值，但接近的程度还是有明显的不同。

2) 4种算法中，DEGA在函数 f_2 找到的最优值解的精度最高，达到 10^{-55} 数量级，但从标准差可看出稳定性不太好；这反映了差分变异有潜力找到精度高的解，但不稳定，需要与其他方法结合，发挥差分变异潜力的同时保证其稳定性。

3) Single-GA与DEGA、SGA相比，Single-GA的优化结果明显优于它们，说明均匀变异与差分变异相结合的变异算子，有利于提高求解精度。

4) APMGA在Single-GA的基础上，采用了多群体且实施定期交流信息，并根据各群体最优

个体的信息自适应调整参数取值区间，使得进化更有导向性。因此，APMGA在7个标准函数找到的最优值都远远优于其他3种算法。特别是函数 f_1 、 f_3 、 f_7 和 f_8 的最优值达到 10^{-11} 数量级以上。同时，7个标准函数在50次运行结果的平均值都非常接近最优值，标准差也很小，表明算法的稳定性好（ f_5 稳定性稍差些）。

表 3.7 四种算法 8 个标准函数在区间外的最优值、平均值和标准差

算法		f_1	f_2	f_3	f_4	f_5	f_6	f_7	f_8
APMGA	Best	1.00E-12	6.75E-06	2.02E-11	1.33E-05	0.06439	1.19E-06	2.00E-12	4.63E-13
	Mean	3.36E-12	8.66E-06	4.64E-11	3.38E-05	0.70166	1.78E-06	2.00E-12	0.00154
	Std.Dev.	1.89E-12	9.85E-07	2.64E-11	1.45E-05	0.93126	2.46E-07	0	0.00385
Single-GA	Best	6.01E-06	3.49E-04	0.3595	0.0597	8.30867	2.62E-05	9.82E-05	7.52E-08
	Mean	8.50E-05	0.00122	1.72298	0.1106	1437.086	6.36E-05	0.01844	7.37E-07
	Std.Dev.	7.00E-05	6.33E-04	1.18852	0.03128	3733.019	2.89E-05	0.02398	7.81E-07
DEGA	Best	1.86E-02	2.28E-56	1.55E+00	244.96	1.59E+07	1.64996	0.018897	38719.8
	Mean	8547.8	2.23982	25301.9	295.363	7.13E+10	3.51997	10.453	7.97E+07
	Std.Dev.	14428.6	9.93914	42599.5	20.796	1.12E+11	1.02731	13.1628	1.31E+08
SGA	Best	300139	1.01E+30	9.46E+07	100.83	1.89E+10	3.62676	1876.18	1.88E+06
	Mean	300219	1.02E+30	9.46E+07	102.36	1.89E+10	3.62797	1876.32	1.89E+06
	Std.Dev.	35.7698	5.64E+27	12053.3	0.83245	1.08E+07	5.06E-04	0.06486	2506.85

从表3.7中可以看出：

1) 当参数的取值区间为“区间外”时，SGA的最优值与函数最小值相差非常大；

2) DEGA在函数 f_2 表现非常出色，找到的最优值精度很高，在函数 f_1 和 f_7 找到的最优值也还可以。由于DEGA采用差分变异算子，参数的取值有机会突破当前的取值区间，适当在取值区间外进行探索；但从标准差可以看出，稳定比较差。而SGA采用均匀变异算子，参数的取值一直都是在初始取值区间，这说明了当参数正确值在初始取值区间外时，如果参数的取值区间一直没有调整，并且遗传算子没有机会适当在取值区间外进行探索，这将严重影响算法最终的优化效果。

3) 由于Single-GA采用了均匀变异与差分变异相结合的变异算子，差分变异通过缩放因子 F ，给某些个体的基因（参数）提供机会在初始取值区间外取值，实现在取值区间外进行搜索，所以Single-GA即使在区间外情况下得到的最优值也相对比较理想。

4) APMGA则在Single-GA的基础上，采用了多群体且定期交流，并自适应调整参数的取值区间，因此，即使在区间外的情况下，也能找到与在区间内相差不大的结果，并明显优于其他3

种算法，从标准差可看出算法总体稳定好。因此，APMGA能有效降低对参数初始取值区间准确度的要求。

(2) 4种算法的收敛速度

对于单峰问题，由于不存在陷入局部最优的问题，因此在算法性能上更加注重收敛速度与求解精度；而对于多峰函数，由于存在多个局部最优解，所以算法很容易陷入局部最优，因此算法更加注重的是全局搜索能力。由于求解精度在表3.6和表3.7进行了比较，APMGA取得了明显的优势，下面就主要比较4种算法的收敛速度或全局搜索能力。下面选取表1中的单峰函数 f_1 和多峰函数 f_8 对4种算法分别在单峰和多峰问题上的性能进行比较和分析。

程序迭代的最大代数是10000代，为了更清晰地观察及比较4种算法的寻优结果，在程序结束前设置20个输出点，表3.8为 f_1 在区间内和区间外的20个输出点及其对应的寻优结果。表3.9为 f_8 在区间内和区间外的20个输出点及其对应的寻优结果。另外，由于SGA和DEGA在区间外情况下大部分函数（SGA是全部函数）的最优值与函数的最小值相差太大，因此对于区间外情况，只进行APMGA与Single-GA这两种算法的收敛速度或全局搜索能力的比较。

表 3.8 四种算法单峰函数 f_1 在区间内和区间外的测试结果

迭代 代数	区间内				区间外	
	APMGA	Single-GA	DEGA	SGA	APMGA	Single-GA
500	26.8952	3.50925E-4	0.000739	0.01414	1196.09	5.52523
1000	0.06499	8.97843E-6	1.80E-07	0.00139	3.1201	0.1946
1500	1.92254E-4	2.84034E-6	1.68E-07	8.18556E-4	0.00404	0.0305
2000	3.38722E-7	4.50023E-7	1.68E-07	7.24605E-4	8.92005E-6	0.01167
2500	2.06353E-10	7.78696E-8	1.68E-07	6.99603E-4	5.93971E-9	0.00794
3000	2.08131E-12	1.30896E-8	1.68E-07	3.22432E-4	1.09445E-11	0.00563
3500	1.09354E-12	1.30711E-8	1.68E-07	1.45273E-4	1.68958E-12	0.00108
4000	1E-12	5.71006E-9	1.68E-07	1.26912E-4	1.00587E-12	6.64044E-4
4500	1E-12	1.27974E-9	1.68E-07	3.12031E-5	1.00013E-12	3.97279E-4
5000	1E-12	9.58285E-10	1.68E-07	2.96405E-5	1E-12	2.28681E-4
5500	1E-12	9.58285E-10	1.68E-07	2.90545E-5	1E-12	2.28681E-4
6000	1E-12	3.66749E-10	1.68E-07	2.16322E-5	1E-12	2.2821E-4
6500	1E-12	3.66749E-10	1.68E-07	1.57724E-5	1E-12	1.77504E-4
7000	1E-12	3.66749E-10	1.68E-07	1.57724E-5	1E-12	1.3947E-4
7500	1E-12	3.57232E-10	1.68E-07	1.40145E-5	1E-12	1.10883E-4

8000	1E-12	3.57232E-10	1.68E-07	1.28426E-5	1E-12	2.584E-5
8500	1E-12	3.08725E-10	1.68E-07	1.28426E-5	1E-12	2.58336E-5
9000	1E-12	3.08725E-10	1.68E-07	7.3735E-6	1E-12	9.55655E-6
9500	1E-12	1.97064E-10	1.68E-07	7.3735E-6	1E-12	7.31393E-6
10000	1E-12	9.24248E-11	1.68E-07	7.3735E-6	1E-12	6.00686E-6

表 3.9 四种算法多峰函数 f_8 在区间内和区间外的测试结果

迭代 代数	区间内				区间外	
	APMGA	Single-GA	DEGA	SGA	APMGA	Single-GA
500	4.80544	0.00963	4.04654	0.17417	34.0925	0.23225
1000	0.13392	7.8563E-5	1.35315	0.02549	0.49706	0.00107
1500	9.96596E-4	2.77436E-5	1.34972	0.01969	0.0088	4.79935E-4
2000	5.1253E-6	5.05099E-6	1.3494	0.0138	4.21845E-5	8.70485E-5
2500	4.46393E-8	1.74845E-6	1.34939	0.01144	1.57574E-7	8.69108E-5
3000	4.00979E-10	6.95653E-7	1.34939	0.00529	1.50429E-9	3.48069E-5
3500	2.80014E-12	6.08866E-7	1.34939	0.00227	9.53384E-12	1.89977E-5
4000	5.43905E-13	6.08866E-7	1.34939	0.00206	5.89435E-13	1.89977E-5
4500	4.72722E-13	4.84475E-7	1.34939	0.0017	4.8951E-13	1.89977E-5
5000	4.72722E-13	4.06418E-7	1.34939	0.00162	4.8951E-13	1.13658E-5
5500	4.72722E-13	3.89009E-7	1.34939	0.00102	4.63003E-13	5.90769E-6
6000	4.5425E-13	3.89009E-7	1.34939	8.5634E-4	4.63003E-13	1.69749E-6
6500	4.5425E-13	2.15523E-7	1.34939	7.99689E-4	4.63003E-13	5.08237E-7
7000	4.5425E-13	2.12773E-7	1.34939	7.29618E-4	4.63003E-13	4.22776E-7
7500	4.5425E-13	2.08717E-7	1.34939	3.25101E-4	4.63003E-13	1.7009E-7
8000	4.5425E-13	2.08717E-7	1.34939	2.70539E-4	4.63003E-13	1.7009E-7
8500	4.5425E-13	4.32215E-8	1.34939	2.11791E-4	4.63003E-13	1.7009E-7
9000	4.5425E-13	1.56751E-8	1.34939	1.09658E-4	4.63003E-13	1.7009E-7
9500	4.5425E-13	8.74915E-9	1.34939	1.09658E-4	4.63003E-13	1.7009E-7
10000	4.5425E-13	2.86348E-9	1.34939	6.04545E-5	4.63003E-13	7.51504E-8

从表3.8和表3.9可以看出,

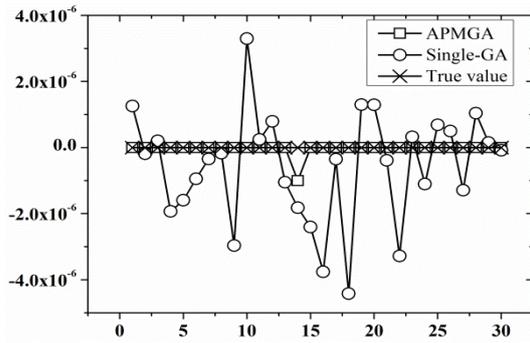
1) 对于单峰函数 f_1 , 参数取值区间是区间内和区间外时, APMGA的收敛速度明显优于其他算法。

2) 当参数取值区间是区间内时, APMGA在4000代已经收敛到最优值; 当参数取值区间是区间外时, 则在5000代收敛到最优值; 对于多峰函数 f_3 , 也同样获得明显的优势。这说明了算法在求解问题的过程, 采用多群体以及定期交流, 各个群体能够及时共享这些阶段性成果, 并自适应调整参数取值区间, 通过参数取值区间的调整, 后代能在相对更准确的取值区间内搜索, 最终使得在单峰函数的收敛速度、多峰函数的全局搜索能力大大增强了。

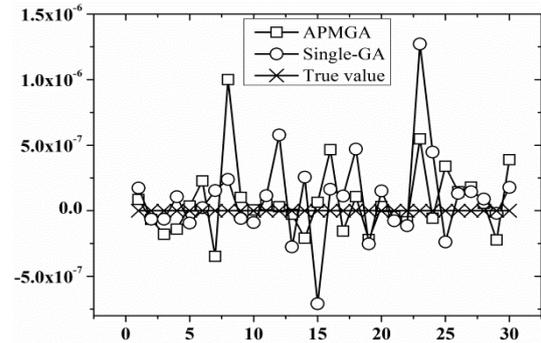
3) 同时, 结合前面表3.6和表3.7解的精度, 可以得到APMGA以更快的速度找到更优的值。

(3) 算法找到的最优值所对应的参数值

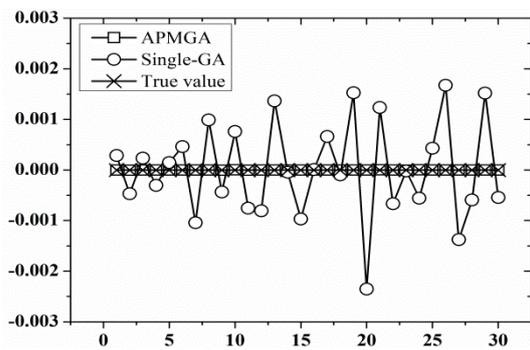
前面对4种算法的求解精度和收敛速度进行了分析比较。下面将对表3.1的8个标准函数找到最优值时(在“区间内”和“区间外”两种情况下), 该函数的参数 x_1-x_{30} 优化结果进行比较分析。根据前面表3.6和表3.7的比较分析可知SGA和DEGA算法找到的8个函数最优值总体相对较差, 而Single-GA与APMGA算法找到的最优值更接近, 所以下面就只将APMGA、Single-GA算法的参数优化结果与参数正确值(图中“True value”)进行比较, 结果分别如图3.5和图3.6所示。其中, 图3.5和图3.6中横坐标表示参数 x_1-x_{30} , 纵坐标表示参数优化结果。



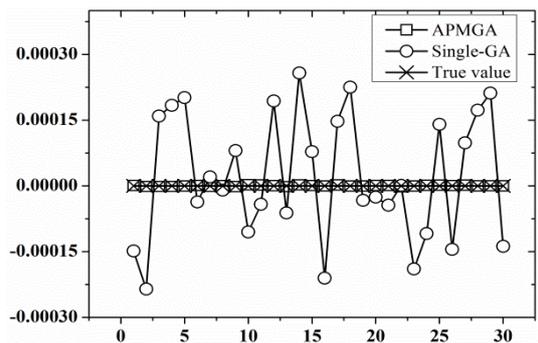
(a) 函数 f_1



(b) 函数 f_2



(c) 函数 f_3



(d) 函数 f_4

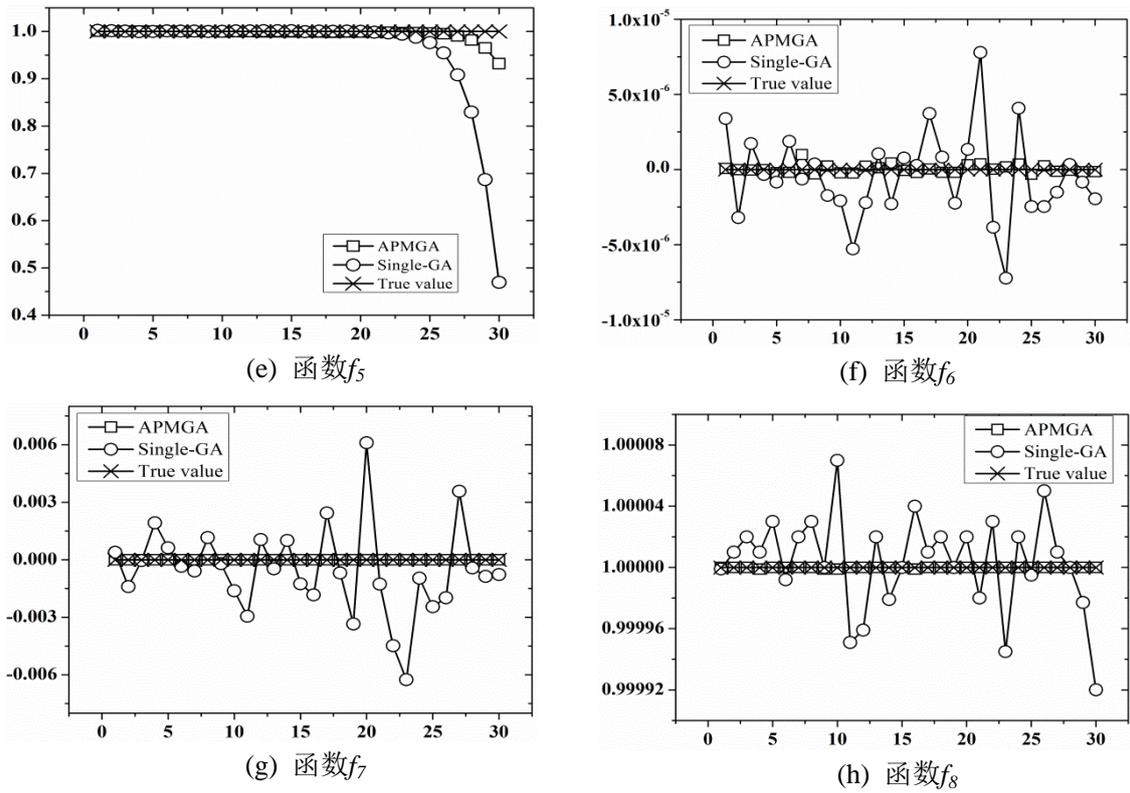
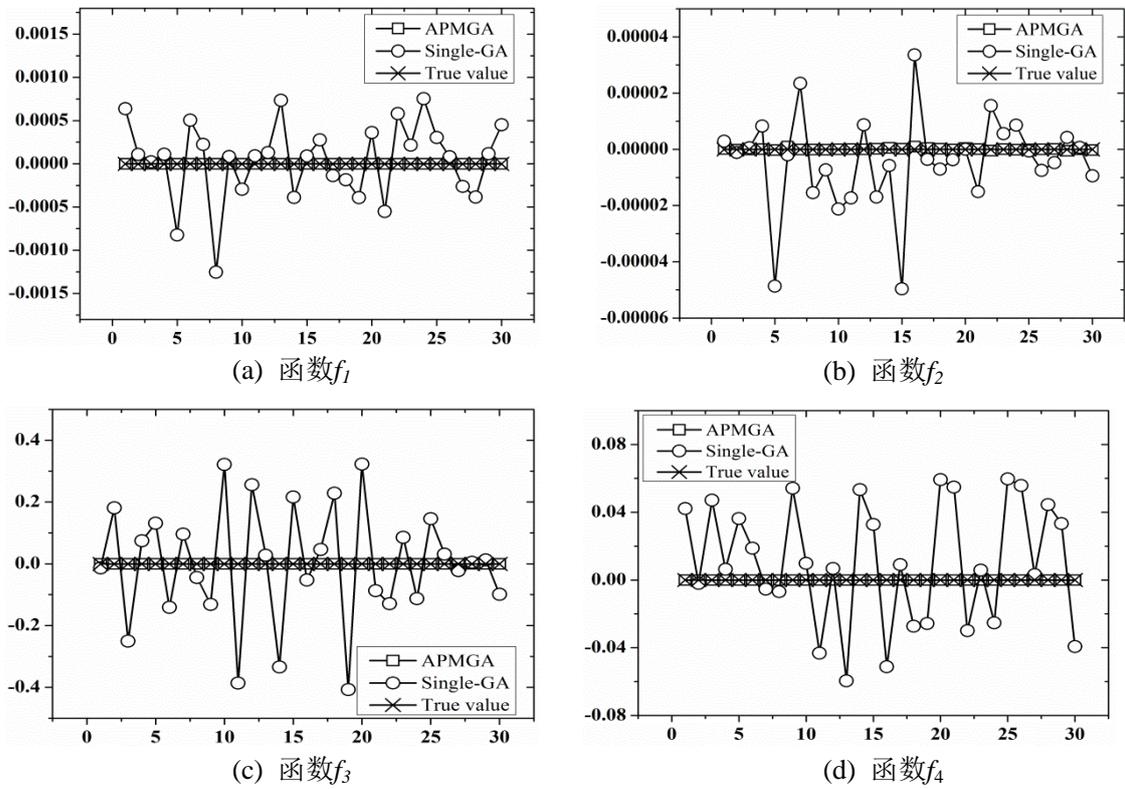


图 3.5 8 个标准函数最优值所对应的 30 个参数优化结果 (区间内)



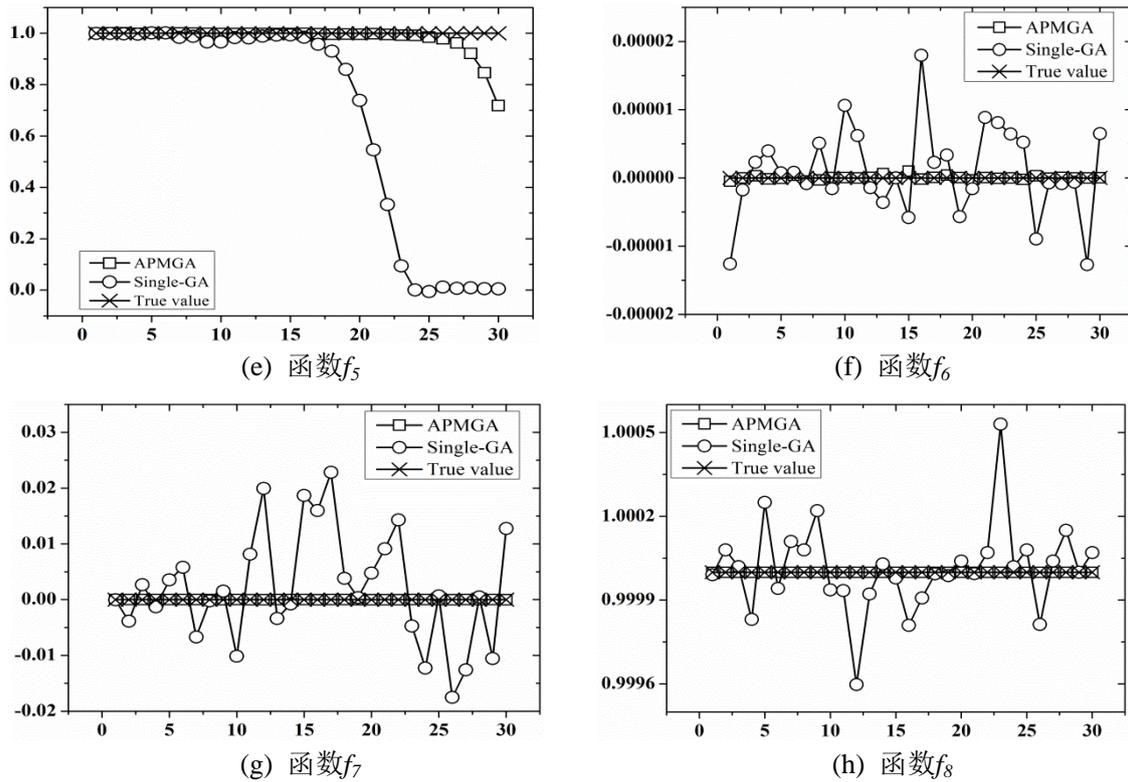


图 3.6 8 个标准函数最优值所对应的 30 个参数优化结果（区间外）

从图3.5和图3.6可以看出，不管参数的初始取值区间是区间内还是区间外，APMGA都取得明显的优势，8个标准函数最优值时所对应的30个参数优化结果基本都与参数的正确值相等或者非常接近正确值。特别是参数取值区间在区间外的情况下，虽然参数正确值不在初始取值区间，但参数的优化结果也很理想。

3.4 本章小结

本章对自适应参数域多群体协同优化遗传算法进行详细阐述，采用8个标准函数（高维的单峰函数和多峰函数）对算法的性能进行验证，并与其他算法进行比较，结论如下：

(1) 多群体迁移时机对算法性能有较大的影响，迁移时机太早或太晚都不利于及时分享到当前群体更有用的信息。

(2) 通过观察在算法运行过程中参数区间的自适应调整过程，验证了自适应参数域调整思路及方法的正确性。这也启示我们要关注算法运行过程中的信息，挖掘出有用的信息，引导各群体向更优的方向进化。

(3) 与其他三种算法在最优解、平均值、标准差和收敛速度等方面的比较，本章自适应参数域多群体协同优化遗传算法均具有明显优势，充分验证了新方法的正确有效性。

第四章 Mul-MEDGA 方法在航空发动机智能诊断特征选择中的应用

4.1 引言

航空发动机故障诊断首先面临大量故障特征，特征的冗余性和互斥性对于故障诊断的精度具有很大的影响。因此，如何提取和选择出最为重要的特征量对于提高故障诊断的精度和效率具有重要意义。当前，人工智能、机器学习、数据挖掘和计算智能等领域得到迅速发展，产生了很多新理论和新方法，并在很多领域得到广泛应用，取得了良好的效果。基于此，将人工智能技术和计算智能等方法应用于航空发动机故障诊断，是实现航空发动机故障智能诊断的发展趋势。

本章将多群体多准则差分遗传算法（Mul-MEDGA）运用于典型的航空发动机智能诊断技术中的特征选择，针对航空发动机滚动轴承故障信号的多维特征选择展开研究，并对特征选择结果的正确有效性进行分析和验证。

4.2 航空发动机滚动轴承故障特征选择研究

滚动轴承作为航空发动机的关键部件，直接影响着飞行安全。为了实现滚动轴承状态的监测，需要采集滚动轴承的工况监测参数和状态监测参数。例如，在特征提取方面，广泛应用的时域统计参数有峰值、有效值、波形因子、峰值因子、峭度因子和裕度因子等^{[109]-[111]}；基于频域的特征提取方法主要有幅值谱分析、功率谱分析、倒谱分析、高阶谱分析和包络谱分析等^{[112]-[116]}；基于时频分析的特征提取方法主要有短时傅里叶变换、Wigner-Ville分布、小波及小波包分析、经验模式分解、谱峭度、奇异值分解等^{[117]-[120]}。但由于单一特征易受外界条件干扰，不同特征对不同故障的灵敏度不同等原因，仅依据某一特征对轴承进行状态评估，效果往往不够理想，难以在实际工程中应用；在实际检测中，要求评估方法要有很好的鲁棒性，且对各类故障均较敏感。因此，在进行滚动轴承故障诊断时应充分利用时域、频域和时频域的多维特征信息。然而，并不是所有特征都对状态的区分起着积极作用，我们希望能从中选出有效的特征子集，既能够尽可能将各种状态有效区分，又使得该特征子集特征间的差异大。因此，需要采取有效的方法对获得的多维特征进行选择，使得选出的最佳特征子集可以实现滚动轴承故障诊断准确率高。本章将采用多群体多准则差分遗传算法进行特征选择，介绍该算法在航空发动机滚动轴承故障特征选择的实现及应用。

4.2.1 航空发动机滚动轴承故障振动信号特征提取

本章主要研究的是航空发动机滚动轴承的特征选择。在进行特征选择前，需要从时域和频域提取出滚动轴承的多维特征。

4.2.1.1 时域特征提取参数

传统的时域特征有绝对平均幅值 $|\bar{X}|$ 、方根幅值 X_r 、有效值 X_{rms} 和峰值 X_{max} ，它们的定义如下：

(1) 绝对平均幅值

$$|\bar{X}| = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |x_i| \quad (4-1)$$

(2) 方根幅值

$$X_r = \left[\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sqrt{|x_i|} \right]^2 \quad (4-2)$$

(3) 有效值

$$X_{\text{rms}} = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i^2} \quad (4-3)$$

(4) 峰值

$$X_{\text{max}} = \frac{\sum_{i=1}^{10} x_{pi}}{10} \quad (4-4)$$

其中， x_{pi} 是将数据分为10段后每段数据绝对值的最大值。

由于希望统计量只对故障敏感，而不受信号的幅值和频率影响，并消除轴承试验环境的干扰，引入了无量纲参数，包括波形因数 S_f 、峰值指标 C_f 、冲击指数 CL_f 、歪度 S_v 、峭度 K_v 、裕度指标 I_f ，其定义如下：

(1) 波形因数

$$S_f = \frac{X_{\text{rms}}}{|\bar{X}|} \quad (4-5)$$

(2) 峰值指标

$$C_f = \frac{X_{\text{max}}}{X_{\text{rms}}} \quad (4-6)$$

(3) 冲击指数

$$CL_f = \frac{X_{\text{max}}}{X_r} \quad (4-7)$$

(4) 歪度

$$S_v = \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i^3}{(X_{\text{rms}})^3} \quad (4-8)$$

(5) 峭度

$$K_v = \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i^4}{(X_{\text{rms}})^4} \quad (4-9)$$

(6) 裕度指标

$$I_f = \frac{X_{\text{max}}}{|\bar{X}|} \quad (4-10)$$

4.2.1.2 频域特征提取参数

不同阶段的轴承损伤将影响其频谱，因此，可以从信号频谱中提取出相应频域特征，其主要指标包括重心频率 FC 、均方频率 MSF 、频率方差 VF 。其定义如下所示：

(1) 重心频率 FC

$$FC = \frac{\sum_{i=0}^n f_i S(f_i)}{\sum_{i=0}^n S(f_i)} \quad (4-11)$$

(2) 均方频率 MSF

$$MSF = \frac{\sum_{i=0}^n f_i^2 S(f_i)}{\sum_{i=0}^n S(f_i)} \quad (4-12)$$

(3) 频率方差 VF

$$VF = \frac{\sum_{i=0}^n (f_i - FC)^2 S(f_i)}{\sum_{i=0}^n S(f_i)} \quad (4-13)$$

通过频域特征能够对滚动轴承的状态进行初步估计，若轴承正常工作，高频处频率分布少，重心频率小；若轴承局部出现了缺陷，缺陷导致的冲击会引起共振，高频部分的频率成分逐渐密集，均方频率和重心频率将增大。

4.2.1.3 小波变换故障特征提取

本节采用二进离散小波变换和小波包，对滚动轴承振动信号进行分析，提取出了相应的时频域特征。具体如下：

多尺度小波分析由Mallat算法得到，其效果类似于傅利叶变换的FFT算法。

设有某振动信号 $f(t)$ ，采集得到的离散序列 $f(n), n=1, 2, \dots, N$ ，假设在尺度 $j=0$ 时有 $c_0(n) = f(n)$ ， $f(t)$ 的离散二进小波变换确定如下：

$$\begin{cases} c_{j+1}(n) = \sum_{k \in Z} h(k-2n)c_j(k) \\ d_{j+1}(n) = \sum_{k \in Z} g(k-2n)c_j(k) \end{cases} \quad (4-14)$$

式中, $h(n)$ 与 $g(n)$ 是滤波系数, 可由小波函数 $\psi(x)$ 确定, 式中的 $h(k)$ 可以通过下式确定:

$$h(k) = \frac{1}{\sqrt{2}} \phi\left(\frac{x}{2}\right) \quad (4-15)$$

其中,

$$\phi(x) = \sum_{k=-\infty}^{\infty} h(k)\phi(2x-k) \quad (4-16)$$

相应地, $\psi(x)$ 通过下式得到:

$$\psi(x) = \sum_{k=-\infty}^{\infty} g(k)\phi(2x-k) \quad (4-17)$$

其中,

$$g(k) = (-1)^k h(1-k) \quad (4-18)$$

式 (4-14) 得到了信号在尺度 j 上的近似部分 c_j 和细节部分 d_j 。将离散信号 c_0 进行分解, 分解尺度为 1, 2, ..., J , 最终分解为不同频带信息 $d_1, d_2, \dots, d_J, c_J$, 为依次涵盖了频率从高到低的不同频带信息。

记 $H_{n,k} = h_{k-2n}, G_{n,k} = g_{k-2n}$, 则有矩阵 $H = (H_{n,k}), G = (G_{n,k})$ 。式 (4-14) 可写为:

$$\begin{cases} c_{j+1}(n) = H \cdot c_j(k) \\ d_{j+1}(n) = G \cdot c_j(k) \end{cases} \quad (4-19)$$

则有:

$$c_j(k) = H^* \cdot c_{j+1} + G^* \cdot d_{j+1} \quad (4-20)$$

其中, H^*, G^* 分别为 H, G 的对偶算子, 式 (4-20) 即为重构算法, 通过分解的序列可以逐步重构出原始信号。

设 f_E 是包络频谱的分析带宽, 该分析带宽通常是 $f_E > 3\max(f_d)$, 包络谱为 $W(f)$, 设包络谱 $W(f)$ 谱线的数目为 N_e , 则包络谱的平均值 S_{ea} 为:

$$S_{ea} = \frac{1}{N_e} \sum_{i=0}^{N_e} W(f_i) \quad (4-21)$$

再令包络谱中的故障特征频率各阶倍频处的谱线平均值, 设包络谱中故障频率的谱线数 n_e 。则

$$S_{ed} = \frac{1}{n_e} \sum_{i=0}^{n_e} W(if_d) \quad (4-22)$$

则构造一个无量纲特征量:

$$\Delta S_e = \frac{S_{ed}}{S_{ea}} \quad (4-23)$$

但是，实际上，根据轴承转速和基本参数计算得到的特征频率与包络频谱中的特征频率往往并不一致，通常采用在理论计算的故障频率 f_d 附近小范围内寻找一个最大频谱值作为 $W(f_d)$ 。

本章在具体计算时频域特征量的过程中，采用db8小波基底对滚动轴承振动信号进行了5层分解，共获得了5个细节信号d1、d2、d3、d4、d5和1个近似信号a5。对这6个信号分别进行包络谱分析，通过自动计算可以得到内圈、外圈、保持架、滚动体故障所分别对应的4个无量纲特征量，最后求出6个信号中所计算的每个特征量的最大值，作为该特征量值。最终得到分别代表内圈故障、外圈故障、保持架故障和滚动体故障的4个无量纲特征值。

4.2.2 航空发动机滚动轴承故障模拟实验

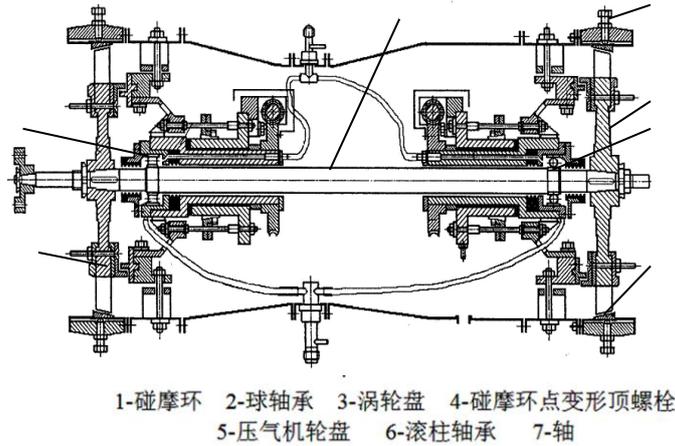
为了给算法验证提供试验数据，进行了滚动轴承人工故障注入试验。进行试验的平台是带机匣的航空发动机转子试验器，它以某真实发动机为原型按照1:3比例进行设计制造，因此，能够有效地模拟滚动轴承振动信号经传递路径的衰减过程。试验器的实物图和剖面图如图4.1所示。

实验的对象为6206型滚动轴承，轴承参数如表4.1所示。加速度传感器测点分别布置在试验器的机匣上方、机匣水平和轴承座（如图4.1所示），获取机匣的振动加速度信号。其中，加速度传感器型号为B&K 4805。振动信号通过NI USB9234 数据采集器进行采集，采样频率为10.24 kHz，每个样本包含8192个数据点。分别在转速1800 rpm、2000 rpm及2400 rpm下进行了3组故障模拟试验，每组试验数据包括正常、外圈故障、内圈故障、以及滚动体故障4种状态，每个转速下均有机匣上方测点、机匣水平测点和轴承座测点，具体的试验方案如表4.2所示。



(a)实物图（内部）

(b)实物图（外部）



(c) 结构剖面图

图 4.1 航空发动机转子试验器

表 4.1 6206 型轴承基本参数 (单位 mm)

型号	厚度	外圈直径	内圈直径	滚动体直径	节径	滚珠数
6206	16	62	30	9.5	46	9

表 4.2 基于带机匣转子试验器的人工故障轴承试验方案

序号	转速 /rpm	加速度测点	轴承状态
1	1800	机匣上方、机匣水平、轴承座	内圈故障、外圈故障、滚珠故障、正常状态
2	2000	机匣上方、机匣水平、轴承座	内圈故障、外圈故障、滚珠故障、正常状态
3	2400	机匣上方、机匣水平、轴承座	内圈故障、外圈故障、滚珠故障、正常状态

为了更真实地获得滚动轴承在各种故障下的样本数据,对6206型滚动轴承进行了故障加工,轴承的内圈故障是通过在其内圈表面采用电火花线切割方式加工了宽约0.6mm的裂痕,外圈故障也采用同样的方式在其外圈加工了宽约0.6mm裂痕,实现模拟轴承滚道表面损伤所产生的冲击;滚动体故障的加工则是在滚动体表面进行,加工出一个半径约0.5mm,深度约2mm 的柱型凹坑,用以模拟滚珠损伤所生的冲击。故障加工后的6206型滚动轴承实物图如图4.2所示。

试验所用传感器B&K 4805与采集卡NI USB9234的实物图如图4.3所示。由于试验的采样频率为10.24 kHz,每个样本包含8192个数据点,这样单个样本进行傅里叶变换后其频谱可分析的范围为0-5.12kHz,频谱分辨率为1.25Hz,频谱可分析范围涵盖了试验轴承的共振频带(约500-3000Hz),频谱分辨率足够,该采样频率下得到的样本能满足对轴承信号进行频域分析的要求。

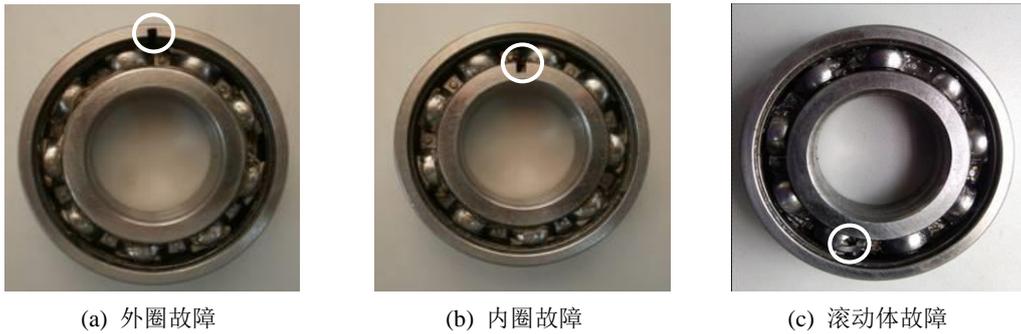


图 4.2 故障加工后的 6206 型滚动轴承实物图

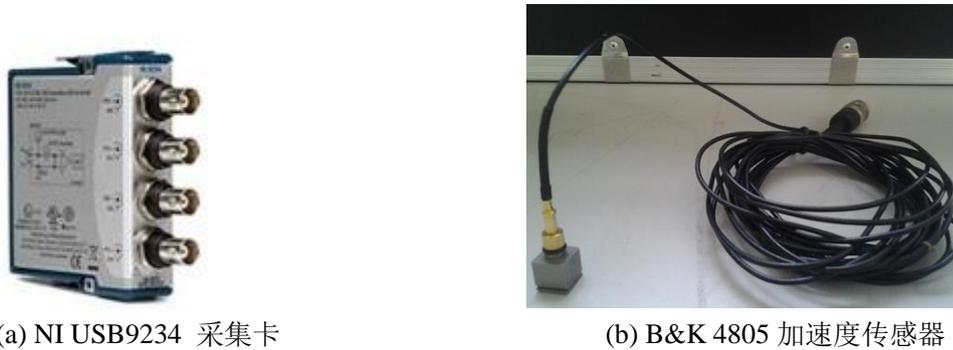


图 4.3 试验所用的传感器与采集卡

4.2.3 基于多群体多准则差分遗传算法的滚动轴承故障特征选择

为了进行滚动轴承故障特征选择，下面将利用时域、频域和时频分析法得到13个无量纲特征量的符号定义如表4.3所示。

表 4.3 13 个无量纲特征量定义

特征 S1	特征 S2	特征 S3	特征 S4	特征 S5	特征 S6	特征 S7	特征 S8	特征 S9	特征 S10	特征 S11	特征 S12	特征 S13
歪度	波型 因数	冲击 指标	峰值 指标	峭度	裕度 指标	重心 频率	均方 频率	频率 方差	内圈 频率 包络 谱特 征量	外圈 频率 包络 谱特 征量	滚动 体频 率包 络谱 特征 量	保持 架频 率包 络谱 特征 量

本章采用了多群体多准则差分遗传算法应用于滚动轴承故障特征选择，从这13个无量纲特征量中选出能有利于滚动轴承故障诊断的最佳特征子集。算法的特点主要体现在：

(1) 提出多准则差分遗传算法，结合多准则设计算法的适应度函数、选择算子和变异算子，实现全面评价特征子集的好坏，使得最终选出的特征子集能获得更高的分类准确率，并提高特征子集作为最佳子集的可靠性；

(2) 采用多群体并定期交流，挖掘进化过程中的阶段性成果，获取有效的特征模式；

(3) 处理特征模式存在的冗余特征，使得这个特征模式特征之间的关系更“纯”，有效地指导后代向更优的方向进化。

应用于滚动轴承故障特征选择的多群体多准则差分遗传算法（Mul-MEDGA）的流程图如图4.4所示；算法的实现过程描述如下：

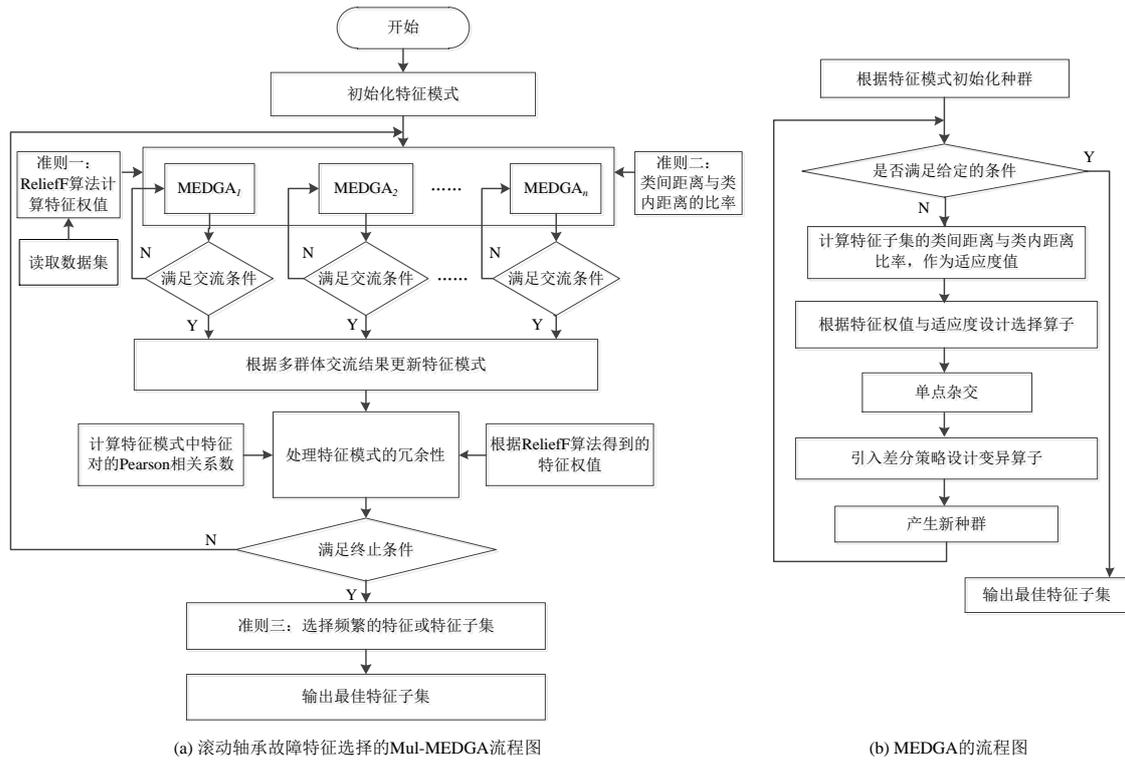


图 4.4 滚动轴承故障特征选择的 Mul-MEDGA 流程图

(1) 初始化特征模式，特征模式由13个特征组成；

(2) 读取数据集，采用ReliefF算法，计算13个特征的权值，权值越大，则该特征对分类的影响就越大；

(3) 采用多群体，每个群体独立执行多准则差分遗传算法（MEDGA）搜索合适的特征子集；

(4) 每个群体各自迭代 d 代后就暂停进化，定期交流和分享各自最优个体，从中挖掘有利于提高分类准确率特征模式；

(5) 计算13个特征每组特征对的Pearson相关系数，处理特征模式中特征间的极强相关性，并根据ReliefF算法计算单个特征的权值，当特征对存在极强相关性，则保留权值大的特征，去掉冗余特征，使得特征模式特征之间的关系更“纯”；

(6) 各群体重新以新的特征模式生成种群，继续执行MEDGA算法。实现将更优更“纯”的特征模式传给后代，指导后代向更优的方向进化；

(7) 当算法满足终止条件时结束, 将得到的结果进一步评价, 选择频繁出现特征子集, 避免偶尔出现的特征所产生的干扰。

(8) 输出最佳特征子集。

下面介绍多群体多准则差分遗传算法在滚动轴承故障特征选择的主要实现技术。

4.2.3.1 特征模式

由于利用时域、频域和时频分析法得到13个无量纲特征量, 因此, 特征模式由这13个特征组成, 特征模式表示为

$$pattern = p_1 p_2 \dots p_m \quad (4-24)$$

其中, $m=13$ 。

初始化特征模式 $pattern = 00 \dots 0$, 表示任何一个特征都重要, 随机初始化个体形成种群; 当各群体运行 d 代后, 根据各群体当前的最优个体更新 $pattern$; 具体如下:

(1) 假设有 n 个群体, 它们各自运行 d 代后, 得到的最优个体为 b_j ($i=1, 2, \dots, n$), 其中 $b_j = (b_j^1 b_j^2 \dots b_j^m)$, m 为个体基因数, $m=13$ 。

(2) 更新特征模式

$$p_i = p_i + b_j^i \quad (4-25)$$

其中, $1 \leq i \leq 13$, $2 \leq j \leq n$, b_j^i 表示第 j 个群体的最优个体 b_j 的第 i 个特征。当 p_i 为 0, 表示 n 个群体的当前最优个体都没有选中第 i 个特征, 说明这个特征不重要的可能性很大; 反之, p_i 值越大, 说明这个特征重要性越大。

(3) 各群体根据新的 $pattern$ 重新初始化种群: 如果 $p_i \geq t$ ($1 \leq t \leq n$), 则种群每个个体的第 i 个基因位取值为 1, 否则随机取 0 或 1。 $t=1$ 表示各群体最优个体选中的特征都是重要特征; $t=n$ 表示只有各群体的最优个体都选中这个特征, 才认为是重要特征。因此, 特征模式就是由这些重要特征或特征子集组成。

特征模式更新是各群体间交流并从各自的最优个体中挖掘有用信息的结果, 有利于指导后代向更优的方向进化。

4.2.3.2 冗余特征处理

在进行特征选择时, 假设特征 x 和特征 y 是重要特征, 它们各自对滚动轴承故障诊断贡献较大; 由于它们重要, 往往在优化的过程中就会同时把这两个特征选中, 但如果它们存在极强相关系数, 并且它们的组合所获得的分类准确率与它们各自单个特征的分类准确率相差不大, 这说明它们之间存在冗余。因此, 为了使得最终选出的特征子集不但能获得高的分类准确率, 同时也应该使它们之间的关系尽可能地“纯”, 需要对特征子集存在的冗余特征进行处理。本节处理冗余特征是在当前获得的特征模式基础上进行的, 具体如下:

(1) 根据式(4-26)计算每两个特征间的Pearson相关系数; 其中, n 为样本数。

$$\rho_{xy} = \frac{n \sum_{i=1}^n x_i y_i - \sum_{i=1}^n x_i \cdot \sum_{i=1}^n y_i}{\sqrt{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - (\sum_{i=1}^n x_i)^2} \cdot \sqrt{n \sum_{i=1}^n y_i^2 - (\sum_{i=1}^n y_i)^2}} \quad (4-26)$$

(2) 根据ReliefF算法计算每个特征的权值; 与类别相关性高的特征就会赋予较高的权值, 并且根据权值大小排序, 权值大的特征排在前面。

(3) 选出Pearson相关系数大的特征对, 结合ReliefF的权值进行分析, 如果这个特征对的两个特征各自权值很接近, 则随机去除其中一个特征, 即在特征模式中将该特征值置为0; 如果它们权值相差较大, 则选择权值大的特征, 即在特征模式中将该特征值置为1; 这样实现了保留重要特征, 又能进一步去掉冗余特征, 把重要且“纯”的特征模式指导后代进化。

(4) 经过处理后, 就得到新的特征模式。

4.2.3.3 多准则差分遗传算法

下面介绍多准则差分遗传算法(MEDGA)的遗传算子及相关技术的实现。

(1) 个体编码及初始群体的设定

采用二进制编码。由于所研究的问题共有13个特征, 因此每个个体就由13个基因位组成, 每个基因位就是一个特征, 每个基因位的取值是0或1, 如果某个特征没有被选中, 则用“0”表示, 反之, 如果某个特征被选中, 则用“1”表示。换句话说, 每个个体是由13个0、1字符组成的字符串, 随机生成个体, 个体的组合就形成了初始种群。

(2) 适应度函数

将特征子集作为一个整体进行评价, 选取类间距离大、类内距离小的特征子集。因此, 定义特征子集的类间距离与类内距离之比作为适应度函数, 其公式如(4-27)所示:

$$f = \frac{\sum_{j=1}^c \|\bar{x}^{(j)} - \bar{x}\|^2}{\sum_{j=1}^c \frac{1}{n_j - 1} \sum_{k=1}^{n_j} \|x_k^{(j)} - \bar{x}^{(j)}\|^2} \quad (4-27)$$

其中, $\bar{x}^{(j)}$ 表示特征子集在 j 类的均值向量, \bar{x} 表示特征子集在全体数据集的均值向量, $x_k^{(j)}$ 表示第 j 类的第 k 个样本向量, n_j 表示第 j 类的样本数, c 表示类别数。式(4-27)中的分子衡量类间的疏散程度, 值越大, 则说明类间越疏散; 分母表示类内的聚集程度, 值越小, 则说明类内越聚集。

(3) 特征权值与适应值相结合的选择算子

采用了特征权值与适应度相结合的选择算子。适应度函数从类间与类内距离计算特征子集整体对分类的贡献; ReliefF算法计算得到特征权值, 得到了单个特征对分类的贡献。特征权值与适应值相结合的选择算子有利于将适应度高且具有重要特征的个体选出。个体被选择的概率

$$p_k = t * aver + (1-t) * s_k \quad (4-28)$$

其中, $aver$ 为特征子集权值的均值; s_k 为个体 k 的适应值在种群中的比重; t 为 $[0,1]$ 的随机数, 表示适应值与特征权值的比重。本章后面的测试取值为 $t=0.5$ 。

(4) 差分变异

采用文中2.3.3节的差分变异, 在每一个新个体的生成过程中用到了父代多个个体的线性组合, 而不是遗传算法传统单一的父代染色体交叉技术; 并且根据两个父体的度量距离来决定变异基因位数, 然后计算基因值。有利于提高算法的搜索能力。

4.3 滚动轴承故障的特征选择结果与分析

航空发动机滚动轴承故障模拟实验获得了故障样本集, 如表4.4所示, 其中, 将样本集分成两部分, 一部分用于训练, 称为训练样本; 另一部分用于测试, 称为测试样本, 其中: “1800 CV” 表示在转速1800rpm下, 涡轮机匣垂直上方测点获得的样本数据; “1800 CH” 表示在转速1800rpm下, 涡轮机匣水平方向测点获得的样本数据; 其他数据集命名类似。

表 4.4 滚动轴承故障样本集

样本集	特征数	样本总数	训练样本数	测试样本数
1800 CV	13	474	315	159
2000 CV	13	475	315	160
2400 CV	13	496	330	166
1800 CH	13	474	315	159
2000 CH	13	475	315	160
2400 CH	13	496	330	166

下面将从以下四个方面对本章算法 (Mul-MEDGA) 的性能进行分析, 验证算法的有效性:

第一方面, 验证选择算子和变异算子的改进效果; 本章算法的每个群体都采用MEDGA算法, 而MEDGA是以简单遗传算法 (SGA) 为基础, 采用ReliefF算法获得特征权值, 利用特征权值, 并结合适应度对选择算子进行改进, 以及采用差分策略改进变异算子; 因此, 通过MEDGA和SGA在收敛速度和分类准确率的比较, 验证遗传算子改进的有效性。

第二方面, 验证多群体及特征间极强相关性处理的有效性。本章算法采用了多群体并定期交流以及处理特征间的极强相关性, 有利于从阶段性成果挖掘有效的特征模式, 通过处理特征模式中的极强相关性, 把更“纯”的特征模式传递给后代, 指导后代向更优的方向进化。因此, 本章算法 (Mul-MEDGA) 将与多准则差分遗传 (MEDGA)、多群体简单遗传算法 (Mul-SGA) 与简单遗传算法 (SGA) 进行性能的比较。

第三方面, 验证单准则与多准则融合的在特征选择中的效果。由于本章算法融合了ReliefF

和基于类间类内距离这两个准则，因此本章算法将与这两个准则，并与其他特征选择方法进行比较，验证多准则融合的有效性和优势。

第四方面，比较本章算法Mul-MEDGA与其他算法的分类准确率。

4.3.1 算法参数

各种算法的遗传算子及有关参数设置如表4.4所示：

表 4.5 四种算法的遗传算子及参数设置

遗传算子及参数	多群体多准则差分遗传 Mul-MEDGA	多准则差分遗传 MEDGA	多群体简单遗传 Mul-SGA	简单遗传 SGA
选择算子	特征权值与适应值相结合		轮盘赌选择	
交叉算子	单点交叉		单点交叉	
变异算子	差分变异		均匀变异	
群体个数	5	1	5	1

其他参数取值及说明如下：

采用二进制编码，种群大小为50，每种算法测试50次，每次运行250代，交叉率取值为0.7，变异率取值为0.05；多群体每隔10代进行交流信息。

利用Weka软件对特征选择后的滚动轴承故障进行分类识别，在Weka软件里采用J48算法验证分类的准确率（J48是基于C4.5^[121]实现的决策树算法），10折交叉验证。

4.3.2 结果比较及分析

4.3.2.1 遗传算子的改进效果

(1) 最优特征子集的分类准确率

针对表4.4中滚动轴承故障样本数据，对提取出的13个特征，分别采用Mul-MEDGA、MEDGA和SGA进行滚动轴承故障特征选择，在Weka软件里采用J48算法验证分类准确率，10折交叉验证。其结果如图4.5所示。

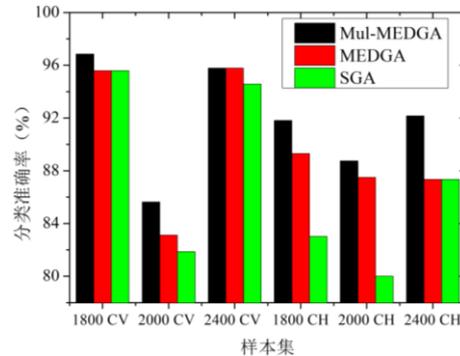


图 4.5 Mul-MEDGA、MEDGA 与 SGA 的分类准确率

从图4.5中可以看出，MEDGA的分类准确率优于SGA（2个等于，4个优于），说明MEDGA

具有更好的寻优能力，找到的特征子集具有更高的分类准确率。Mul-MEDGA是在MEDGA基础上采用多群体进行特征选择，它找到的特征子集所对应的分类准确率全部优于SGA，大部分数据集的分类准确率优于MEDGA（1个等于，5个优于）。这说明Mul-MEDGA由于采用多群体MEDGA进行特征选择，不仅获得了MEDGA的优势，还由于采用多群体进行搜索，多群体能够定期交流，根据当前各自找到的最优个体，从中挖掘有效的特征模式遗传给后代，提高了算法的性能。

（2）收敛速度

由于本章算法Mul-MEDGA以MEDGA为基础，提出MEDGA以提高算法搜索速度和效果，然后，Mul-MEDGA算法中的多群体都采用MEDGA进行特征选择。因此，下面将对MEDGA与SGA的收敛速度进行比较。另外，为了验证算法在滚动轴承故障特征选择中的收敛速度，选取表4.4中的1800CV样本集作为研究对象，这是因为从图4.5可知两种算法在这个数据集上分类准确率是相同的（它们找到的最优特征子集相同，最优特征子集是（均方频率S8，频率方差S9，外圈频率包络谱特征量S11），因此，收敛速度的比较是基于两种算法达到的目标相同的情况下进行的。下面以样本集1800CV为例，对MEDGA与SGA的收敛速度进行比较，由于两种算法在前50代已经收敛，所以只对两种算法的前50代比较它们的收敛速度，结果如图4.6所示。

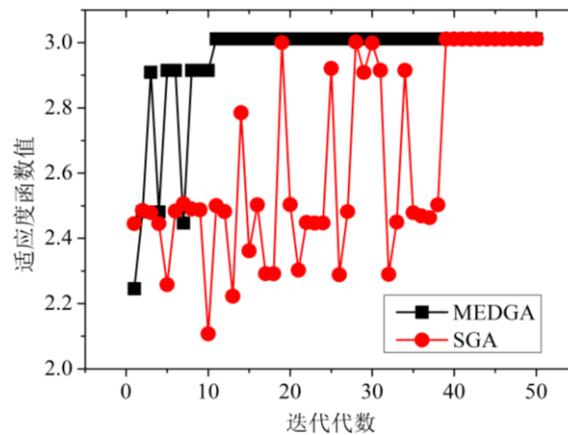


图 4.6 MEDGA 与 SGA 的收敛速度

从图4.6可以看出，MEDGA的收敛速度明显优于SGA。MEDGA在算法运行到第10代就找到了最优特征子集，而SGA则在接近40代时才找到，说明MEDGA采用由ReliefF得到的特征权重与适应度函数值相结合设计选择算子，以及采用差分策略改进变异算子对提高算法效率是有效的。说明选择算子的设计结合了以特征权重作为先验知识，对算法的搜索起到引导作用；改进的变异算子将3个不同父代个体进行线性组合生成一个新的个体，而不是SGA单一的父代染色体变异技术，这样有利于遗传到更多父代个体的优秀基因。

因此，综合图4.5和图4.6以及以上的分析可得到，遗传算子的改进对算法性能的改进是积极有效的。

4.3.2.2 多群体及特征极强相关性对算法性能的作用

下面以表4.4中的1800CH样本集为例，分析特征间的相关性。首先，计算13个特征两两特征间的Pearson相关系数，结果如表4.6所示。从表4.6可知样本集1800CH中有些特征存在极强相关性，例如：特征S7和特征S8，它们的Pearson相关系数为0.99。下面，以特征S7和特征S8为例，对这两个特征对分类的效果进行分析，它们的混淆矩阵及分类准确率如表4.7所示。

(1) Pearson相关系数

表 4.6 1800 CH 数据集各特征对的 Pearson 相关系数

	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13
S1	1.00	0.86	0.82	0.86	0.98	0.87	0.59	0.59	0.41	-0.15	-0.09	0.00	-0.56
S2		1.00	0.66	0.74	0.76	0.82	0.45	0.45	0.30	-0.07	-0.02	0.03	-0.49
S3			1.00	0.99	0.80	0.96	0.55	0.54	0.36	-0.10	-0.03	0.02	-0.51
S4				1.00	0.83	0.99	0.56	0.55	0.37	-0.11	-0.03	0.02	-0.53
S5					1.00	0.82	0.57	0.57	0.40	-0.18	-0.10	-0.03	-0.53
S6						1.00	0.54	0.53	0.36	-0.10	-0.03	0.02	-0.53
S7							1.00	0.99	0.86	-0.06	0.20	0.28	-0.54
S8								1.00	0.88	-0.10	0.18	0.26	-0.55
S9									1.00	-0.28	0.09	0.16	-0.44
S10										1.00	0.65	0.57	0.29
S11											1.00	0.74	0.21
S12												1.00	0.14
S13													1.00

(2) 混淆矩阵和分类准确率

混淆矩阵 (confusion matrix) 刻画一个分类器的分类准确程度。由混淆矩阵可以计算正确率 (Accuracy)、真阳性率 (True Positive Rate)、假阳性率 (False Positive Rate) 等各种评价指标。混淆矩阵主对角线上的数值表示正确分类的样本数，数值越大越好。表4.7分别显示了特征S7、特征S8，特征组合S7&S8的混淆矩阵及分类准确率，分别如表4.7(a)、表4.7(b)和表4.7(c)所示。

表 4.7 特征 S7 和特征 S8 的混淆矩阵和分类准确率

(a) 特征 S7 的混淆矩阵和分类准确率

	预测类别			
	正常	滚动体故障	内圈故障	外圈故障

实际类别	正常	45	2	30	7
	滚动体故障	0	53	0	27
	内圈故障	14	0	59	0
	外圈故障	0	12	0	66
分类准确率					70.79 %

(b) 特征 S8 的混淆矩阵和分类准确率

		预测类别			
		正常	滚动体故障	内圈故障	外圈故障
实际类别	正常	42	2	25	14
	滚动体故障	0	58	0	22
	内圈故障	14	0	59	0
	外圈故障	1	16	0	61
分类准确率					70.16 %

(c) 特征 S7&特征 S8 的混淆矩阵和分类准确率

		预测类别			
		正常	滚动体故障	内圈故障	外圈故障
实际类别	正常	57	2	18	7
	滚动体故障	0	58	0	22
	内圈故障	15	0	58	0
	外圈故障	2	18	0	58
分类准确率					73.33 %

从表4.7 (a) 和表4.7 (b) 可以看出, 特征S7和特征S8各自用于分类的准确率分别为70.79%和70.16 %, 可见, 特征S7或特征S8对分类贡献基本相同; 从表4.7 (c) 可以得到, 特征S7&特征S8共同作用于分类, 分类准确率是73.33%, 可见与特征S7或特征S8的分类准确率差别不大, 并且从表4.6中可知, 特征S7和特征S8的Pearson相关系数为0.99, 说明特征S7和特征S8之间存在冗余。因此, 在进行特征选择时, 应对Pearson相关系数高的特征对考虑冗余及进行冗余处理, 使得最终选出的特征子集不但能获得更高的分类准确率, 同时使得这个特征子集特征之间的关系更“纯”。

(3) 特征权值

在处理冗余特征时, 当特征对的Pearson相关系数高, 则需要结合特征权值的大小来考虑。因此, 对表4.4滚动轴承故障样本数据, 利用ReliefF算法得到了13个特征的权值, 如图4.7所示。

从图4.7中可以看到样本集1800CH的特征S7权值稍大于特征S8，说明S7对分类的贡献稍大。因此，如果特征模式中同时存在特征S7和特征S8，特征S7将保留在特征模式中，特征S8将被移除。

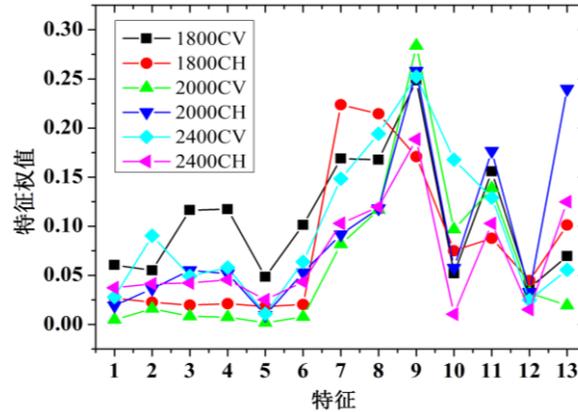


图 4.7 6 个样本集 13 个特征的特征权值

上面以样本集1800CH为例，详细分析了该样本集13个特征各特征对的Pearson相关系数，特征S7和特征S8的混淆矩阵及分类准确率，以及采用ReliefF算法计算得到的特征权值，从而实现对特征模式中存在的冗余特征进行处理，对于特征模式中存在的其他极强相关性的特征对也同样采用这种方法进行处理。最终，得到了比较“纯”的特征模式遗传给后代。

(4) 采用单群体与多群体的特征选择结果及分类准确率

下面将本章算法 (Mul-MEDGA) 与多准则差分遗传 (MEDGA)、多群体简单遗传算法 (Mul-SGA) 与简单遗传算法 (SGA) 进行比较，分析单群体与多群体在航空发动机滚动轴承故障特征选择中的效果。它们找到的最佳特征子集及对应的混淆矩阵和分类准确率分别如表4.8和表4.9所示。

表 4.8 采用单群体与多群体找到的最佳特征子集

样本集	最佳特征子集			
	Mul-MEDGA	MEDGA	Mul-SGA	SGA
1800 CV	S3,S7,S9	S8,S9,S11	S8,S9,S11	S8,S9,S11
2000 CV	S2, S3, S8, S9, S10, S11	S8,S9,S10,S11	S1,S8,S9,S11	S8,S9,S11
2400 CV	S7,S9,S10	S7,S9,S10	S7,S9,S10	S8,S9,S10
1800 CH	S7,S9,S10,S11	S7,S9,S11	S7,S9,S11	S2,S7,S8,S9
2000 CH	S1,S7,S9,S11	S1,S8,S9,S11	S2,S8,S9,S11	S8,S9,S11
2400 CH	S1,S7,S9,S11	S8,S9,S11	S7,S9,S11	S8,S9,S11

表 4.9 单群体与多群体找到的最佳特征子集的混淆矩阵和分类准确率

样本集 1800CV		预测类别															
		Mul-MEDGA				MEDGA				Mul-SGA				SGA			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	41	1	0	0	41	0	1	0	41	0	1	0	41	0	1	0
	b	1	39	0	0	2	36	2	0	2	36	2	0	2	36	2	0
	c	0	2	35	0	0	1	36	0	0	1	36	0	0	1	36	0
	d	0	1	0	39	0	1	0	39	0	1	0	39	0	1	0	39
分类准确率		96.86%				95.6%				95.6%				95.6%			
样本集 2000CV		预测类别															
		Mul-MEDGA				MEDGA				Mul-SGA				SGA			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	33	7	1	0	31	9	1	0	34	7	0	0	34	5	2	0
	b	11	31	1	0	13	29	1	0	9	31	3	0	8	31	4	0
	c	1	1	35	0	0	2	35	0	0	6	31	0	1	8	28	0
	d	1	0	0	38	1	0	0	38	1	0	0	38	1	0	0	38
分类准确率		85.63%				83.13%				83.75%				81.88%			
样本集 2400CV		预测类别															
		Mul-MEDGA				MEDGA				Mul-SGA				SGA			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	46	4	0	0	46	4	0	0	46	4	0	0	45	5	0	0
	b	3	37	0	0	3	37	0	0	3	37	0	0	4	36	0	0
	c	0	0	37	0	0	0	37	0	0	0	37	0	0	0	37	0
	d	0	0	0	39	0	0	0	39	0	0	0	39	0	0	0	39
分类准确率		95.78%				95.78%				95.78%				94.58%			
样本集 1800CH		预测类别															
		Mul-MEDGA				MEDGA				Mul-SGA				SGA			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	37	2	1	2	37	1	0	4	37	1	0	4	35	3	0	4
	b	1	38	0	1	1	37	0	2	1	37	0	2	0	31	0	9

航空发动机诊断与参数辨识多群体协同遗传算法研究

	c	0	0	37	0	2	0	35	0	2	0	35	0	2	0	35	0
	d	1	5	0	34	3	4	0	33	3	4	0	33	1	8	0	31
分类准确率		91.82%				89.31%				89.31%				83.02%			
样本集 2000CH		预测类别															
		Mul-MEDGA				MEDGA				Mul-SGA				SGA			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	37	7	0	0	33	8	0	0	31	10	0	0	28	13	0	0
	b	4	39	0	0	6	37	0	0	12	31	0	0	14	29	0	0
	c	0	0	33	4	0	0	34	3	0	0	35	2	0	0	35	2
	d	0	1	2	36	0	1	2	36	0	1	2	36	0	1	2	36
分类准确率		88.75%				87.5%				83.13%				80%			
样本集 2400CH		预测类别															
		Mul-MEDGA				MEDGA				Mul-SGA				SGA			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	50	0	0	0	45	0	5	0	48	0	2	0	45	0	5	0
	b	1	39	0	0	2	38	0	0	2	38	0	0	2	38	0	0
	c	7	0	28	2	8	0	28	1	8	0	27	2	8	0	28	1
	d	0	0	3	36	1	0	4	34	0	0	3	36	1	0	4	34
分类准确率		92.17%				87.35%				89.76%				87.35%			

注：类别说明：a—正常，b—滚动体故障，c—内圈故障，d—外圈故障

从Mul-SGA与SGA的比较来看，Mul-SGA的分类准确率优于SGA（1个等于，5个优于），说明虽然以SGA为基础，但采用多群体并实施定期交流和共享模式对算法性能的改进同样取得良好的效果。Mul-MEDGA则是在MEDGA基础上采用多群体并共享特征模式，因此它找到的特征子集所对应的分类准确率是最好的，全部优于SGA，大部分数据集的分类准确率优于Mul-SGA和MEDGA（1个等于，5个优于）。这说明Mul-MEDGA由于采用多群体MEDGA进行特征选择，不仅获得了MEDGA的优势，还由于采用多群体进行搜索，多群体能够定期交流，根据当前各自找到的最优个体，从中挖掘有效的特征模式遗传给后代，使得后代能更快向更好的方向进化，提高了算法的性能。同时，表4.9中的混淆矩阵主对角线上的数值表示正确分类的样本数，可以得到选出的最佳特征子集使得各类比较均衡地获得更高的准确分类，而不是分类准确率只由个别类别正确分类得到。

4.3.2.3 采用单准则与多准则融合的特征选择结果及分类准确率

比较Mul-MEDGA（采用多准则融合）与采用单准则（ReliefF、基于类间类内距离）的特征选择方法的性能。它们找到的最优特征子集对应的分类准确率分别如图4.8所示。其中，“类间类内”得到的特征子集是将基于类间类内距离的准则与GA结合，类间类内距离作为GA的适应度函数。另外，考虑到比较的有效性，对于ReliefF，每个数据集按特征权重大小依次取靠前的特征，且特征个数与Mul-MEDGA的特征个数相同。

从图4.8可以看出，6个样本集中，Mul-MEDGA的分类准确率要优于其他两种单准则的分类准确率，说明本章采用的多准则融合方法在算法搜索最佳特征子集过程中从多方面去加强可靠性，有利于提高最终找到的特征子集的分类准确率。

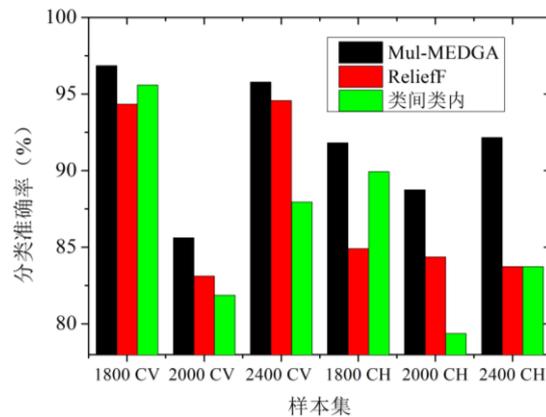


图 4.8 单准则与多准则融合的分类准确率

4.3.2.4 Mul-MEDGA 与其他算法的特征选择结果及分类准确率

本章算法Mul-MEDGA采用多群体进行特征选择，定期交流并进行特征冗余处理。下面将其特征选择结果及分类准确率与ReliefF、CFS和InfoGain^[122]算法，以及全部特征的分类准确率进行比较。考虑到比较的有效性，对于ReliefF和InfoGain这两种方法，由于它们是按特征权重大小排名的，因此，进行分类准确率比较时，就按特征权重大小排名依次取靠前的特征，且特征个数与Mul-MEDGA的最优特征子集的特征个数相同。比较结果分别如表4.10和表4.11所示。

表 4.10 Mul-MEDGA 与其他算法找到的最佳特征子集

样本集	最佳特征子集			
	Mul-MEDGA	ReliefF	CFS	InfoGain
1800 CV	S3,S7,S9	S7,S8,S9	S5,S7,S8,S9,S10, S11,S13	S7,S8,S9
2000 CV	S2, S3, S8, S9, S10, S11	S7,S8,S9,S10,S11, S12	S1,S7,S8,S9,S10, S11,S12	S1,S7,S8,S9,S10, S11

2400 CV	S7,S9,S10	S8,S9,S10	S1,S8,S9,S10,S13	S7,S8,S9
1800 CH	S7,S9,S10,S11	S7,S8,S9,S13	S5,S7,S8,S9,S10, S11,S12,S13	S7,S8,S9,S10
2000 CH	S1,S7,S9,S11	S8,S9,S11,S13	S6,S8,S9,S11,S12, S13	S8,S9,S11,S13
2400 CH	S1,S7,S9,S11	S7,S8,S9,S13	S5,S8,S9,S10,S11,S13	S5,S7,S8,S9

表 4.11 Mul-MEDGA 与其他算法找到的最佳特征子集的混淆矩阵和分类准确率

(a) 样本集 1800CV

		预测类别																			
		Mul-MEDGA				ReliefF				CFS				InfoGain				全部特征			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	41	1	0	0	41	1	0	0	40	2	0	0	41	0	0	0	41	1	0	0
	b	1	39	0	0	2	35	3	0	1	37	2	0	2	35	3	0	1	38	1	0
	c	0	2	35	0	0	2	35	0	0	4	33	0	0	2	35	0	0	2	35	0
	d	0	1	0	39																
分类准确率	96.86%				94.34%				93.71%				94.34%				96.23%				

(b) 样本集 2000CV

		预测类别																			
		Mul-MEDGA				ReliefF				CFS				InfoGain				全部特征			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	33	7	1	0	29	11	1	0	29	11	1	0	32	8	1	0	33	7	1	0
	b	11	31	1	0	11	31	1	0	15	27	1	0	16	26	1	0	12	30	1	0
	c	1	1	35	0	1	1	35	0	1	1	35	0	0	2	35	0	1	1	35	0
	d	1	0	0	38																
分类准确率	85.63%				83.13%				80.63%				81.88%				85%				

(c) 样本集 2400CV

		预测类别																			
		Mul-MEDGA				ReliefF				CFS				InfoGain				全部特征			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	46	4	0	0	45	5	0	0	44	6	0	0	44	6	0	0	45	5	0	0
	b	3	37	0	0	4	36	0	0	4	36	0	0	3	32	5	0	4	36	0	0
	c	0	0	37	0	0	0	37	0	0	0	37	0	0	7	30	0	0	0	37	0
	d	0	0	0	39	0	0	0	39	0	0	0	39	0	0	0	39	0	0	0	39
分类准确率		95.78%				94.58%				93.98%				87.35%				94.58%			

(d) 样本集 1800CH

		预测类别																			
		Mul-MEDGA				ReliefF				CFS				InfoGain				全部特征			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	37	2	1	2	34	3	1	4	36	1	1	4	35	4	1	2	36	2	1	3
	b	1	38	0	1	1	35	0	4	1	36	0	3	0	38	0	2	1	37	0	2
	c	0	0	37	0	2	0	35	0	0	0	37	0	0	0	37	0	0	0	37	0
	d	1	5	0	34	1	8	0	31	2	3	0	35	0	6	0	34	1	5	0	34
分类准确率		91.82%				84.91%				90.57%				90.57%				90.57%			

(e) 样本集 2000CH

		预测类别																			
		Mul-MEDGA				ReliefF				CFS				InfoGain				全部特征			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	37	7	0	0	29	12	0	0	35	6	0	0	29	12	0	0	37	4	0	0
	b	4	39	0	0	8	35	0	0	7	36	0	0	8	35	0	0	11	32	0	0
	c	0	0	33	4	0	0	34	3	0	0	33	4	0	0	34	3	0	0	34	3
	d	0	1	2	36	0	1	1	37	0	1	2	36	0	1	1	37	0	1	2	36
分类准确率		88.75%				84.38%				87.5%				84.38%				86.88%			

(f) 样本集 2400CH

		预测类别																			
		Mul-MEDGA				ReliefF				CFS				InfoGain				全部特征			
		a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d	a	b	c	d
实际类别	a	50	0	0	0	42	0	8	0	41	0	9	0	42	0	8	0	41	0	9	0
	b	1	39	0	0	2	38	0	0	2	38	0	0	2	38	0	0	2	38	0	0
	c	7	0	28	2	8	0	26	3	4	0	31	2	5	0	30	2	7	0	27	3
	d	0	0	3	36	2	0	4	33	1	0	4	34	1	0	3	35	1	0	4	34
分类准确率		92.17%				83.73%				86.75%				87.35%				84.34%			

注：类别说明：a—正常，b—滚动体故障，c—内圈故障，d—外圈故障

从表4.11可以看出，本章算法Mul-MEDGA在6个数据集的分类准确率都占优势。由此可见，Mul-MEDGA的分类准确率总体上要优于其他三种算法的分类准确率；并且，以数据集1800CH为例，根据前面的分析，特征S7和特征S8存在极强相关性，应进行处理。本章算法选出的特征子集去除了极大相关性的特征，并获得了更高的分类准确率。另外，本章算法与全部特征的分类准确率进行比较，6个数据集的分类准确率都占优势，也就是说Mul-MEDGA以更少的特征获得了更高的分类准确率，这也进一步说明了处理特征间存在极强相关性或冗余特征的必要性和重要性。因此，Mul-MEDGA提高特征子集的分类准确率是有效的，并且找到的最佳特征子集比较“纯”。同样地，表4.11中的混淆矩阵主对角线上的正确分类样本数，说明选出的最佳特征子集使得各类比较均衡地获得更高的准确分类。

4.4 本章小结

本章将多群体多准则差分遗传算法应用于航空发动机滚动轴承故障特征选择，取得了如下研究结果：

(1) MEDGA和SGA在收敛速度和分类准确率的比较，验证选择算子与变异算子改进的有效性，克服了SGA容易陷入局部最优的不足，并提高了算法的搜索速度和效果；

(2) 采用多群体多准则技术，有利于从阶段性成果挖掘有效的特征模式；通过处理特征模式中的极强相关性，把更“纯”的特征模式传递给后代，指导后代向更优的方向进化，最终找到具有高分类准确率的特征子集，同时该特征子集特征间的差异大。

(3) 与其他算法的比较，进一步说明了本章算法的有效性和优势。

第五章 APMGA 方法在航空发动机动力学参数辨识中的应用

5.1 引言

航空发动机动力学参数辨识是建立准确的动力学模型的基础，参数辨识的准确度对模型计算精度有很大的影响。动力学参数辨识实质上是一个参数优化过程，因此以遗传算法为代表的各种优化算法被广泛应用于参数辨识。显然，优化参数的取值区间范围是否准确将直接影响到优化结果和辨识精度。然而，在实际的工程应用中，参数的取值区间不太容易准确定义，很多情况下会根据经验来给出。为了减小取值区间准确度对参数辨识结果的影响，本章将自适应参数域多群体遗传算法（APMGA）应用于航空发动机动力学模型参数辨识技术，在考虑优化参数初始取值区间不确定的情况下，研究振动模态参数辨识和转子系统连接刚度识别问题，并用试验和仿真数据对新方法的辨识结果进行了验证和分析。

5.2 APMGA 方法在振动模态参数辨识中的应用

5.2.1 模态参数识别的基本原理

模态分析理论是在振动理论的基础上发展起来的一门学科，模态分析的经典定义是，将线性定常系统振动微分方程中的物理坐标转换为模态坐标，使方程组解耦，成为一组用模态坐标及模态参数描述的独立方程，以便得到系统的模态参数。其中用于坐标变换的矩阵为模态矩阵，矩阵的每一列代表模态振型^[123]。

模态分析可分为计算模态分析和试验模态分析。这两种分析方法的不同在于模态参数的获取方式不同，计算模态分析是指模态参数是由有限元计算的方法取得的；试验模态分析则是指模态参数是通过试验将采集到的系统输入与输出信号经过参数识别获得的。通常，模态分析是指试验模态分析。试验模态分析就是采用某种激励方法（通常有锤击法、正弦激励法、脉冲激励法、随机激励法等），人为地对试验对象（需要识别的系统）施加一定的激励，并得到系统的响应；接着，通过多通道数字分析方法将激励和系统的响应建立系统的传递函数或者脉冲响应函数；然后，将所有感兴趣的测点的频响应函数组成频响应函数矩阵，采用参数识别方法得到系统的每一阶模态参数。

模态参数识别可以在频域或时域中进行。频域内的模态参数识别是通过频响应函数的测试数据来获取模态参数的方法，时域内的模态参数识别是利用以时间为历程的振动响应测试数据来获取模态参数的方法。

具有 N 个自由度的结构阻尼系统，在 P 点激励， L 点测量响应的实模态频响应函数表达式如下：

$$H_{lp}(\omega) = \sum_{r=1}^N \frac{1}{K_{er}} \left[\frac{1 - \varpi_r^2}{(1 - \varpi_r^2)^2 + g_r^2} + j \frac{-g_r}{(1 - \varpi_r^2)^2 + g_r^2} \right] \quad (5-1)$$

式中： $K_{er} = \frac{K_r}{\varphi_{ir}\varphi_{pr}}$ 为第 r 阶等效刚度； $\varpi_r = \frac{\omega}{\omega_r}$ 为频率比或相对频率； g_r 为第 r 阶模态结构阻尼比。

由式 (5-1) 可以看出某一频率下的频响函数为各阶模态频响函数的迭加。当 ω 接近某阶模态的固有频率时，该模态起主导作用，称为主模态。在主模态的附近，其余模态对 $H_{lp}(\omega)$ 的影响较小，几乎不随频率变化，故可将其余模态用一复常数表示。对于第 r 阶模态，式 (5-1) 可近似表示为：

$$H_{lp}(\omega) = \frac{1}{K_{er}} \left[\frac{1 - \varpi_r^2}{(1 - \varpi_r^2)^2 + g_r^2} + j \frac{-g_r}{(1 - \varpi_r^2)^2 + g_r^2} \right] + (H_c^R + jH_c^I) \quad (5-2)$$

$H_{lp}(\omega)$ 的实部和虚部分别表示为：

$$H_{lp}^R(\omega) = \frac{1}{K_{er}} \left[\frac{1 - \varpi_r^2}{(1 - \varpi_r^2)^2 + g_r^2} \right] + H_c^R \quad (5-3)$$

$$H_{lp}^I(\omega) = \frac{1}{K_{er}} \left[\frac{-g_r}{(1 - \varpi_r^2)^2 + g_r^2} \right] + H_c^I \quad (5-4)$$

式中： H_c^R 、 H_c^I 分别表示为剩余模态的实部和虚部。

通常需要辨识的振动模态参数包括：1) 模态频率；2) 模态阻尼比；3) 模态振型。图5.1所示为通过被测结构上三个测点的虚频图得到的前三阶振型。其测试方法为典型的锤击法，通常采用单点响应多点锤击的方式来获取频率响应函数矩阵中的某一行频率响应函数，并以此来获取所有模态参数。

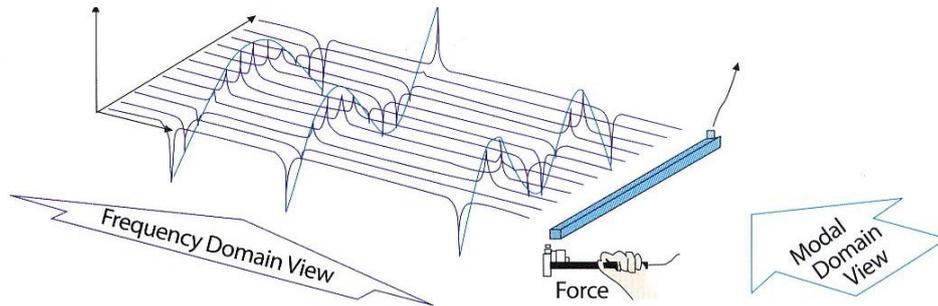


图 5.1 被测结构的前三阶振型图

设第 p 点激励，第 l 点测量的频响函数为：

$$H_{lp}(\omega) = \sum_{r=1}^N \frac{\{\phi_r\}\{\phi_r\}^T}{K_r - \omega^2 M_r + C_r} = \sum_{r=1}^N \frac{\frac{1}{K_r} \{\phi_r\}\{\phi_r\}^T}{\omega_r^2 - \omega^2 + 2j\omega\omega_r\xi} \quad (5-5)$$

当 ω 接近 ω_r 时,

$$H_{lp}(\omega) \approx \frac{\frac{1}{K_r} \phi_{lr} \phi_{pr}}{\omega_r^2 - \omega^2 + 2j\omega\omega_r\xi} \quad (5-6)$$

令 $a_{lr} \approx \frac{1}{K_r} \phi_{lr} \phi_{pr}$, 得

$$H_{lp}(\omega) \approx \frac{a_{lr}}{\omega_r^2 - \omega^2 + 2j\omega\omega_r\xi} \quad (5-7)$$

则加速度频响应函数为

$$\begin{aligned} H_{Alp}(\omega) &\approx \frac{-\omega^2 a_{lr}}{\omega_r^2 - \omega^2 + 2j\omega\omega_r\xi} \\ &= \frac{-\omega^2 a_{lr}(\omega_r^2 - \omega^2)}{(\omega_r^2 - \omega^2)^2 + (2\omega\omega_r\xi)^2} + j \frac{2\omega^2 a_{lr}(\omega_r\omega\xi)}{(\omega_r^2 - \omega^2)^2 + (2\omega\omega_r\xi)^2} \\ &= H_{Alp}^R(\omega) + jH_{Alp}^I(\omega) \end{aligned} \quad (5-8)$$

对于任一个测点, 需要对该测点的某阶或某几阶的模态参数进行辨识。因此, 需要辨识的参数包括每阶的固有频率、相对阻尼比和振型因子。由于激励点固定为 p , 则第 r 阶振型中的第 p 个分量 ϕ_{pr} 为固定值, 所以 a_{lr} 实际上与第 l 个分量 ϕ_{lr} 成正比, 当 $l=1,2,\dots,N$ 变化时, 得到 N 个点的 $a_{lr}(l=1,2,\dots,N)$, 将其构成列向量, 即为第 r 阶振型。假设某一测点的第 r 阶的固有频率、相对阻尼比和振型因子分别表示为 ω_r, ξ_r, a_{lr} , 需要采取合适的方法辨识模态参数 ω_r, ξ_r, a_{lr} , 使得拟合的测点频响应函数值 $\hat{H}_{Alp}(\omega)$ 与实测的测点频响应函数值 $H_{Alp}(\omega)$ 之间的误差最小。

5.2.2 基于自适应参数域多群体遗传算法的模态参数识别

本节主要阐述在不同测点, 如何辨识测点的 n 阶($n \geq 1$)模态参数, 即辨识第 $r(1 \leq r \leq n)$ 阶的固有频率 ω_r 、相对阻尼比 ξ_r 和振型因子 a_{lr} , 使得对于测点的频响应函数值, 其拟合值 $\hat{H}_{Alp}(\omega)$ 与实测值 $H_{Alp}(\omega)$ 之间的误差最小。由于这些参数的取值区间不太容易准确定义, 很多情况下会根据经验来给出它们的取值区间。然而, 当模态参数的正确值不一定包含在初始取值区间时, 算法寻优的过程中, 该取值区间一直固定不变, 就有可能找不到正确值。因此, 下面将采用自适应调整参数域多群体遗传算法(APMGA)进行模态参数的识别; 该方法的目的是当正确值在模态参数的初始取值区间时, 能更快更好地找到正确值; 并且, 当模态参数的初始取值区间不能完全准确给出, 即正确值不一定全部包含在初始取值区间时, 最终也能找到正确值。接下来阐述算法在模态参数识别应用中的实现过程。

5.2.2.1 算法的总体流程图

自适应调整参数域多群体遗传算法(APMGA)的总体流程图如图5.2所示。

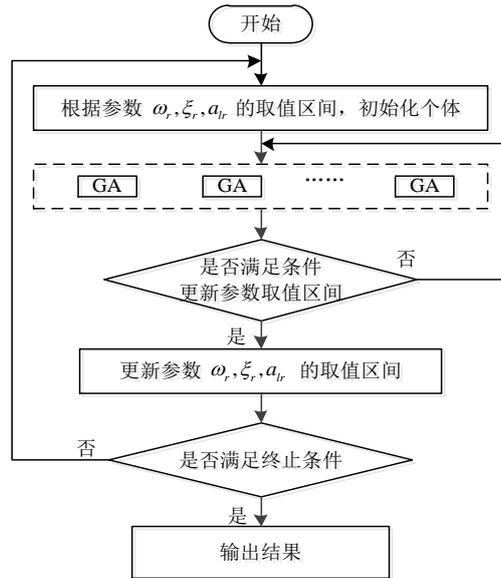


图 5.2 模态参数识别的 APMGA 算法流程图

算法的实现过程描述如下：

- (1) 给出第 r 阶模态的固有频率、相对阻尼比和振型因子，即参数 ω_r, ξ_r, a_r 的取值区间；
- (2) 各群体开始执行遗传算法（GA）的操作：首先，在参数的取值区间产生随机数，完成各群体的个体初始化，形成初始种群；其次，各群体独立执行 GA 的操作（包括：计算适应度函数值、执行选择、交叉和变异等操作），进行参数优化；
- (3) 当各群体独立进化到指定代数 d ，就暂停进化并进行信息交流；各群体交流的信息是它们各自当前的最优个体，并根据这些最优个体自适应调整参数 ω_r, ξ_r, a_r 的取值区间；
- (4) 完成参数 ω_r, ξ_r, a_r 取值区间调整后，得到参数 ω_r, ξ_r, a_r 新的取值区间，这时各群体重新在新的取值区间初始化参数 ω_r, ξ_r, a_r ，形成新的种群；接着各群体继续执行 GA 操作，直至满足终止条件结束；
- (5) 输出参数 ω_r, ξ_r, a_r 的优化结果。

5.2.2.2 模态参数识别的遗传算法实现技术

(1) 编码

采用实数编码，即个体中的每个参数都是实数。例如，需要辨识某个测点的3阶模态参数，则种群中的每个个体就由9个参数组成 $(\omega_1, \xi_1, a_{11}, \omega_2, \xi_2, a_{12}, \omega_3, \xi_3, a_{13})$ ，每个参数都采用实数编码。种群中的每个个体都是由这些参数组成，每个个体就代表一个解。

(2) 适应度函数设计

适应度函数是用于评价个体优劣，遗传算法每进行一代的进化后都需要根据适应度函数值对每个个体的优劣进行评估，以便下一步的优胜劣汰。由于适应度函数值是评价个体优劣的依据，因此，适应度函数的设计必须根据优化的目标来确定。

由于算法目标是辨识得到的第 r 阶模态参数 ω_r, ξ_r, a_r ，使得对于测点的频响函数值，其拟合值 $\hat{H}_{Alp}(\omega)$ 与实测值 $H_{Alp}(\omega)$ 之间的误差最小。因此，下面详细介绍适应度函数的设计。

设拟合的频率点为 $\omega_i (i=1,2,\dots,N)$ ，由于每个测点的频响函数 $\hat{H}_{Alp}(\omega_i)$ 是由实部和虚部组成，因此，对于每个频率点 ω_i ，分别计算拟合的频响函数的实部 $\text{Re}[\hat{H}_{Alp}(\omega_i)]$ 与实测的频响函数的实部 $\text{Re}[H_{Alp}(\omega_i)]$ 之间的误差、拟合的频响函数的虚部 $\text{Im}[\hat{H}_{Alp}(\omega_i)]$ 与实测的频响函数的虚部 $\text{Im}[H_{Alp}(\omega_i)]$ 的误差。因此，拟合的 N 个频率点与实测的 N 个频率点的总误差为

$$Error = \sum_{i=1}^N \left(\left| \text{Re}[\hat{H}_{Alp}(\omega_i)] - \text{Re}[H_{Alp}(\omega_i)] \right| + \left| \text{Im}[\hat{H}_{Alp}(\omega_i)] - \text{Im}[H_{Alp}(\omega_i)] \right| \right) \quad (5-9)$$

其中， $\hat{H}_{Alp}(\omega_i)$ 采用公式(5-8)计算。

由于辨识的目标是使得拟合值与实测值的误差最小，而遗传算法对个体的评价是适应度越高，个体的生存能力越强，因此，对式(5-9)进一步调整得到适应度函数，定义如下：

$$fitness = \frac{1}{\sqrt{\frac{1}{N*(N-1)} * Error}} \quad (5-10)$$

也就是误差越小，对应的适应度就越高，反之亦然。

(3) 遗传算子

选择算子：由于求解最小化问题，采用锦标赛选择算子。

交叉算子：采用固定的交叉概率 p_c ，并采用随机单点交叉。

变异算子：采用差分变异和均匀变异。差分变异提供机会给参数向取值区间外进行不断探索，有利于解决当参数的正确值不在初始取值区间时产生的找不到正确值的问题。均匀变异则是根据变异概率 p_m ，参数在取值区间内产生一个随机数来取代原来的值。

(4) 自适应调整参数域方法

假设有 m 个群体独立执行遗传算法(GA)操作，当各群体各自迭代 d 代后，它们找到的最优个体分别为 b_1, b_2, \dots, b_m ，其中 $b_i = (w_1^i, \xi_1^i, a_1^i, \dots, w_r^i, \xi_r^i, a_r^i, \dots, w_n^i, \xi_n^i, a_n^i)$ ， $1 \leq i \leq m$ ， $1 \leq r \leq n$ ，参数 w_r^i 表示第 i 个最优个体的第 r 阶固有频率 w_r ，参数 ξ_r^i 表示第 i 个最优个体的第 r 阶相对阻尼比 ξ_r ，参数 a_r^i 表示第 i 个最优个体的第 r 阶振型因子 a_r 。组成个体 b_i 的每个参数称为个体的基因。

假设对于第 r 阶的参数 w_r ，当前 m 个最优个体在该参数的优化结果比较相近，即参数 $w_r^1, w_r^2, \dots, w_r^m$ 都比较相近，我们就可以认为参数 w_r 的正确值就在附近的概率比较高，这时可以适当收窄参数 w_r 的取值区间，这样有利于加快搜索速度和最终收到解的精度；反之，如果参数 $w_r^1, w_r^2, \dots, w_r^m$ 的值比较分散，就应该适当扩大参数 w_r 的取值区间，甚至跳出原来的取值区间，向更大的区域去搜索。由于方差可以用来衡量随机变量与均值的散布度，因此，采用方差来判断不同群体在同一参数的优化结果是集中还是分散，从而实现参数取值区间的调整是收窄还是扩大。另外，在求解第 $j (1 \leq j \leq r)$ 个参数的均值是采用加权平均，这是因为当前最好个体 b_1, b_2, \dots, b_m

的适应度函数值不一定都相同,具有更高适应度函数值的最优个体 b_i ,组成 b_i 的各参数 w_r^i, ξ_r^i, a_{lr}^i 所占权重应该更大,因此,在求解参数 w_r^i, ξ_r^i, a_{lr}^i 的均值并不是直接求平均,而是采用加权平均。

下面以第 r 阶的参数为例,自适应调整参数域的具体实现步骤如下:

A) 当前最优个体 b_1, b_2, \dots, b_m 的适应度分别为 f_1, f_2, \dots, f_m , 其中,

$$b_i = (w_1^i, \xi_1^i, a_{l1}^i, \dots, w_r^i, \xi_r^i, a_{lr}^i, \dots, w_n^i, \xi_n^i, a_{ln}^i), \quad 1 \leq i \leq m, \quad 1 \leq r \leq n;$$

B) 计算每个最优个体适应度的权重

$$weight_i = \frac{f_i}{\sum_{i=1}^m f_i} \quad (5-11)$$

C) 计算每个参数的加权平均

$$\bar{w}_r = \sum_{i=1}^m weight_i * w_r^i \quad (5-12)$$

$$\bar{\xi}_r = \sum_{i=1}^m weight_i * \xi_r^i \quad (5-13)$$

$$\bar{a}_{lr} = \sum_{i=1}^m weight_i * a_{lr}^i \quad (5-14)$$

D) 计算每个参数的散布程度,并用 $weight_i$ 修正各参数值与均值的距离

$$var(w_r) = \sum_{i=1}^m weight_i * (w_r^i - \bar{w}_r)^2 \quad (5-15)$$

$$var(\xi_r) = \sum_{i=1}^m weight_i * (\xi_r^i - \bar{\xi}_r)^2 \quad (5-16)$$

$$var(a_{lr}) = \sum_{i=1}^m weight_i * (a_{lr}^i - \bar{a}_{lr})^2 \quad (5-17)$$

E) 计算参数 w_r, ξ_r, a_{lr} 的新取值区间

$$currLower(w_r) = \bar{w}_r - CL * \sqrt{var(w_r)} \quad (5-18)$$

$$currUpper(w_r) = \bar{w}_r + CL * \sqrt{var(w_r)}$$

$$currLower(\xi_r) = \bar{\xi}_r - CL * \sqrt{var(\xi_r)} \quad (5-19)$$

$$currUpper(\xi_r) = \bar{\xi}_r + CL * \sqrt{var(\xi_r)}$$

$$currLower(a_{lr}) = \bar{a}_{lr} - CL * \sqrt{var(a_{lr})} \quad (5-20)$$

$$currUpper(a_{lr}) = \bar{a}_{lr} + CL * \sqrt{var(a_{lr})}$$

其中, CL 为调整尺度,本节 $CL=2.5$ 。

F) 为了进一步加强更新后的参数取值区间的可靠性,新的参数取值区间将综合考虑初始取值区间、至今找到的最优个体的取值区间,以及各群体迭代 d 代调整后的取值区间。

假设参数 w_r 的初始取值区间为 $(initLower(w_r), initUpper(w_r))$, 至今找到的最优个体的取值区间为 $(gLower(w_r), gUpper(w_r))$, 各群体迭代 d 代调整后的取值区间为 $(currLower(w_r), currUpper(w_r))$,

则参数 w_r 调整后的最终取值区间 $(lower(w_r), upper(w_r))$ 为

$$\begin{aligned} lower(w_r) &= 0.3 * initLower(w_r) + 0.3 * gLower(w_r) + 0.4 * currLower(w_r) \\ upper(w_r) &= 0.3 * initUpper(w_r) + 0.3 * gUpper(w_r) + 0.4 * currUpper(w_r) \end{aligned} \quad (5-21)$$

类似地,参数 ξ_r 调整后的最终取值区间 $(lower(\xi_r), upper(\xi_r))$ 为

$$\begin{aligned} lower(\xi_r) &= 0.3 * initLower(\xi_r) + 0.3 * gLower(\xi_r) + 0.4 * currLower(\xi_r) \\ upper(\xi_r) &= 0.3 * initUpper(\xi_r) + 0.3 * gUpper(\xi_r) + 0.4 * currUpper(\xi_r) \end{aligned} \quad (5-22)$$

同样地，参数 a_{lr} 调整后的最终取值区间 ($lower(a_{lr}), upper(a_{lr})$) 为

$$\begin{aligned} lower(a_{lr}) &= 0.3 * initLower(a_{lr}) + 0.3 * gLower(a_{lr}) + 0.4 * currLower(a_{lr}) \\ upper(a_{lr}) &= 0.3 * initUpper(a_{lr}) + 0.3 * gUpper(a_{lr}) + 0.4 * currUpper(a_{lr}) \end{aligned} \quad (5-23)$$

至此，各参数新的取值区间就得到了。

5.2.3 结果及分析

在模态分析中，由于结构的对称性，往往存在多个相同的固有频率，或相邻阶的多个固有频率非常接近的情况，即模态间存在严重耦合，这给模态分析带来了很大困难。为了验证自适应调整域多群体遗传算法（APMGA）在模态参数识别中的有效性，本节选择一个模态耦合较严重的三阶模型作为算例，对本节提出的方法进行验证和分析。该模型如下：

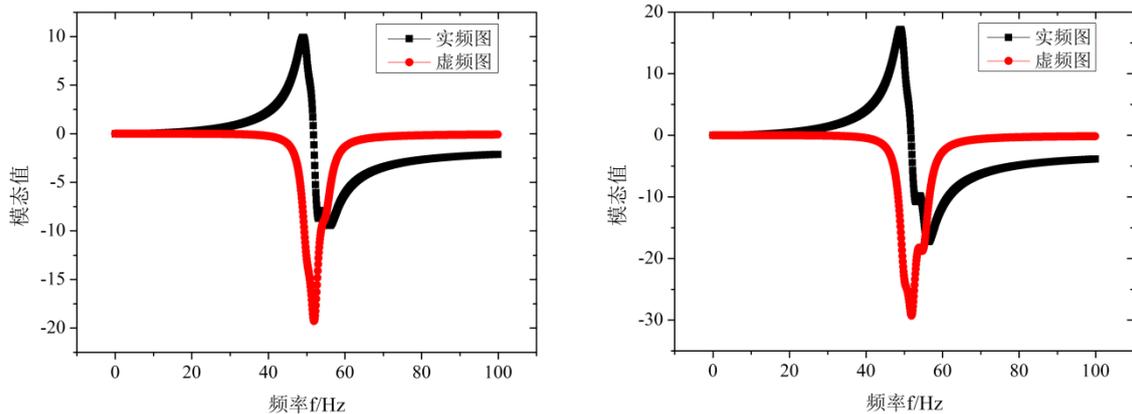
$$H_k(\omega) = \sum_{i=1}^3 \frac{\phi_{ki}}{-\omega^2 + \omega_i^2 + 2j\omega\omega_i\xi_i} \quad (5-24)$$

其中，用于生成频响函数的模态参数如表 5.1 所示。

表 5.1 模型参数

阶数	固有频率 f/Hz	相对阻尼比 ξ	振型因子 ϕ	
			测点 1	测点 2
1	50	0.030	-0.5	-1.0
2	52	0.025	-0.75	-1.0
3	55	0.030	-0.3	-0.8

测点 1 和测点 2 的频率响应函数图分别如图 5.3(a)和 5.3(b)所示。



(a) 测点 1 的频率响应函数图

(b) 测点 2 的频率响应函数图

图 5.3 两个测点的频率响应函数图

这是一个三阶模型，本节要识别的模态参数是每个测点每阶的模态参数，即每阶的固有频率、相对阻尼比和振型因子，因此，每个测点要识别的参数一共有 9 个，即参数 $\omega_1, \xi_1, \phi_{k1}, \omega_2, \xi_2, \phi_{k2}, \omega_3, \xi_3, \phi_{k3}$ ；并且，这 9 个参数识别的目标就是等于或接近表 5.1 的固有频率、相

对阻尼比和振型因子。

5.2.3.1 参数设置

为了验证自适应调整域多群体遗传算法的性能和参数取值区间的自适应,下面将3阶模态参数 $\omega_1, \xi_1, \phi_{k1}, \omega_2, \xi_2, \phi_{k2}, \omega_3, \xi_3, \phi_{k3}$ 的初始取值区间定义为2类,一类是参数实测值包含在初始取值区间内(称为“Internal”),另一类是参数实测值不包含在初始取值区间内(称为“External”),如表5.2所示。为了表述的方便,下面将表5.1的“固有频率”、“相对阻尼比”和“振型因子”的取值称为“实测值”,而采用自适应调整域多群体遗传算法辨识的参数结果称为“拟合值”。

表 5.2 模态参数的 2 类初始取值区间

参数	测点 1 参数实测值	测点 2 参数实测值	Internal	External
ω_1	50	50	(0, 60)	(65, 85)
ξ_1	0.030	0.030	(0, 0.05)	(0.05, 0.1)
ϕ_{k1}	-0.5	-1.0	(-1.0, 0.0)	(-0.7, -0.5)
ω_2	52	52	(0, 60)	(65, 85)
ξ_2	0.025	0.025	(0, 0.05)	(0.05, 0.1)
ϕ_{k2}	-0.75	-1.0	(-1.0, 0.0)	(-0.7, -0.5)
ω_3	55	55	(0, 60)	(65, 85)
ξ_3	0.030	0.030	(0, 0.05)	(0.05, 0.1)
ϕ_{k3}	-0.3	-0.8	(-1.0, 0.0)	(-0.7, -0.5)

另外,遗传算法的相关参数设定如下:种群规模 $popsiz=100$,算法最大迭代次数是3000代,采用锦标赛选择算子和单点交叉算子,交叉概率为0.7,变异概率为0.05;同时,为了减少统计误差,每种算法都运行20次;

由于自适应调整域多群体遗传算法是以基本遗传算法(SGA)为基础,采用差分变异和均匀变异相结合的变异算子及采用多群体技术。因此,自适应调整域多群体遗传算法将与采用差分均匀变异算子的遗传算法(简称“差分均匀变异遗传算法”)、简单遗传算法进行比较。为了保证比较的有效性,这3种算法参数设置相同。

5.2.3.2 实验结果及分析

实验验证及分析将从两方面进行,一方面,从模态参数辨识结果、频率响应函数的实频图和虚频图、参数域自适应调整过程等方面来验证算法的有效性;另一方面,自适应调整域多群体遗传算法与差分均匀变异遗传算法和简单遗传算法(SGA)在解精度、收敛速度、稳定性和求解成功率等的比较,验证自适应调整域多群体遗传算法的优势。

(1) 模态参数的辨识结果

下面将分别验证模态参数在2类不同初始取值区间下，2个测点的参数辨识结果。结果分别如表5.3和表5.4所示。

表 5.3 测点 1 的参数辨识结果

参数	实测值	辨识结果	
		Internal	External
ω_1	50	50.00142	49.99975
ξ_1	0.03	0.030017	0.029995
ϕ_{k1}	-0.5	-0.50105	-0.50014
ω_2	52	52.00057	51.99956
ξ_2	0.025	0.024968	0.024973
ϕ_{k2}	-0.75	-0.74852	-0.74908
ω_3	55	54.99888	54.99733
ξ_3	0.03	0.030016	0.030032
ϕ_{k3}	-0.3	-0.30043	-0.30076

表 5.4 测点 2 的参数辨识结果

参数	实测值	辨识结果	
		Internal	External
ω_1	50	49.99681	49.99711
ξ_1	0.03	0.029958	0.029963
ϕ_{k1}	-1.0	-0.99542	-0.99405
ω_2	52	51.99839	51.9999
ξ_2	0.025	0.025104	0.025217
ϕ_{k2}	-1.0	-1.00651	-1.01229
ω_3	55	55.00187	55.0083
ξ_3	0.03	0.029973	0.029858
ϕ_{k3}	-0.8	-0.79809	-0.79374

从表5.3和表5.4可以得到，2个不同测点，模态参数取2种不同的初始取值区间时，自适应参数域多群体遗传算法的辨识结果都等于或非常接近实测值，即使是初始取值区间不包含实测值的情况下（External），辨识结果都非常理想。这说明算法对参数初始取值区间的准确定义要求可以适当放松，具有较强的工程应用价值。

(2) 各测点的实部频响图和虚部频响图

根据前面表5.3-5.4的辨识结果，计算模态频响函数的实部频率和虚部频率，画出它们对应的实部频响图和虚部频响图，并与实测值对应的实部频响图和虚部频响图进行对比。由于每个测点在2种取值区间的模态参数辨识结果基本一致，因此，对于每个测点，只画出其中一种取值区间的辨识结果所对应的实部频响图和虚部频响图。结果如图5.4所示。

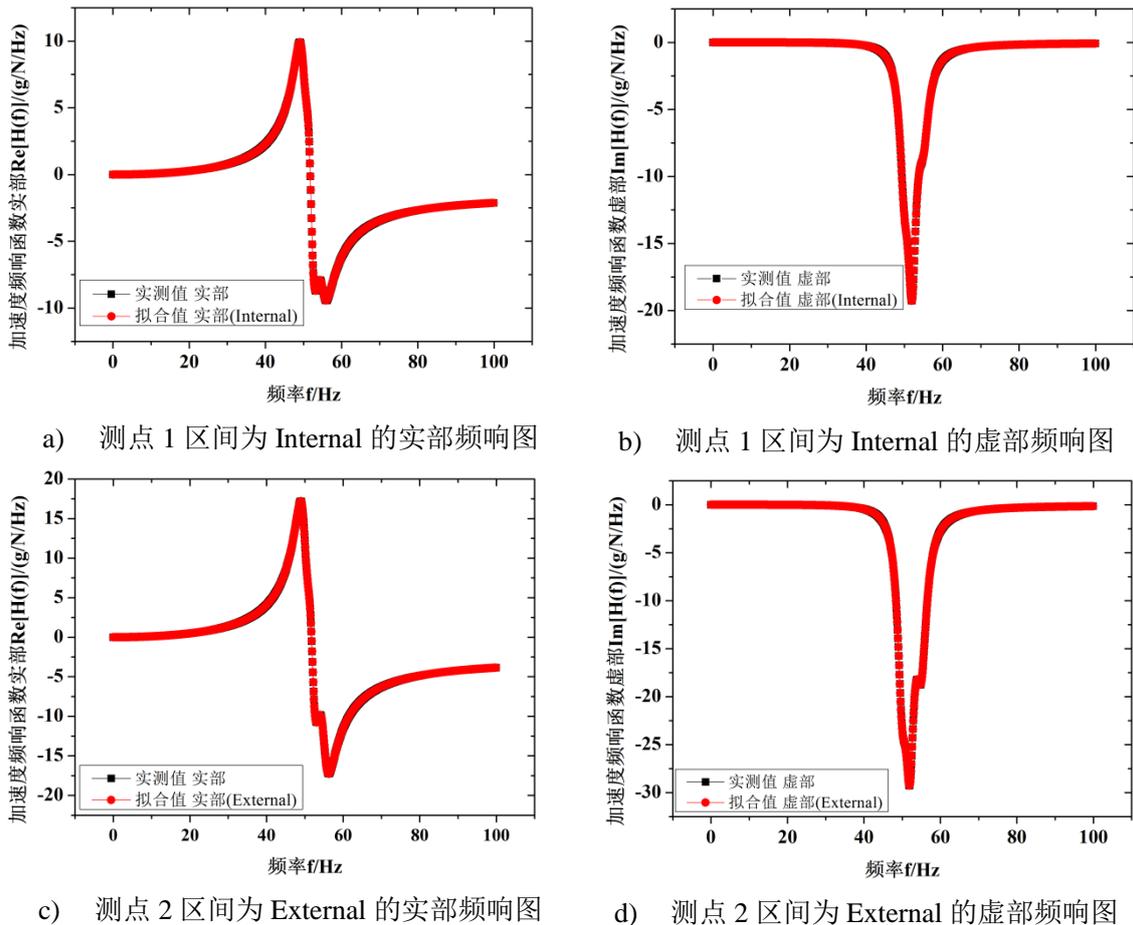


图 5.4 各测点模态参数实测值与拟合值的频响图对比

从图5.4可以得到，测点1和测点2的实部频响图和虚部频响图都与实测值对应的频响图一致，也进一步验证了模态参数辨识结果的正确性。

(3) 模态参数取值区间的自适应调整

前面的结果验证了算法的正确性和有效性，接下来图5.5-5.8显示了算法运行过程中，模态参数区间的自适应调整过程，这小节的结果及分析主要验证算法对参数区间的自适应性。由于有2个测点，每个测点都需要辨识3阶模态共9个参数，且每个模态参数有2类不同的初始取值区间。因此，下面以测点为单位，显示3阶9个模态参数在2类不同初始取值区间的自适应调整过程。其中，图5.5和图5.6分别显示在测点1，模态参数初始取值区间为Internal和External时，参数区间

的自适应调整过程；类似地，图5.7和图5.8分别显示了在测点2，模态参数在2类不同初始取值区间时的区间调整过程。

1) 在测点 1 参数取值区间自适应调整

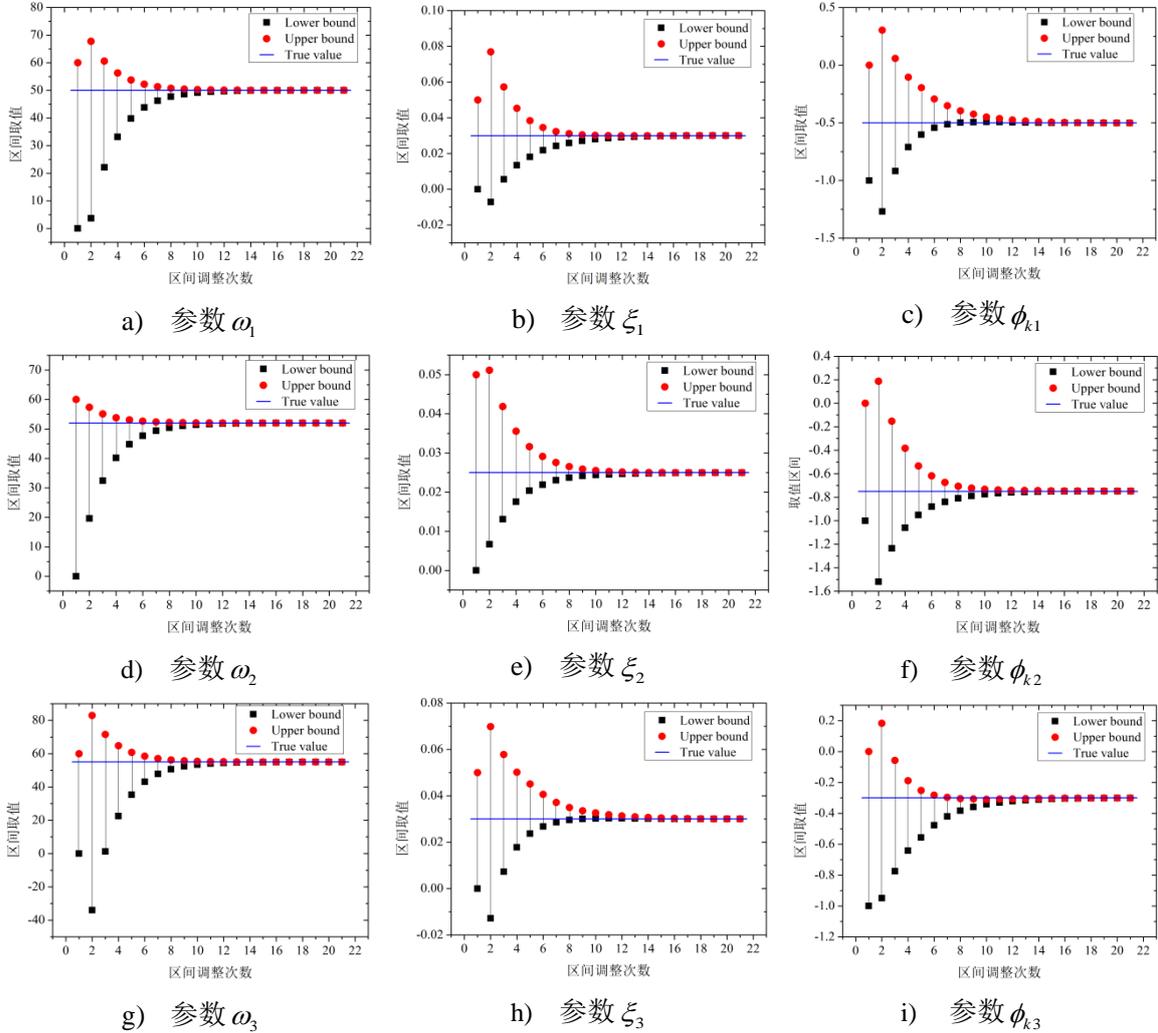
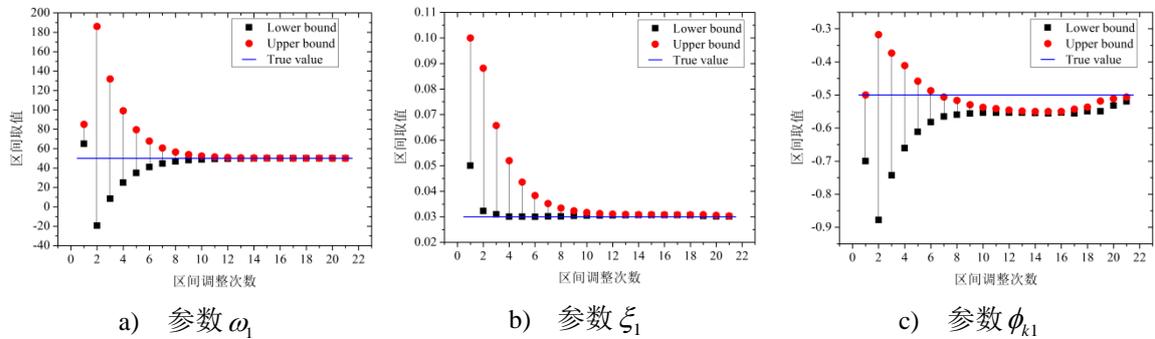


图 5.5 测点 1 初始区间为 Internal 的参数自适应调整过程



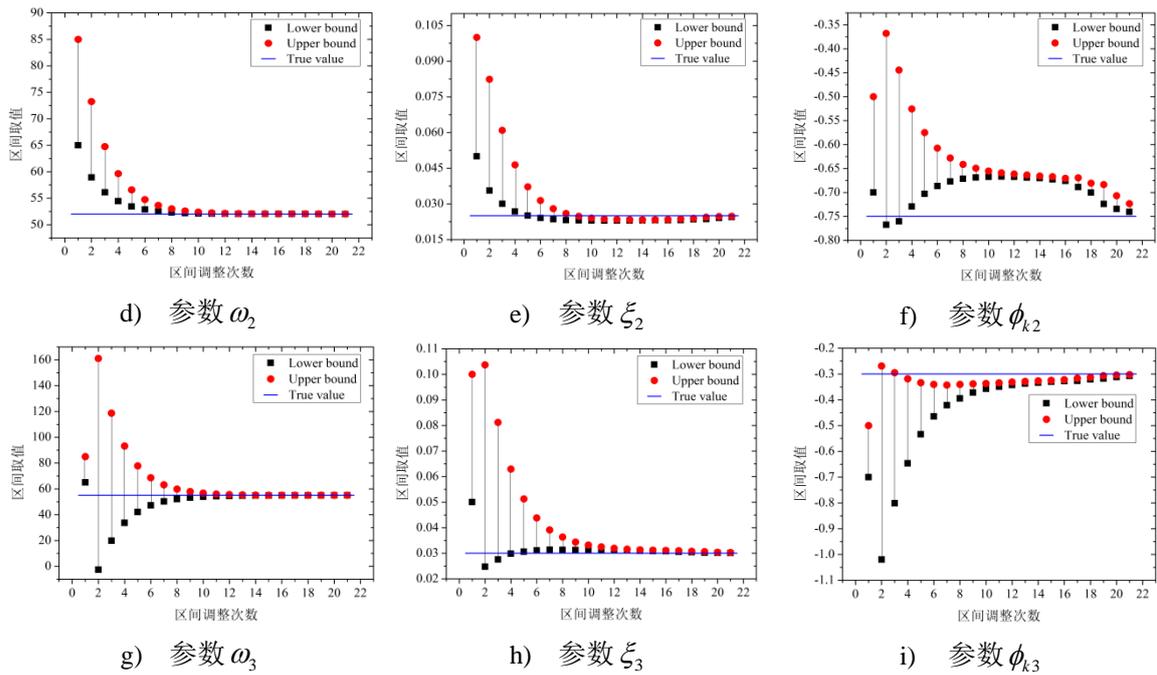
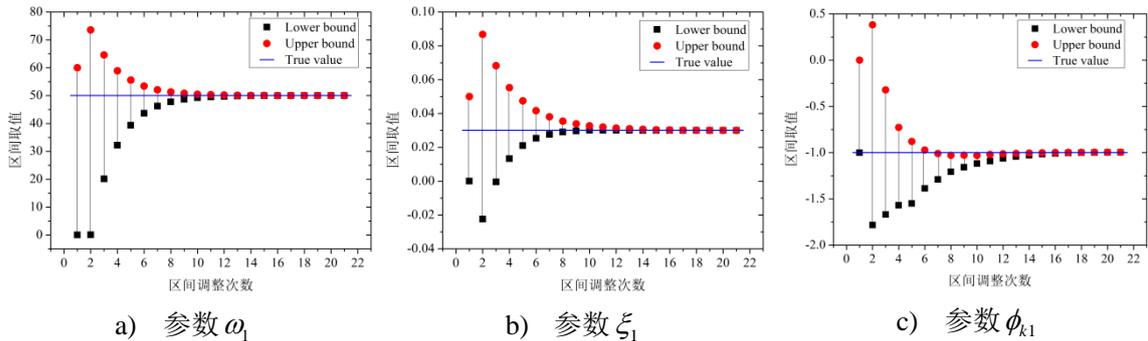


图 5.6 测点 1 初始区间为 External 的参数自适应调整过程

从图5.5和图5.6可以看出，需要优化的模态参数不管实测值是否包含在初始取值区间，算法都能根据各群体定期交流的结果，自适应地重新调整参数区间；并且，可以观察到参数区间的前期调整会比较大，因为各群体都还没有收敛到最优值，各群体用于交流的当前最优个体差异比较大；区间后期的调整基本都是收窄，这是因为算法进化后期，各群体逐步找到最优解，用于交流的当前最优个体差异比较小。这也验证了参数区间调整的设计思路：根据当前各群体在同一参数的取值，如果全部或大部分群体，该参数值相同或接近，这时就应该收窄参数区间；否则就扩大区间；并且，由于后期的区间调整基本就是慢慢地收窄，有利于加快搜索速度。

2) 在测点 2 参数取值区间自适应调整



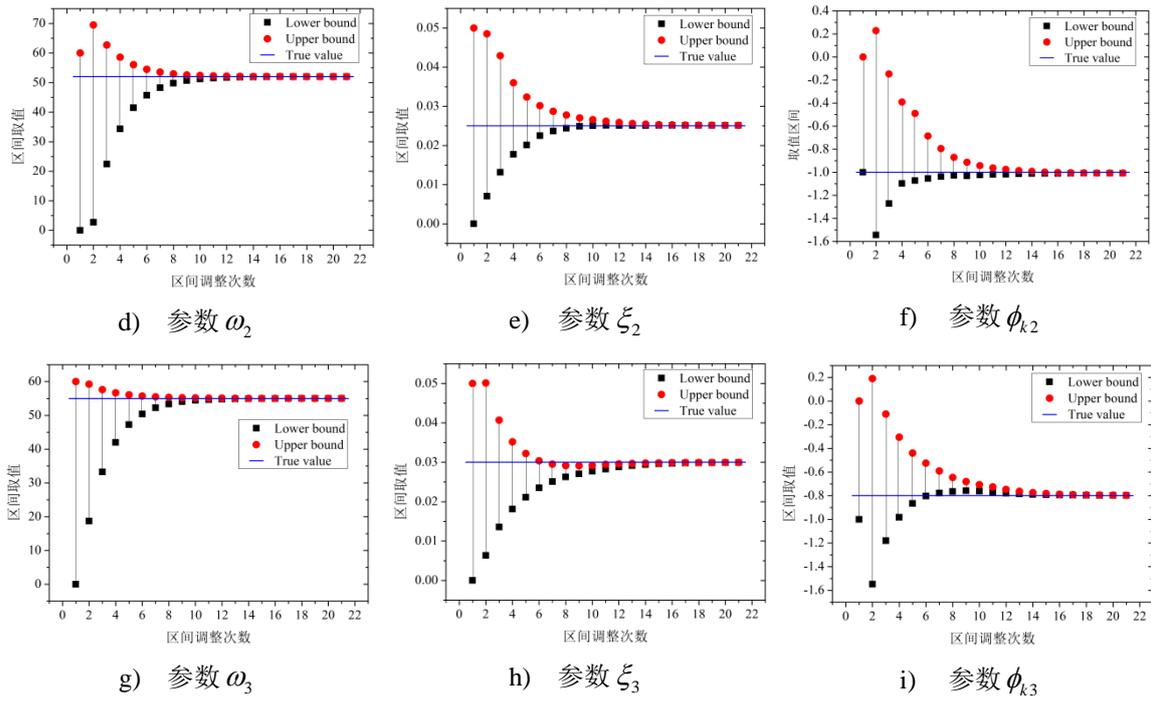
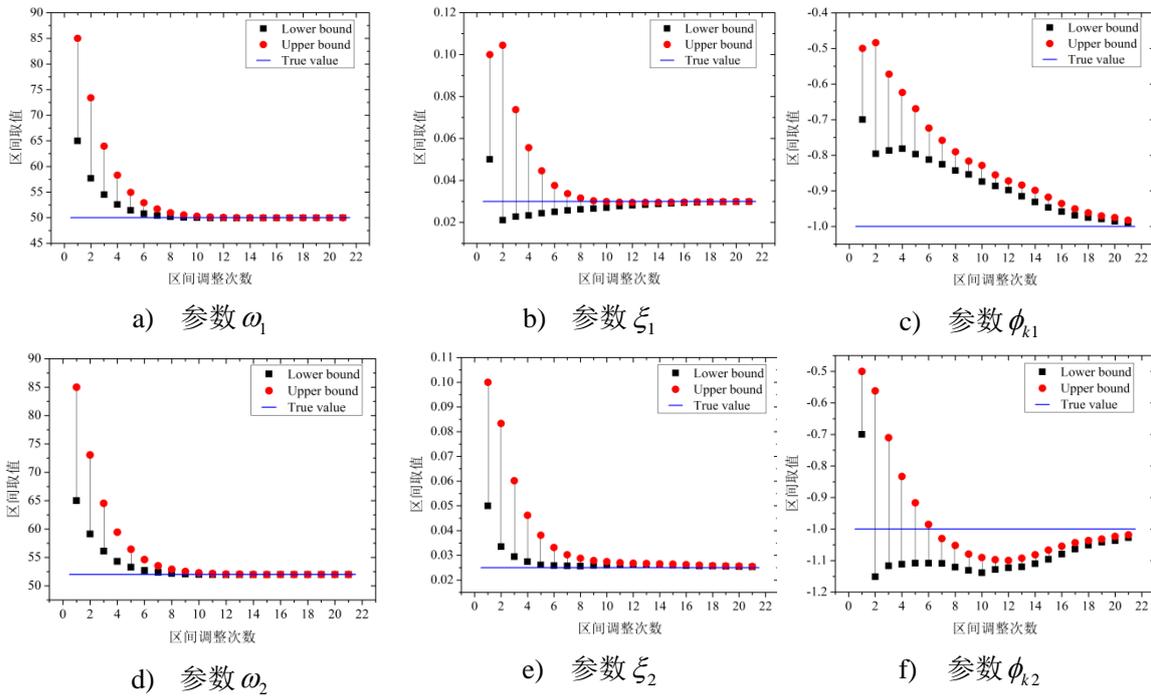


图 5.7 测点 2 初始区间为 Internal 的参数自适应调整过程



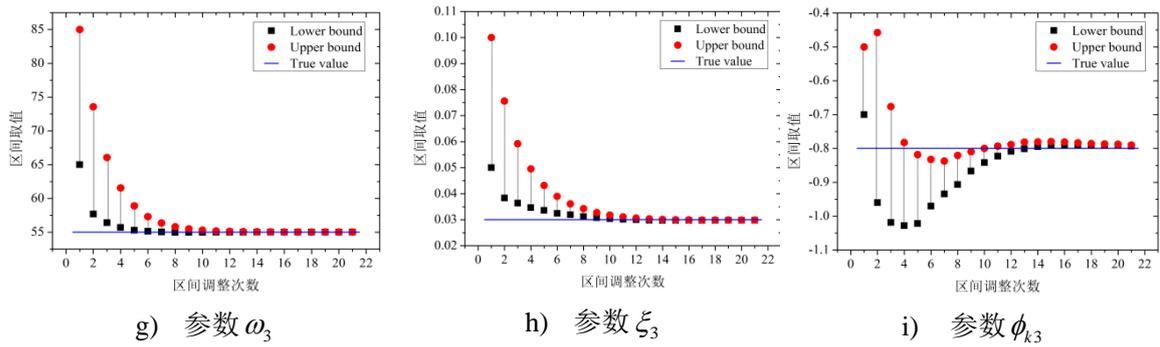


图 5.8 测点 2 初始区间为 External 的参数自适应调整过程

图5.7和图5.8显示了在测点2，各参数在两种不同初始区间的参数区间自适应调整过程。从图中也可以看出，在该测点，区间的调整同样也验证了自适应调整参数域设计思路的正确性及有效性。

(3) 与其他算法的比较

为了进一步验证本节算法的有效性和优势性，下面对20次的测试结果进行比较及分析，本节算法与差分均匀变异遗传算法和简单遗传算法进行比较。验证3种算法在测点1和测点2及2类不同初始取值区间（Internal和External）的结果进行比较。

1) 3种算法找到的最优解、平均值、标准差和成功率

平均值是20次测试结果的综合体现，平均值与实测值的误差越小，说明算法优化的精度大、可靠性强。而算法的稳定性可以用标准差来衡量，标准差越小，算法稳定性就越高。成功次数是指算法成功找到满足指定精度的解的次数（共测试20次）；其中，各参数解的精度为： $\omega_i (1 \leq i \leq 3)$ 的拟合值与实测值的误差绝对值不大于0.1， $\xi_i (1 \leq i \leq 3)$ 的拟合值与实测值的误差绝对值不大于0.005， $\phi_{ki} (1 \leq i \leq 3)$ 的拟合值与实测值的误差绝对值不大于0.05。当参数的解满足这个要求，则认为成功找到解。

表 5.5 测点 1 初始区间为 Internal 的比较结果

	模态参数								
	ω_1	ξ_1	ϕ_{k1}	ω_2	ξ_2	ϕ_{k2}	ω_3	ξ_3	ϕ_{k3}
自适应参数域多群体遗传算法									
最优解	50.0014	0.0300	-0.5011	52.0006	0.0250	-0.7485	54.9989	0.0300	-0.3004
平均值	50.0682	0.0309	-0.5859	51.9622	0.0279	-0.6713	55.0139	0.0297	-0.2927
标准差	0.3189	0.0040	0.3922	0.1627	0.0127	0.3612	0.0636	0.0014	0.0325
成功次数	19	19	19	19	19	18	19	19	19

差分均匀变异遗传算法									
最优解	50.0165	0.0279	-0.4218	52.0868	0.0318	-0.9895	55.3755	0.0207	-0.1503
平均值	33.7500	0.0312	-0.4837	48.9263	0.0357	-0.8446	21.7561	0.0305	-0.2442
标准差	26.3684	0.0215	0.4922	12.3314	0.0177	0.5450	57.3380	0.0638	0.4800
成功次数	2	10	2	2	5	1	0	3	2
简单遗传算法									
最优解	50.0790	0.0327	-0.5239	51.9376	0.0156	-0.1190	52.5913	0.0411	-0.9218
平均值	48.6889	0.0344	-0.6026	49.7834	0.0348	-0.7138	44.9846	0.0340	-0.2895
标准差	8.8102	0.0079	0.2724	10.0642	0.0100	0.2556	18.3073	0.0131	0.3043
成功次数	2	8	1	2	1	4	0	5	0

表 5.6 测点 1 初始区间为 External 的比较结果

模态参数									
	ω_1	ξ_1	ϕ_{k1}	ω_2	ξ_2	ϕ_{k2}	ω_3	ξ_3	ϕ_{k3}
自适应参数域多群体遗传算法									
最优解	49.9998	0.0300	-0.5001	51.9996	0.0250	-0.7491	54.9973	0.0300	-0.3008
平均值	50.2035	0.0318	-0.7154	52.0781	0.0311	-0.3756	53.1510	-2.4381	-0.5109
标准差	0.5167	0.0054	0.6631	0.3293	0.0148	0.9502	7.4716	11.0484	0.6239
成功次数	17	17	16	17	17	14	18	18	17
差分均匀变异遗传算法									
最优解	0.6553	0.0304	-0.5708	52.0069	0.0210	-0.5822	54.6698	0.0346	-0.3989
平均值	0.3297	0.0330	-0.7153	58.3612	0.0337	-0.6302	92.4969	0.0252	-0.2723
标准差	0.0148	0.0028	0.2066	26.2948	0.0204	0.2290	68.1241	0.1003	0.1841
成功次数	4	16	4	6	9	0	1	4	2
简单遗传算法									
最优解	0.6515	0.0996	-0.5732	65.1355	0.0986	-0.5330	65.4053	0.0909	-0.5149
平均值	0.0064	0.0905	-0.5323	66.5463	0.0920	-0.5240	67.4944	0.0913	-0.5168
标准差	0.6141	0.0092	0.0308	4.1684	0.0087	0.0221	3.9785	0.0089	0.0179
成功次数	0	0	15	0	0	0	0	0	0

表5.5和表5.6分别是在测点1， 2类不同初始取值区间， 三种算法20次测试结果的比较。比较从最优解、平均值、标准差和成功次数四个指标进行， 自适应参数域多群体遗传算法各方面

指标都比其他两种算法占用明显的优势。

自适应参数域多群体遗传算法找到的最优解基本都很接近实测值，说明自适应参数域多群体遗传算法具有较好的搜索能力。

自适应参数域多群体遗传算法找到的大部分参数的平均值都很接近最优值，但有极个别参数找到的成功率高，但平均值与最优解有一定的差距，这是由于不成功找到的结果偏差较大，相当于在20次测试结果中出现了孤立点，影响了总体的平均值。

当参数初始区间不包含实测值（External），简单遗传算法由于在进化的过程中，参数取值区间一直不变，没办法找到满足指定精度要求的值，因此，它的成功率为0%；差分均匀变异遗传算法由于采用差分变异，使得在算法在进化的过程中有机会跳出初始区间进行搜索，因此，有机会找到一些参数的值，但成功率不高。而自适应参数域多群体遗传算法既采用了差分均匀变异算子，及定期交流策略，同时结合参数域的调整方法，使得参数的取值区间不是固定的，是有依据有方向动态地调整，因此，即使是区间在External情况下，它都能找到满足指定精度要求的解，成功率高。

表 5.7 测点 2 初始区间为 Internal 的比较结果

	模态参数								
	ω_1	ξ_1	ϕ_{k1}	ω_2	ξ_2	ϕ_{k2}	ω_3	ξ_3	ϕ_{k3}
自适应参数域多群体遗传算法									
最优解	49.9968	0.0300	-0.9954	51.9984	0.0251	-1.0065	55.0019	0.0300	-0.7981
平均值	49.9989	0.0300	-0.9983	51.9999	0.0251	-1.0033	55.0023	0.0300	-0.7985
标准差	0.0132	0.0002	0.0214	0.0063	0.0006	0.0350	0.0156	0.0002	0.0138
成功次数	20	20	19	20	20	18	20	20	20
差分均匀变异遗传算法									
最优解	49.9963	0.0293	-0.9661	51.9748	0.0250	-0.9793	54.9120	0.0331	-0.8599
平均值	52.8842	0.0319	-1.1797	45.4450	0.0322	-0.8484	59.3913	0.3268	-0.1684
标准差	1.9201	0.0070	0.5785	33.1331	0.0074	0.5326	62.9529	1.3373	3.1145
成功次数	0	11	1	2	3	1	2	11	1
简单遗传算法									
最优解	51.0129	0.0329	-0.9846	51.3718	0.0413	-0.8807	53.9042	0.0403	-0.8831
平均值	50.0817	0.0360	-0.8845	52.0648	0.0297	-0.8455	53.7718	0.0363	-0.8461
标准差	0.8288	0.0087	0.0824	0.7797	0.0093	0.0980	1.3981	0.0066	0.1237
成功次数	3	6	5	0	10	3	1	7	3

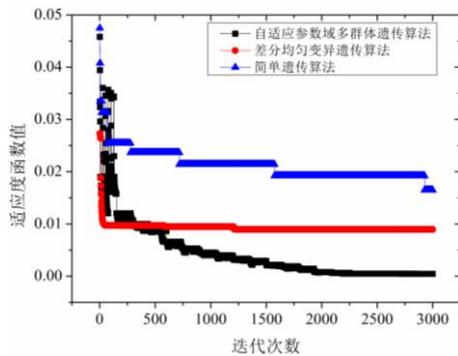
表 5.8 测点 2 初始区间为 External 的比较结果

模态参数									
	ω_1	ξ_1	ϕ_{k1}	ω_2	ξ_2	ϕ_{k2}	ω_3	ξ_3	ϕ_{k3}
自适应参数域多群体遗传算法									
最优解	49.9971	0.0300	-0.9941	51.9999	0.0252	-1.0123	55.0083	0.0299	-0.7937
平均值	50.0025	0.0300	-1.0044	52.0000	0.0249	-0.9922	54.9956	0.0301	-0.8035
标准差	0.0162	0.0002	0.0235	0.0089	0.0006	0.0362	0.0155	0.0002	0.0136
成功次数	20	20	20	20	20	17	20	20	20
差分均匀变异遗传算法									
最优解	50.0166	0.0300	-1.0230	51.9327	0.0239	-0.8733	54.8485	0.0315	-0.9055
平均值	49.9282	0.0296	-0.8214	51.7903	0.0275	-1.0749	54.7377	0.0326	-0.9108
标准差	0.3317	0.0088	0.2685	0.2383	0.0063	0.2934	0.3898	0.0057	0.2677
成功次数	6	12	1	2	11	3	5	11	4
简单遗传算法									
最优解	65.0000	0.0785	-0.6236	65.2326	0.0985	-0.5045	65.2503	0.0882	-0.5084
平均值	65.2319	0.0869	-0.6115	65.2823	0.0881	-0.5784	65.2557	0.0883	-0.6000
标准差	0.1294	0.0123	0.0657	0.1919	0.0095	0.0518	0.2205	0.0083	0.0558
成功次数	0	0	0	0	0	0	0	0	0

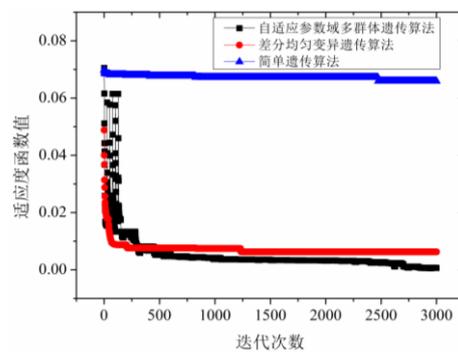
表5.7和表5.8分别是在测点2， 2类不同初始取值区间， 三种算法20次测试结果的比较。比较从最优解、平均值、标准差和成功率四个指标进行， 自适应参数域多群体遗传算法各方面指标都比其他两种算法占用明显的优势， 情况与测点1类似。

2) 收敛速度

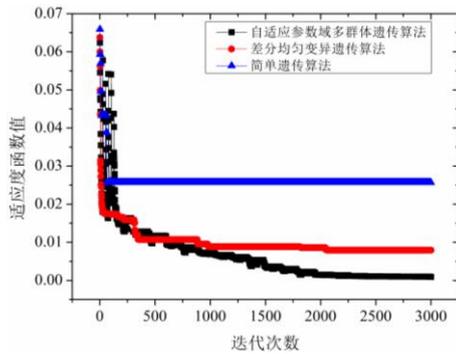
下面从3种算法的20次测试结果中， 分别选出它们最优的一次结果进行算法收敛情况的比较及分析， 结果如图5.9所示。



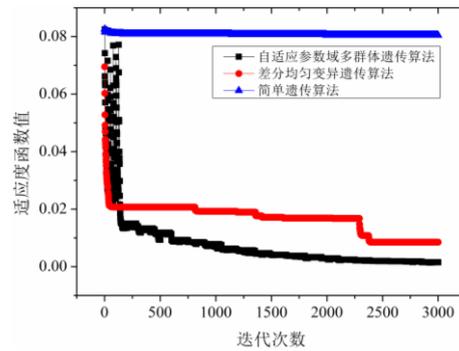
(a) 测点 1 区间 Internal 的算法收敛曲线图



(b) 测点 1 区间 External 的算法收敛曲线图



(c)测点 2 区间 Internal 的算法收敛曲线图



(d) 测点 2 区间 External 的算法收敛曲线图

图 5.9 三种算法在不同测点不同区间的收敛图

从图5.9可以看出,简单遗传算法过早地收敛,找到的最优解与实测值的总误差相对较大(纵坐标的适应度函数值表示误差),而自适应参数域多群体遗传算法由于采用多群体并定期交流及调整参数域,以及设计差分变异和均匀变异相结合的变异算子,克服遗传算法的“早熟”现象,大大改善了算法的性能。

5.3 APMGA 方法在转子系统支承和连接刚度辨识中的应用

转子系统是航空发动机的核心部件,其支承和连接刚度对转子系统的动力学特性有着至关重要的影响。然而,在转子系统实际支承和连接系统装配中,由于滚动轴承和联轴器的间隙、以及连接件间的配合紧度,以及螺栓的拧紧力矩等等,对支承和连接刚度均有很大的影响,难以准确建立其力学模型。因此,针对实际转子系统,对支承和连接刚度进行辨识,则是进行转子系统动力学建模的有效手段。本节将自适应参数域多群体遗传算法应用于转子系统支承和连接刚度辨识,以期准确地获取实际转子系统的支承和连接刚度,为准确建立转子系统有限元动力学模型奠定基础。

本节研究的转子系统对象是含膜片联轴器的转子试验器,它主要由两段转轴(短轴和长轴)、两个转盘、联轴器、法兰盘、轴承座等组成;因此,要对含膜片联轴器的转子试验器的连接动力学模型进行修正,就涉及到对短轴的支承刚度、长轴的支承刚度进行辨识,以及对含膜片联轴器的连接刚度进行辨识。

本节内容的结构框图如图5.10所示。其研究流程为:

- (1) 建立初始动力学模型;
- (2) 模态试验:进行支承状态的含膜片联轴器的转子试验器长轴部分及短轴部分的模态试验,以及进行连接状态的含膜片联轴器的转子试验器整机状态的模态试验,分别得出相应的固有频率与模态振型。
- (3) 刚度灵敏度分析及待优化刚度的确定:进行刚度参数对各阶模态影响的灵敏度分析,根据灵敏度分析结果挑选出灵敏度较高的刚度参数进行辨识;

(4) 在各待识别的刚度范围内选择典型的刚度值，进行有限元模态计算，以得到不同刚度组合下对应的模态频率。计算若干组合刚度下的模态频率，并进行整理，形成各刚度值组合状态与其对应的模态频率的样本集；

(5) 采用支持向量回归，通过样本集学习获取各刚度值到各阶模态频率的函数关系；

(6) 采用自适应参数域多群体遗传算法对带支承状态下的短轴支承刚度、长轴支承刚度、含膜片联轴器连接刚度进行辨识，修正模型。

(7) 将辨识得到的刚度值代入初始动力学模型进行有限元计算，将计算结果与模态试验结果进行对比验证。

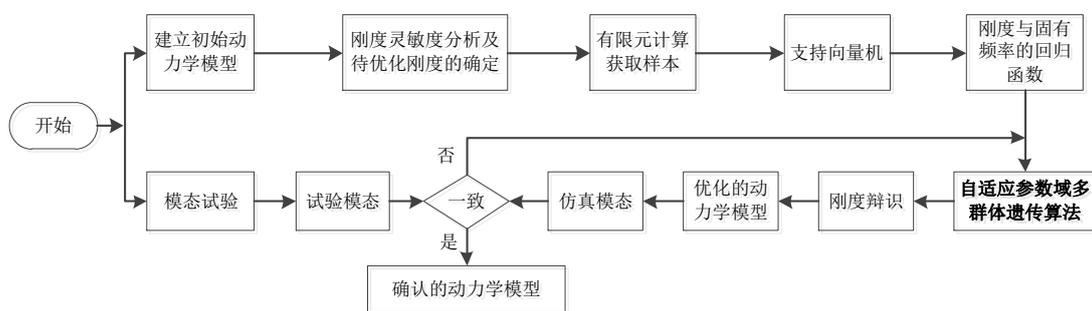


图 5.10 转子系统连接刚度辨识的结构框图

5.3.1 含膜片联轴器的转子试验器简介

含膜片联轴器的转子试验器实物图如图5.11所示。该转子试验器主要包括短轴、长轴、两个转盘、联轴器、法兰盘、轴承座等。含膜片联轴器的三维模型图与二维尺寸图如图5.12所示。支承座的三维实体模型如图5.13所示，滚动轴承三维实体图如图5.14所示。

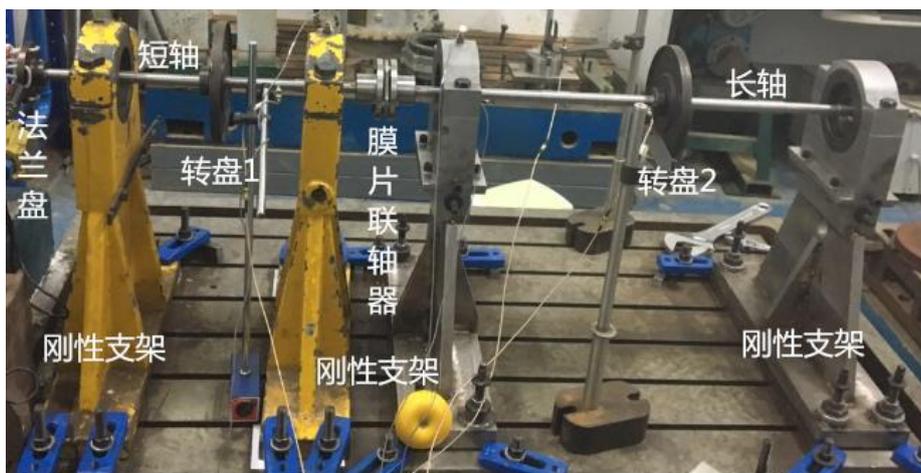
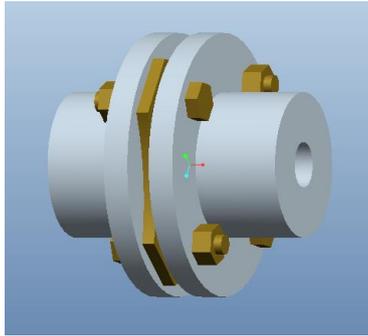
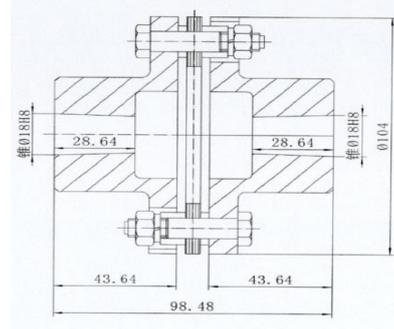


图 5.11 含膜片联轴器转子试验器实物图



(a) 三维模型图



(b) 二维尺寸图

图 5.12 含膜片联轴器示意图

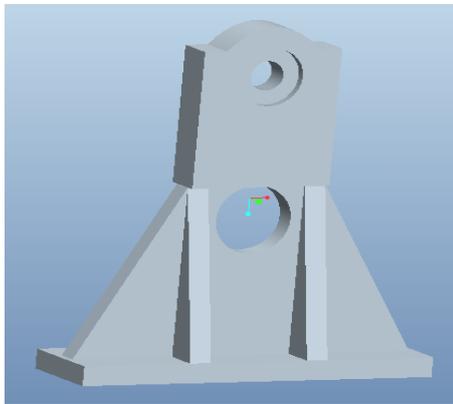


图 5.13 支承座三维模型图

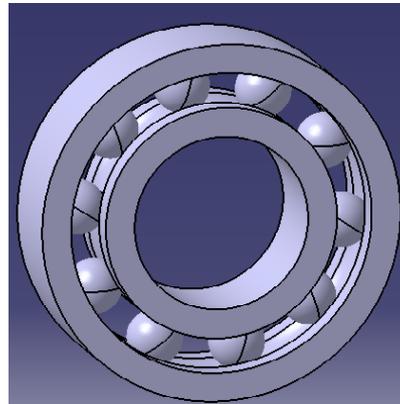


图 5.14 轴承三维模型图

5.3.2 含膜片联轴器的转子试验器动力学模型

含膜片联轴器的转子试验器三维模型图如图5.15，动力学模型图如图5.16所示。在含膜片联轴器的转子试验器中，具有一个膜片联轴器连接两段轴，一段短轴和一段长轴。短轴上有法兰盘 P_1 、转盘 P_2 。长轴上有转盘 P_3 ；试验器具有四个支承 S_1 、 S_2 、 S_3 、 S_4 。其中， S_1 、 S_2 支承在短轴上， S_3 、 S_4 支承在长轴上。各部分在转轴上的位置分别为 L_1 ， L_2 ， L_3 ， L_4 ， L_5 ， L_6 ， L_7 ， L_8 。

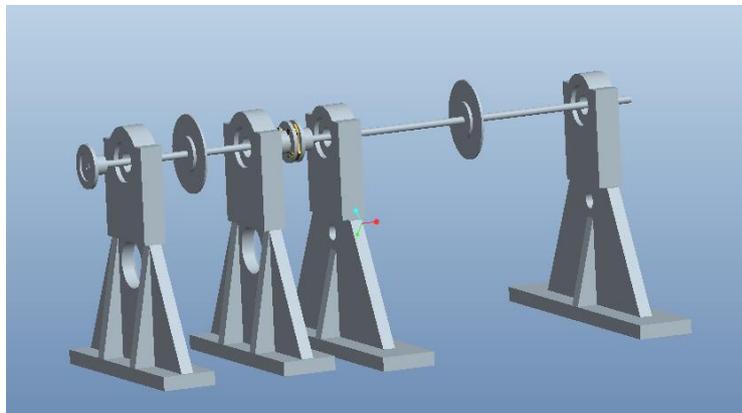


图 5.15 含膜片联轴器的转子试验器三维模型图

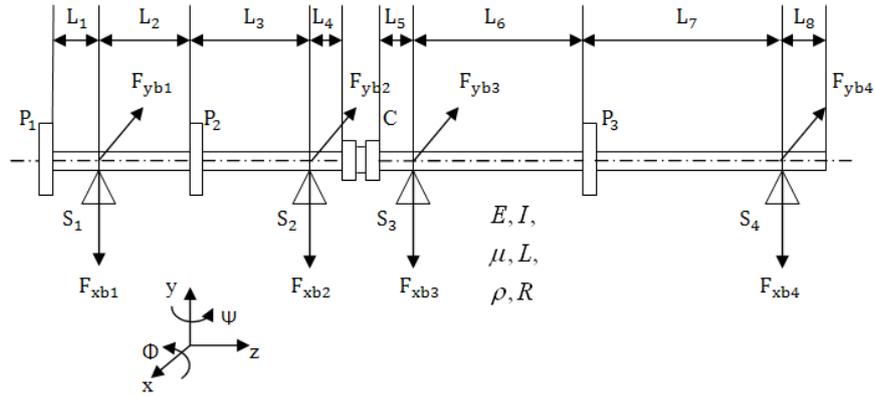


图 5.16 含膜片联轴器的转子试验器动力学模型

(1) 转子系统微分方程

将上述所有的转盘单元和普通梁单元的运动微分方程组装在一起，即可得到系统的运动微分方程，即：

$$(\mathbf{M}_s)\ddot{\mathbf{q}}_s + (\mathbf{C}_s - \omega\mathbf{G}_s)\dot{\mathbf{q}}_s + \mathbf{K}_s\mathbf{q}_s = \mathbf{Q}_s \quad (5-25)$$

式中， \mathbf{q}_s 、 $\dot{\mathbf{q}}_s$ 、 $\ddot{\mathbf{q}}_s$ 分别为广义位移向量、速度向量和加速度向量； \mathbf{Q}_s 为系统广义外力向量； \mathbf{M}_s 为系统质量矩阵； \mathbf{G}_s 为系统陀螺矩阵； \mathbf{K}_s 为系统刚度矩阵； \mathbf{C}_s 为系统阻尼矩阵， ω 为转速频率。将 \mathbf{C}_s 假设为比例阻尼，即 $\mathbf{C}_s = \alpha_0\mathbf{M}_s + \alpha_1\mathbf{K}_s$ ，其中， α_0, α_1 为常数，可由模态试验得到。

(2) 机匣系统微分方程

对于机匣，可以采用三种不同的处理方法：梁单元、锥壳单元或曲面壳单元。目前通用的处理方法是将机匣按梁单元方式处理，相当于按不旋转的轴（梁单元结构）处理，也需考虑剪切效应和转动惯量。

因此，本节将机匣处理为不旋转的梁，与转子模型的处理方法相同，用有限元方法可以得到机匣的运动微分方程，即

$$\mathbf{M}_c\ddot{\mathbf{q}}_c + \mathbf{C}_c\dot{\mathbf{q}}_c + \mathbf{K}_c\mathbf{q}_c = \mathbf{Q}_c \quad (5-26)$$

式中， \mathbf{Q}_c 为机匣系统广义外力向量； \mathbf{M}_c 为机匣系统质量矩阵； \mathbf{K}_c 为机匣系统刚度矩阵； \mathbf{C}_c 为机匣系统阻尼矩阵。同样，将 \mathbf{C}_c 假设为比例阻尼。

(3) 转子-转子间的联轴器连接

对于转子间的联轴器连接 RRC_k ($k=1,2,\dots,N$)，设左转子第 i 个节点与右转子第 j 个节点用联轴器相连，联轴器的径向刚度为 k_{Rr} ，角向刚度为 $k_{R\alpha}$ ，径向阻尼为 c_{Rr} ，角向阻尼为 $c_{R\alpha}$ ，设左转子第 i 个节点的位移为： $x_{RLi}, y_{RLi}, \phi_{RLi}, \psi_{RLi}$ ，速度为： $\dot{x}_{RLi}, \dot{y}_{RLi}, \dot{\phi}_{RLi}, \dot{\psi}_{RLi}$ ；右转子第 j 个节点的位移为 $x_{RRj}, y_{RRj}, \phi_{RRj}, \psi_{RRj}$ ，速度为： $\dot{x}_{RRj}, \dot{y}_{RRj}, \dot{\phi}_{RRj}, \dot{\psi}_{RRj}$ 。则作用在左转子节点 i 上的力和力矩 $F_{Rxi}, F_{Ryi}, M_{Rxi}, M_{Ryi}$ ，以及作用在右转子节点 j 上的力和力矩 $F_{Ryj}, F_{Ryj}, M_{Ryj}, M_{Ryj}$

为:

$$\begin{cases} F_{R_xi} = k_{Rr}(x_{RRj} - x_{RLi}) + c_{Rr}(\dot{x}_{RRj} - \dot{x}_{RLi}) \\ F_{R_yi} = k_{Rr}(y_{RRj} - y_{RLi}) + c_{Rr}(\dot{y}_{RRj} - \dot{y}_{RLi}) \\ M_{R_xi} = k_{R\alpha}(\phi_{RRj} - \phi_{RLi}) + c_{R\alpha}(\dot{\phi}_{RRj} - \dot{\phi}_{RLi}) \\ M_{R_yi} = k_{R\alpha}(\psi_{RRj} - \psi_{RLi}) + c_{R\alpha}(\dot{\psi}_{RRj} - \dot{\psi}_{RLi}) \end{cases} \quad (5-27)$$

$$\begin{cases} F_{R_xj} = -F_{R_xi} \\ F_{R_yj} = -F_{R_yi} \\ M_{R_xj} = -M_{R_xi} \\ M_{R_yj} = -M_{R_yi} \end{cases} \quad (5-28)$$

(4) 转子-基础间弹性支承

对于转子与基础间安装节的弹性支承 RK_k ($k=1,2,\dots,N$), 设转子第 i 个节点与基础用弹性支承相连, 支承的连接刚度为 k_x, k_y 。连接阻尼为 c_x, c_y , 设转子第 i 个节点的位移为: x_i, y_i , 速度为: \dot{x}_i, \dot{y}_i 。则作用在转子节点 i 上的力 F_{xi} 、 F_{yi} 为:

$$\begin{cases} F_{xi} = -k_x x_i - c_x \dot{x}_i \\ F_{yi} = -k_y y_i - c_y \dot{y}_i \end{cases} \quad (5-29)$$

(5) 数值积分求解

最后运用 Newmark- β 法和改进的 Newmark- β 法 (翟方法)^[124] 相结合的数值积分获取系统非线性动力学响应, 流程图见图 5.17。

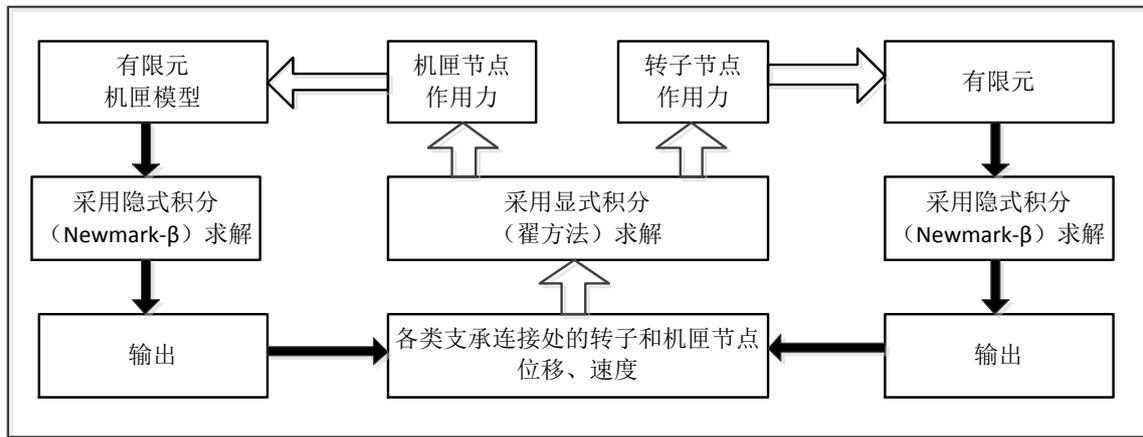


图 5.17 转子-支承-机匣动力学求解流程图

5.3.3 含膜片联轴器的转子试验器动力学模型参数

(1) 短轴

1) 转子模型控制点

转子模型控制点如表 5.9 所示。

表 5.9 短轴转子模型控制点

序号	坐标/mm	外径/mm	内径/mm
1	0.0000	20.0000	0.0000
2	120.0000	21.0000	0.0000
3	302.0000	22.0000	0.0000
4	470.0000	21.0000	0.0000
5	543.0000	20.0000	0.0000

2) 短轴单元信息

短轴单元如表5.10所示。

表 5.10 短轴转子单元信息

序号	弹性模量 (Pa)	泊松比 (mm)	长度 (mm)	密度 (kg/m ³)	外径 (mm)	内径 (mm)	坐标 i (mm)	坐标 j (mm)
1	2.07e+011	0.30	60.00	7800.00	18.00	0.00	0.00	60.00
2	2.07e+011	0.30	60.00	7800.00	18.00	0.00	60.00	120.00
3	2.07e+011	0.30	91.00	7800.00	21.00	0.00	120.00	211.00
4	2.07e+011	0.30	91.00	7800.00	18.00	0.00	211.00	302.00
5	2.07e+011	0.30	84.00	7800.00	22.00	0.00	302.00	386.00
6	2.07e+011	0.30	84.00	7800.00	18.00	0.00	386.00	470.00
7	2.07e+011	0.30	36.50	7800.00	21.00	0.00	470.00	506.50
8	2.07e+011	0.30	36.50	7800.00	18.00	0.00	506.50	543.00

3) 短轴节点信息

短轴节点信息如表 5.11 所示。

表 5.11 短轴节点单元信息

序号	坐标 (mm)	名称	集中质量 (kg)	偏心距 (mm)	赤道惯量 (kg.m ²)	极惯量 (kg.m ²)
1	0.00	法兰盘	0.45	0.01	0.00013	0.00025
2	60.00		0.00	0.00	0.00	0.00
3	120.00	支承 1	0.00	0.00	0.00	0.00
4	211.00		0.00	0.00	0.00	0.00
5	302.00	转盘 1	2.45	0.01	0.00625	0.01250

6	386.00		0.00	0.00	0.00	0.00
7	470.00	支承 2	0.00	0.00	0.00	0.00
8	506.50		0.00	0.00	0.00	0.00
9	543.00		2.54	0.00	0.00135	0.00269

(2) 长轴

1) 转子模型控制点

转子模型控制点如表 5.12 所示。

表 5.12 转子模型控制点

序号	坐标/mm	外径/mm	内径/mm
1	543.0000	20.0000	0.0000
2	658.0000	22.0000	0.0000
3	693.0000	20.0000	0.0000
4	1033.0000	22.0000	0.0000
5	1048.0000	20.0000	0.0000
6	1398.0000	20.0000	0.0000
7	1498.0000	20.0000	0.0000

2) 长轴单元信息

长轴单元信息如表 5.13 所示。

表 5.13 长轴转子单元信息

序号	弹性模量 (Pa)	泊松 比	长度 (mm)	密度 (kg/m ³)	外径 (mm)	内径 (mm)	坐标 i (mm)	坐标 j (mm)
1	2.07e+011	0.30	57.50	7800.00	18.00	0.00	543.00	600.50
2	2.07e+011	0.30	57.50	7800.00	20.00	0.00	600.50	658.00
3	2.07e+011	0.30	17.50	7800.00	21.00	0.00	658.00	675.50
4	2.07e+011	0.30	17.50	7800.00	20.00	0.00	675.50	693.00
5	2.07e+011	0.30	170.00	7800.00	20.00	0.00	693.00	863.00
6	2.07e+011	0.30	170.00	7800.00	20.00	0.00	863.00	1033.00
7	2.07e+011	0.30	7.50	7800.00	22.00	0.00	1033.00	1040.50
8	2.07e+011	0.30	7.50	7800.00	20.00	0.00	1040.50	1048.00
9	2.07e+011	0.30	175.00	7800.00	20.00	0.00	1048.00	1223.00
10	2.07e+011	0.30	175.00	7800.00	20.00	0.00	1223.00	1398.00

11	2.07e+011	0.30	50.00	7800.00	21.00	0.00	1398.00	1448.00
12	2.07e+011	0.30	50.00	7800.00	18.00	0.00	1448.00	1498.00

3) 长轴节点信息

长轴节点信息如表 5.14 所示。

表 5.14 长轴转子节点信息

序号	坐标 (mm)	名称	集中质量 (kg)	偏心距 (mm)	赤道惯量 (kg.m ²)	极惯量 (kg.m ²)
1	543.00		0.00	0.00	0.00	0.00
2	600.50		0.00	0.00	0.00	0.00
3	658.00	支承 3	0.00	0.00	0.00	0.00
4	675.50		0.00	0.00	0.00	0.00
5	693.00		0.00	0.00	0.00	0.00
6	863.00		0.00	0.00	0.00	0.00
7	1033.00	转盘 2	1.194	0.01	0.005	0.009
8	1040.50		0.00	0.00	0.00	0.00
9	1048.00		0.00	0.00	0.00	0.00
10	1223.00		0.00	0.00	0.00	0.00
11	1398.00	支承 4	0.00	0.00	0.00	0.00
12	1448.00		0.00	0.00	0.00	0.00
13	1498.00		0.00	0.00	0.00	0.00

(3) 转子-基础支承

转子-基础支承刚度参数如表 5.15、表 5.16 所示。

表 5.15 转子-基础支承刚度参数

名称	轴向线刚度 (N/m)	轴向线阻尼 (N.s/m)	径向水平线 刚度 (N/m)	径向水平线 阻尼 (N.s/m)	径向垂直线 刚度 (N/m)	径向垂直线 阻尼 (N.s/m)
RK_1	1.00e+007	1000.0000	1.00e+008	1000.0000	1.00e+008	1000.0000
RK_2	1.00e+007	1000.0000	1.00e+008	1000.0000	1.00e+008	1000.0000
RK_3	1.00e+007	1000.0000	1.00e+008	1000.0000	1.00e+008	1000.0000
RK_4	1.00e+006	1000.0000	1.00e+007	1000.0000	1.00e+007	1000.0000

表 5.16 转子-基础支承作用位置

名称	转子模型	支承作用的转子节点
RK_1	短轴	3
RK_2	短轴	7
RK_3	长轴	3
RK_4	长轴	11

(4) 联轴器刚度

联轴器刚度参数如表 5.17 所示。

表 5.17 联轴器刚度参数

名称	轴向刚度 (N/m)	径向刚度 (N/m)	角向刚度 (N/m)
FC_1	1.0e+006	1.0e+006	1.0e+004

5.3.4 含膜片联轴器的转子试验器模态试验

5.3.4.1 锤击法模态试验原理

加快实验进程的有效措施之一是采用宽频带激励，其中，锤击法是最简单的，就是用力锤敲击系统的激振点。只要敲击时锤头与系统的接触时间足够短，则冲击力可接近理想脉冲，具有很宽的频带。

将力锤内力传感器感受的力信号和系统的响应信号进行放大、采样和快速傅里叶变换FFT处理，可获得系统的频响函数。设在结构第 j 点的冲击激励力为 $f_j(t)$ ，第 i 点的冲击响应为 $u_i(t)$ ， $f_j(t)$ 和 $u_i(t)$ 的频谱分别为 $U_i(\omega_k)$ 和 $F_j(\omega_k)$ ， $k=1,2,\dots,N$ 。由此便可获得系统的频响函数 $H_{ij}(\omega)$

$$H_{ij}(\omega_k) = \frac{U_i(\omega_k)}{F_j(\omega_k)}, \quad k=1,2,\dots,N \quad (5-30)$$

5.3.4.2 模态试验设备简介

本节采用锤击法进行模态试验，试验中用到的试验仪器和设备主要包括：力锤、加速度传感器、采集卡，下面对这些仪器进行介绍：

(1) 力锤

本试验采用美国ENDEVCO公司30927型力锤，这种力锤主要由锤头和力传感器构成，如图5.18所示。其主要性能参数如表5.18所示。

表 5.18 30927 型力锤性能参数

测量范围(N)	灵敏度 (mV/N)	力传感器固有频率 (kHz)	最大响应频率 (kHz)

0~5000	22.7	50	10
--------	------	----	----

(2) 加速度传感器

在模态试验中，采用加速度传感器来获取锤击激励下的冲击响应加速度信号。试验中采用的加速度传感器是B&K4508，如图5.19所示，其主要性能参数如表5.19所示。

表 5.19 B&K4508 加速度传感器性能参数

参考灵敏度	频率范围	量程	最大横向灵敏度比	重量	使用温度范围
97.82mV/g	0.1—8kHz (±10%)	714g	≤5%	4.8 克	-54~121℃

(3) 采集卡

本试验采用的数据采集卡是美国国家仪器公司 (NI) 的USB-9234采集卡，如图5.20所示。这种采集卡是基于USB的4通道C系列动态信号采集模块，它的动态范围是102dB，每条输入通道最高采样频率可达51.2kHz。

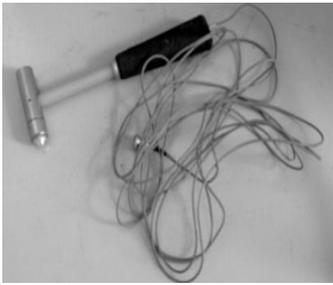


图 5.18 30927 型力锤 图 5.19 B&K4508 加速度传感器 图 5.20 NI USB-9234 采集卡

5.3.4.3 含联轴器的转子试验器的短轴部分支承状态模态试验

对含膜片联轴器的转子试验器短轴部分进行支承状态模态测试，以获得前三阶固有频率及模态振型，与仿真获得的前三阶固有频率及模态振型进行比较，修正仿真初始模型中短轴部分支承的刚度参数。

试验器的短轴支承系统，在短轴一端有一半联轴器，另一端为一法兰盘 P_2 ，轴中间部位有一转盘 P_1 ，短轴为实心刚性轴，短轴通过刚性支架固定，并安装在试验平台上。试验器真实图片如图5.21所示。本试验对试验器进行支承状态下的模态分析，采用了锤击法进行模态试验。锤击法采用了多点激励单点响应的方法，在试验器转轴上均匀选取7个激励点敲击（试验器示意图如图5.22所示）。在第4个激励点左侧布置了加速度传感器，利用这个传感器测量加速度响应信号，然后将加速度信号和力信号同时输入采集器，通过模态分析软件分析得到试验器的模态参数。

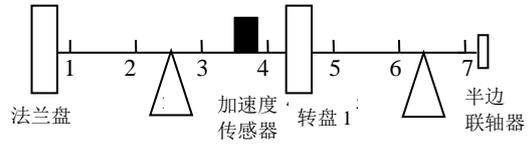
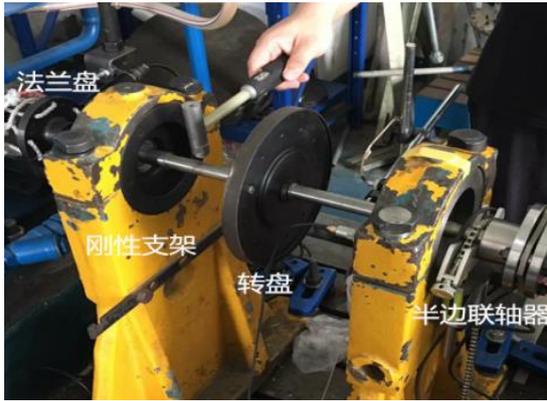


图 5.21 支承状态下的短轴模态试验实物图

图 5.22 支承状态下的短轴模态试验示意图

利用模态分析软件可得到前三阶模态参数，模态振型如图5.23所示。其中第一阶频率为99.27Hz；第二阶频率为189.24Hz；第三阶频率为269.82Hz。

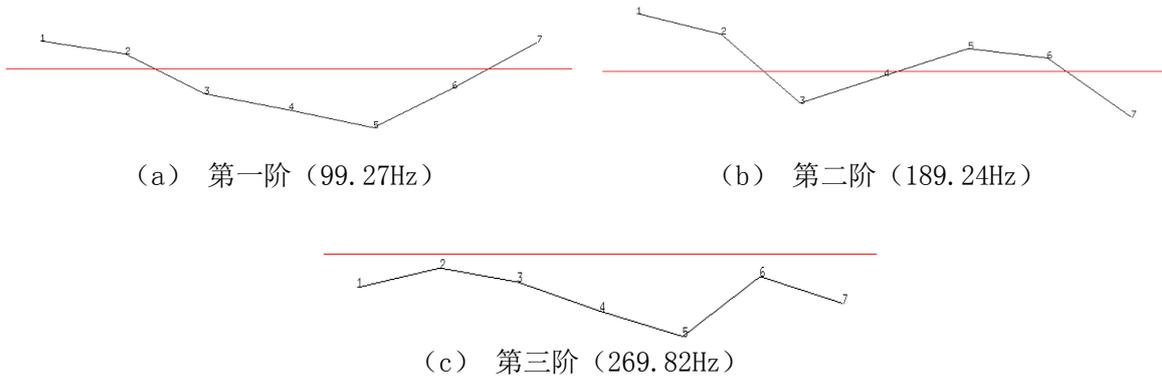


图 5.23 短轴模态试验前三阶模态振型

5.3.4.4 含联轴器的转子试验器的长轴部分支承状态模态试验

对含膜片联轴器的转子试验器长轴部分进行支承状态的模态测试，以获得前四阶固有频率及模态振型，与仿真获得的前四阶固有频率及模态振型进行比较，修正仿真初始模型中长轴部分支承的刚度参数。

研究对象是含联轴器的转子试验器的长轴部分。在此长轴一端有一半边联轴器，轴中间部位有一转盘P3，长轴为实心刚性轴，长轴通过刚性支架固定，并安装在试验平台上。试验器真实图片如图5.24所示。

本试验对试验器进行支承状态下的模态分析，采用了锤击法进行模态试验。锤击法采用了多点激励单点测量的方法，在试验器转轴上均匀选取11个激励点敲击（试验器示意图如图5.25所示）。在第4个激励点右侧布置了加速度传感器，利用这个传感器测量加速度响应信号，然后将加速度信号和力信号同时输入采集器，通过模态分析软件分析得到此试验器的模态参数。



图 5.24 支承状态下的长轴模态试验
实物图

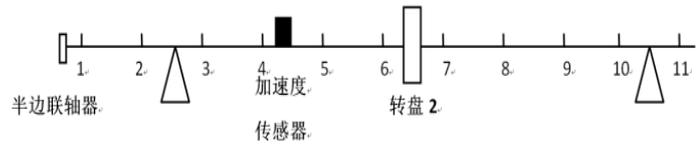


图 5.25 支承状态下的长轴模态试验示意图

利用模态分析软件可得前四阶模态参数，模态振型如图5.26所示。其中第一阶频率为49.38Hz、第二阶频率为167.83Hz、第三阶频率为305.30Hz、第四阶频率为565.82Hz。

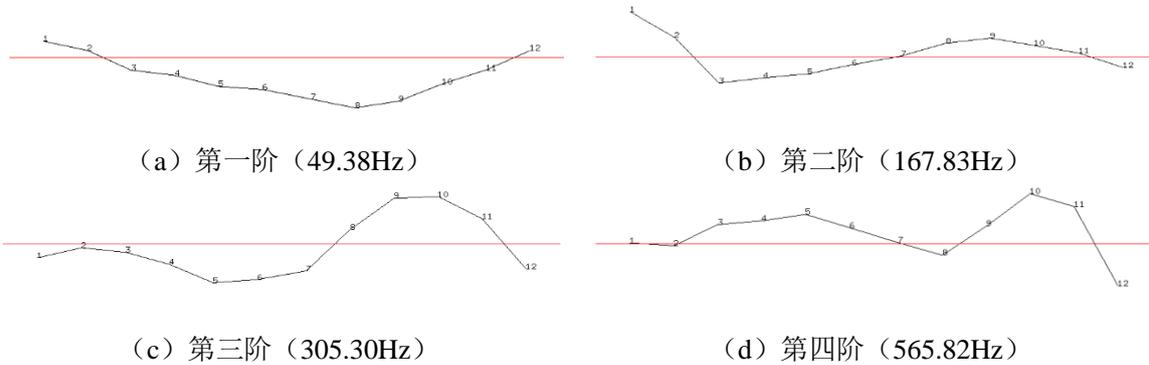


图 5.26 长轴模态试验前四阶模态振型

5.3.4.5 含联轴器的转子试验器的整机模态试验

对含膜片联轴器的转子试验器进行整体状态的模态测试，以获得前四阶固有频率及模态振型。与仿真获得的前四阶固有频率及模态振型进行比较，修正仿真初始模型中膜片联轴器的刚度参数。

本次研究对象是含膜片联轴器的转子试验器。此转子试验器主要分为长轴部分和短轴部分，长轴、短轴均为实心刚性轴，通过一个膜片联轴器连接，短轴另一端有一法兰盘 P_2 ，而长轴、短轴中间部位均有一转盘 P_3 、 P_1 。长轴、短轴均通过刚性支架固定，并安装在试验平台上。试验器真实图片如图5.27所示。

本试验对试验器进行整机状态下的模态分析，采用了锤击法进行模态试验。锤击法采用了多点激励单点测量的方法，在试验器转轴上均匀选取19个激励点敲击（试验器示意图如图5.28所示），其中短轴8个激励点，长轴11个激励点。在第13个激励点左侧布置了加速度传感器，利

用这个传感器测量加速度响应信号，然后将加速度信号和力信号同时输入采集器，通过模态分析软件分析得到此试验器的模态参数。

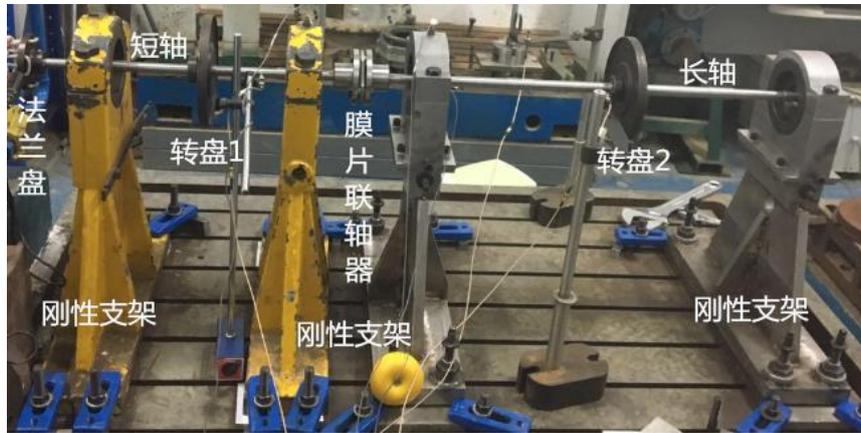


图 5.27 整机状态下的含膜片联轴器的转子试验器模态试验实物图

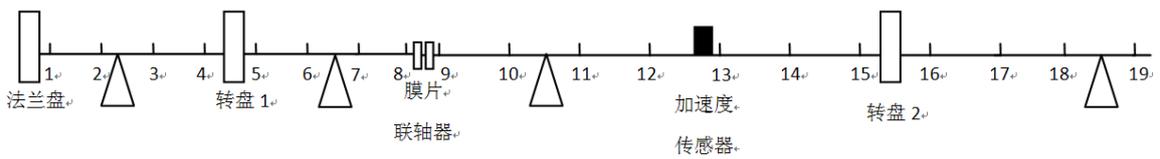


图 5.28 整机状态下的含膜片联轴器的转子试验器模态试验示意图

利用模态分析软件可得到前四阶模态参数，模态振型如图5.29所示。其中第一阶频率为56.48Hz；第二阶频率为112.82Hz；第三阶频率为181.58Hz；第四阶频率为266.27Hz。

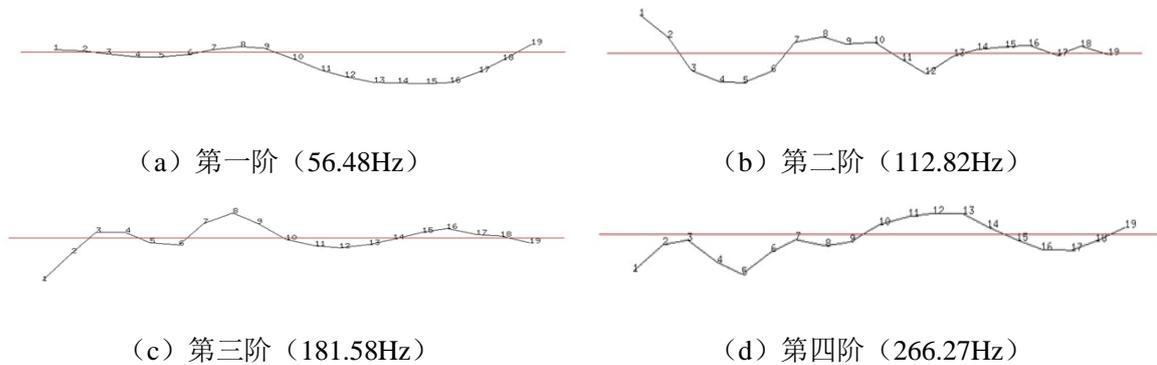


图 5.29 整机模态试验前四阶模态振型

5.3.5 连接刚度对固有频率的影响规律分析及优化刚度的选取

5.3.5.1 基于数值积分的转子-支承系统模态分析

依据所建立的转子-支承耦合系统动力学模型，模拟锤击法试验模态分析技术，利用数值积分法进行转子-支承系统模态仿真分析。其基本原理与锤击法相同，如图5.30所示。图5.31为基于数值积分的转子-支承系统模态分析实例。

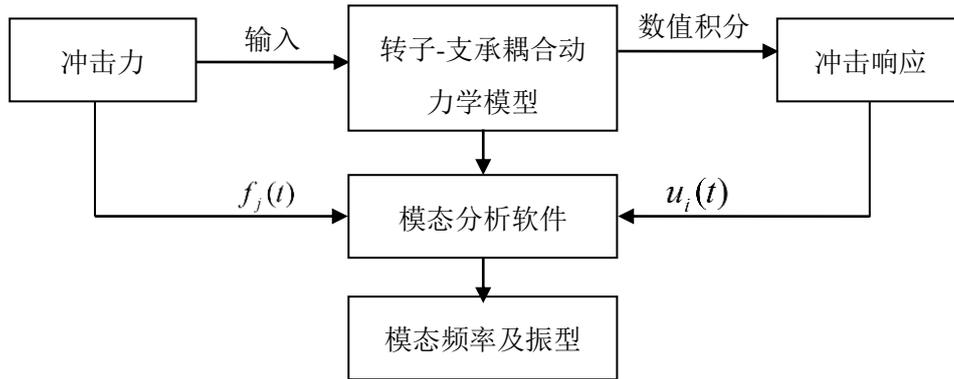
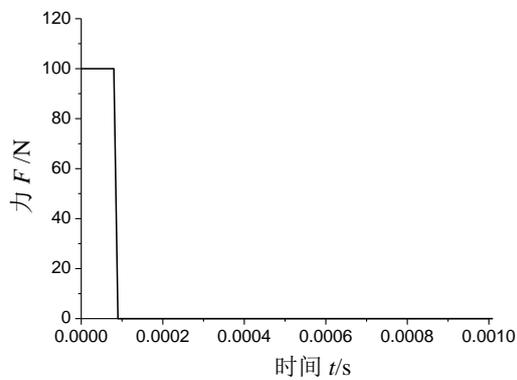
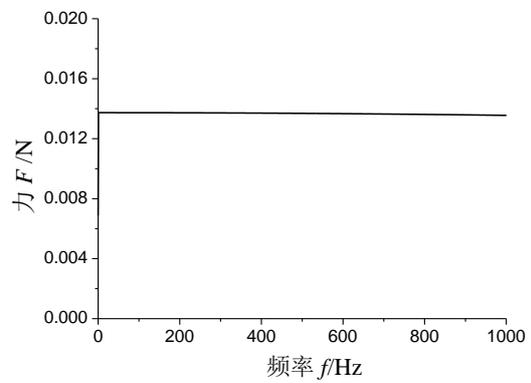


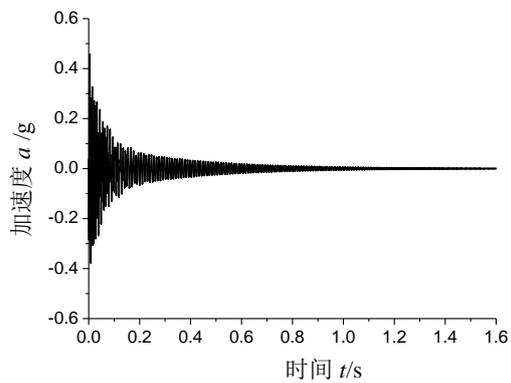
图 5.30 基于数值积分的转子-支承系统模态分析流程图



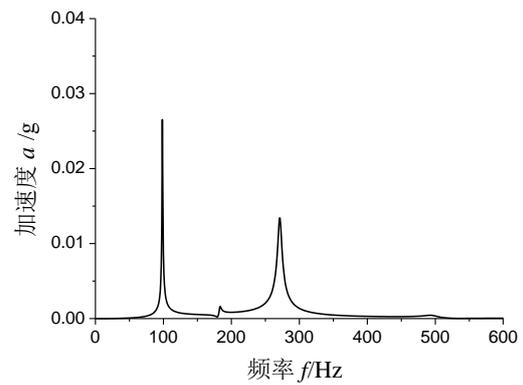
(a) 冲击力时域波形



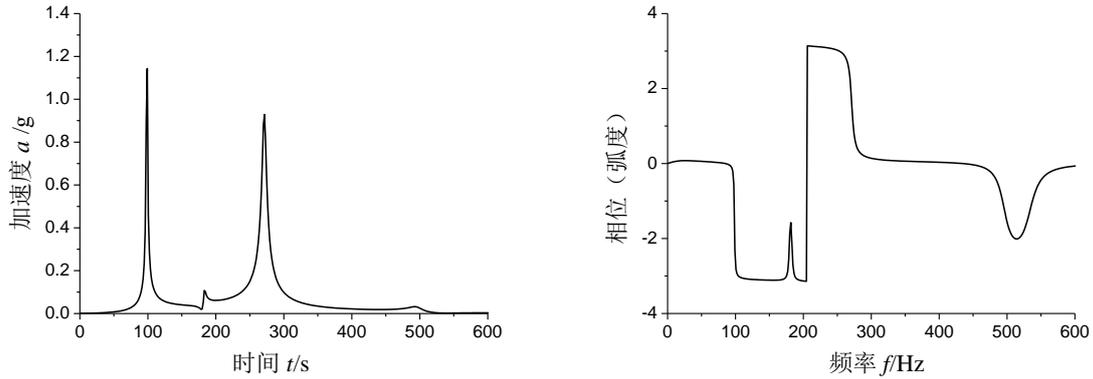
(b) 冲击力频谱



(c) 加速度冲击响应时间波形



(d) 加速度冲击响应频谱



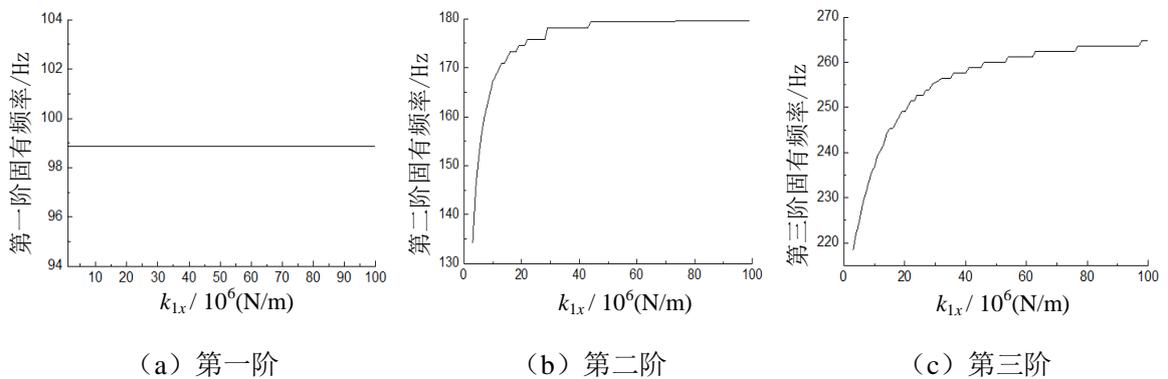
(e) 加速度冲击频率响应函数幅值

(f) 加速度冲击频率响应函数相位

图 5.31 基于数值积分的转子-支承系统模态分析实例

5.3.5.2 短轴支承刚度对固有频率的影响规律分析及优化刚度的选取

转子试验器具有前后两个支承刚度 k_1 和 k_2 ，分别设定 k_{1x} 、 k_{1y} 、 k_{2x} 、 k_{2y} ，初始值为 $1 \times 10^8 \text{N/m}$ ，单独改变其中一个刚度，计算不同刚度条件下试验器的前三阶固有频率，进而分析可得到该刚度对前三阶固有频率的影响规律。由于水平方向和垂直方向支承刚度对称，即 k_{1x} 与 k_{1y} 相等、 k_{2x} 与 k_{2y} 。因此，只需计算前三阶固有频率随刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 变化规律，结果如图5.32和图5.33所示。

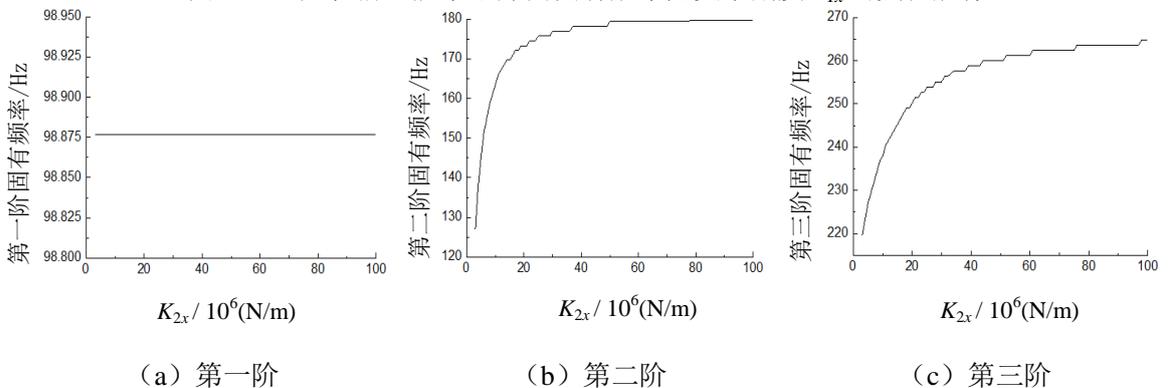


(a) 第一阶

(b) 第二阶

(c) 第三阶

图 5.32 短轴前三阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{1x} 的变化规律



(a) 第一阶

(b) 第二阶

(c) 第三阶

图 5.33 短轴前三阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{2x} 的变化规律

由图5.32和图5.33可知，水平方向第一阶固有频率受刚度系数 k_{1x} 、 k_{2x} 的影响较小，变化并不敏感；而水平方向第二和第三阶固有频率受刚度系数 k_{1x} 、 k_{2x} 的影响较大。因此，将支承刚度 k_{1x} 、 k_{2x} 作为优化参数。

5.3.5.3 长轴支承刚度对固有频率的影响规律分析及优化刚度的选取

转子试验器具有前后两个支承刚度 k_3 和 k_4 ，为了简化问题，考虑水平和垂直方向的刚度相同，分别设定 k_{3x} 、 k_{3y} 为 1×10^8 、 k_{4x} 、 k_{4y} 为 1×10^7 N/m。以水平方向为例，研究刚度对系统固有频率的影响规律。单独改变其中一个刚度，计算不同刚度条件下试验器的前四阶固有频率，即可得到该刚度对前四阶固有频率的影响规律。结果如图5.34和如图5.35所示。

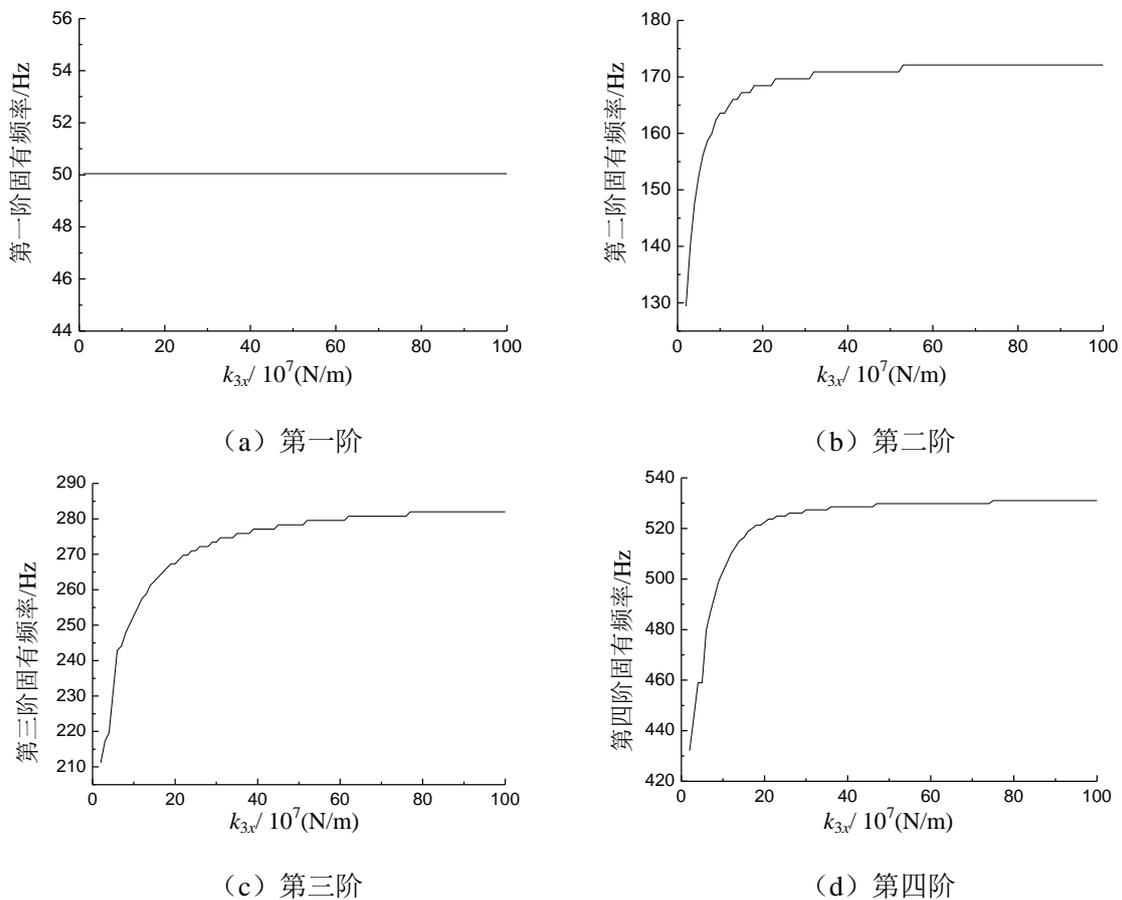
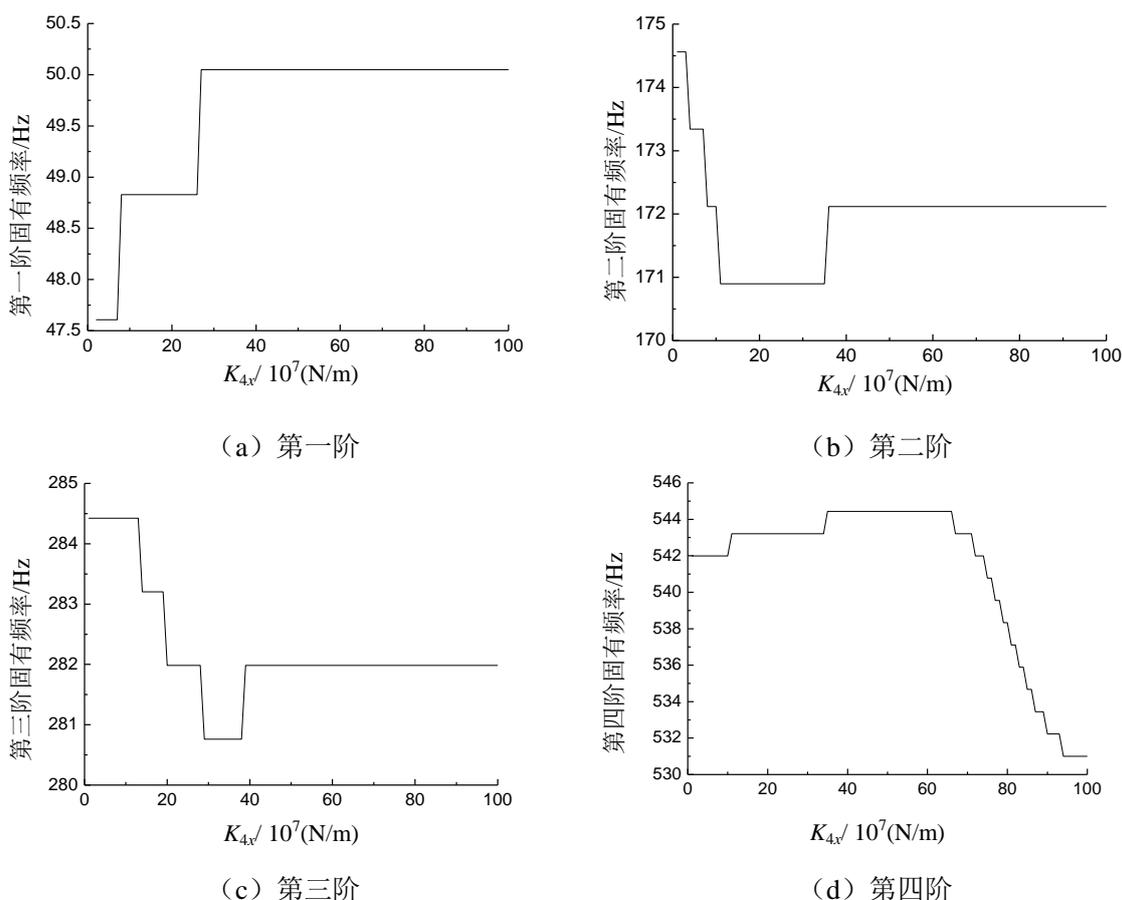


图 5.34 长轴前四阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{3x} 的变化规律

图 5.35 长轴前四阶水平方向固有频率随支承刚度 k_{4x} 的变化规律

由图 5.34 可知, 水平方向第一阶固有频率受 k_{3x} 影响较小, 变化并不敏感。而水平方向第二阶、第三阶和第四阶固有频率受刚度系数 k_{3x} 影响较大。由图 5.35 可知, 水平方向前四阶固有频率受 k_{4x} 影响都较大。由此可见, 支承 3 和支承 4 的刚度对系统固有频率具有很大的影响, 因此, 选择支承 3 和支承 4 的刚度作为优化参数。

5.3.5.4 含膜片联轴器支承刚度对固有频率的影响规律分析及优化刚度的选取

考虑辨识含膜片联轴器的径向刚度 k_H 和角向刚度 k_ω , 分别设定 k_H 为 1×10^6 N、 k_ω 为 1×10^4 N/m。因轴向刚度影响不大, 本节主要分析径向刚度和角向刚度对固有频率的影响规律。单独改变其中一个刚度, 计算不同刚度条件下试验器的前四阶固有频率, 即可得到该刚度对前四阶固有频率的影响规律。结果如图 5.36 和图 5.37 所示。

由图 5.36 和图 5.37 可知, 水平方向前四阶固有频率受径向刚度 k_H 和角向刚度 k_ω 影响都较大。因此, 选择径向刚度和角向刚度为膜片连接刚度的优化参数。

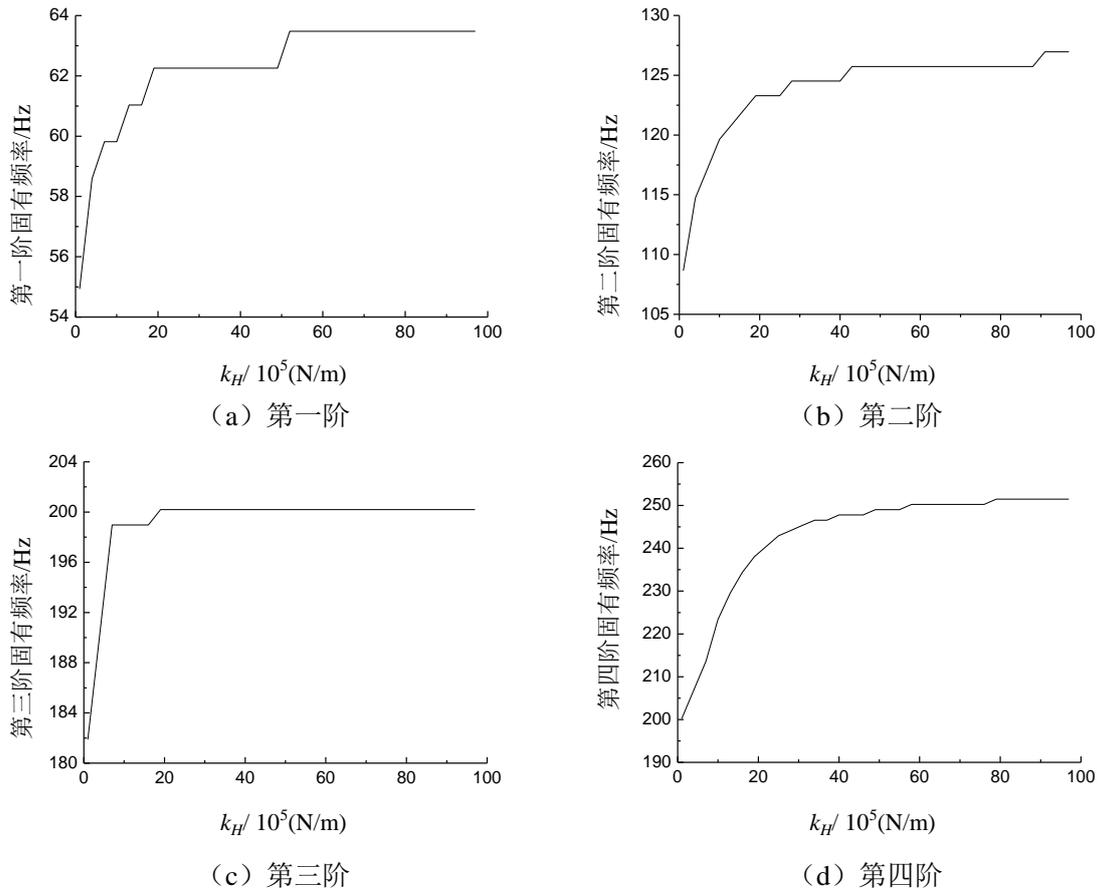
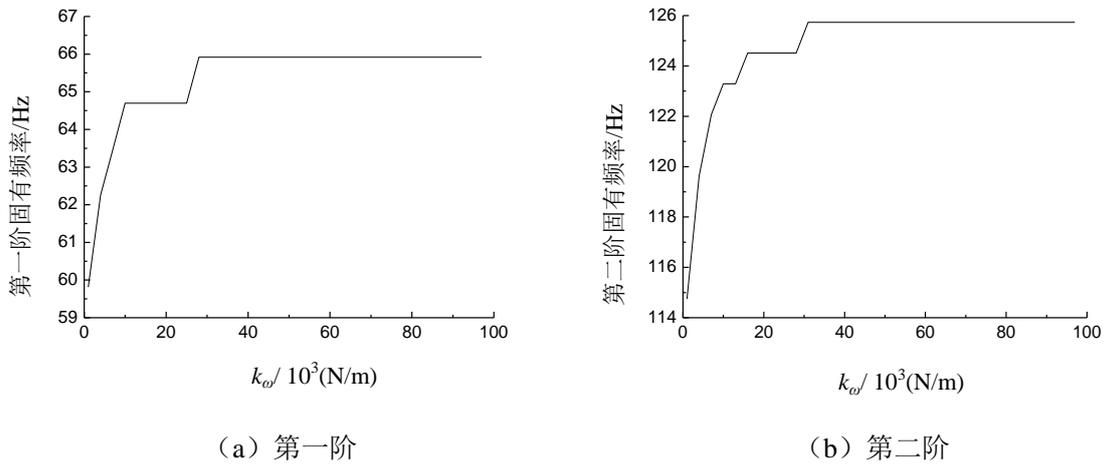


图 5.36 膜片联轴器前四阶固有频率随联轴器径向连接刚度变化规律



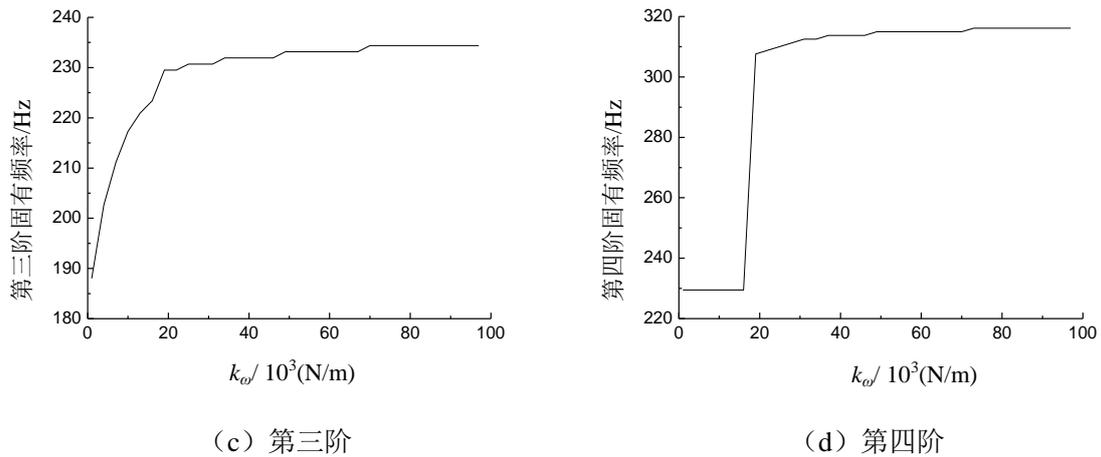


图 5.37 膜片联轴器前四阶固有频率随联轴器角向连接刚度变化规律

5.3.6 APMGA 方法的转子试验器膜片联轴器刚度辨识

根据前面连接支承刚度对固有频率的影响规律分析，得到了需要辨识的支承刚度，即：

- (1) **短轴支承刚度**：辨识两个刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 。
- (2) **长轴支承刚度**：辨识两个刚度 k_{3x} 和 k_{4x} 。
- (3) **含膜片联轴器的连接刚度**：辨识含膜片联轴器的径向刚度 k_H 和角向刚度 k_ω 。

在实际的应用中，要准确给出刚度的取值区间并不容易，很多时候会根据经验给出。然而，当刚度的正确值不一定包含在初始取值区间时，且在算法寻优的过程中，该取值区间一直固定不变，就有可能找不到正确值，可能找到的是局部最优值，这样对模型的修正将达不到预期的效果。

因此，本节采用自适应参数域多群体遗传算法进行刚度辨识；该方法能够降低对刚度初始取值区间的准确定义要求，能够在算法的运行过程中，根据各群体阶段性交流的信息进行动态调整，向更优的方向进化；另外，在实际应用中，由于各种原因，我们并不一定清楚所要研究问题的正确值，而本节方法在这方面也能提供一定的启示和帮助，这时因为当在不同初始取值区间搜索问题的解时，当算法最终都得到相同的优化结果或非常接近的结果，这时我们就可以认为优化过程结束。下面阐述算法的实现过程以及验证算法的性能。

5.3.6.1 算法的总体流程图

本节用于刚度辨识的算法总体流程图如图 5.38 所示。

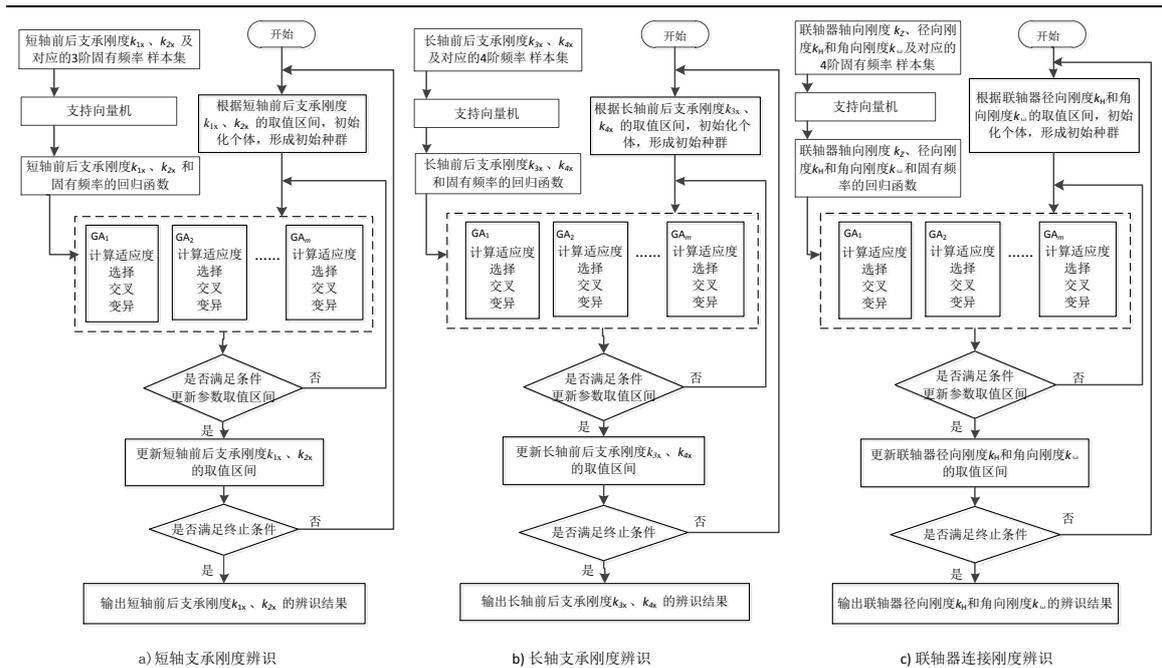


图 5.38 刚度辨识的 APMGA 算法流程图

图 5.38(a)、5.38 (b)和 5.38 (c)分别是短轴前后支承刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 辨识、长轴前后支承刚度 k_{3x} 和 k_{4x} 辨识、含膜片联轴器的连接刚度径向刚度 k_H 和角向刚度 k_ω 辨识的算法流程图。它们的流程基本类似，下面就以短轴前后支承刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 辨识的算法流程为例，对算法的实现过程进行描述如下：

(1) 在短轴的有限元模型中，不断改变前后支承刚度 k_{1x} 、 k_{2x} 的刚度，利用有限元仿真分析得到系统的前三阶固有频率，通过大量计算最后得到短轴前后支承刚度 k_{1x} 、 k_{2x} 与对应的前 3 阶固有频率的样本集，采用支持向量机回归模型对样本集进行训练学习，得到 k_{1x} 、 k_{2x} 和固有频率的回归函数，用于代替有限元模型作为遗传算法的适应度函数，这样就避免了大量的有限元计算；

(2) 给出短轴前后支承刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 的初始取值区间；在取值区间产生随机数，完成各群体的个体初始化，形成初始种群；

(3) 各群体独立执行遗传算法（GA）操作：计算适应度、执行选择算子、交叉算子和变异算子等操作，产生下一代新种群；

(4) 当各群体独立进化到指定代数 d ，就暂停进化并进行信息交流；各群体交流的信息是它们各自当前的最优个体，并根据这些最优个体自适应调整支承刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 的取值区间；

(5) 完成各刚度取值区间调整后，得到它们新的取值区间，这时各群体重新在新的取值区间初始化各刚度，形成新种群；接着各群体继续执行 GA 操作，直至满足终止条件算法结束；

(6) 最后，输出短轴前后支承刚度 k_{1x} 、 k_{2x} 的辨识结果。

5.3.6.2 基于支持向量机构造刚度与固有频率的回归函数

(1) 支持向量回归原理

由于刚度辨识结果的优劣评价依据是刚度辨识结果代入刚度与固有频率的回归函数，得到的固有频率（简称为“仿真频率”）是否等于或接近试验得到的固有频率（简称“试验频率”），优化的目标是两者的误差越小越好。因此，在刚度辨识之前，需要构造刚度与固有频率之间的函数关系。这里主要采用支持向量机（Support Vector Machine, SVM）构造它们两者之间的回归函数。

对于给定的训练样本 $\{(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_i), i=1, 2, \dots, n\}$ ， \mathbf{x}_i 为输入向量， \mathbf{y}_i 为与之对应的期望输出向量。SVM 用一个非线性映射 ϕ 将输入向量映射到一个高维特征空间，并进行线性回归，其回归函数为：

$$f(\mathbf{x}) = \mathbf{w} \times \phi(\mathbf{x}) + b \quad (5-31)$$

式中： \mathbf{w} ， b 是模型参数； $\mathbf{w} \times \phi(\mathbf{x})$ 为 \mathbf{w} 与 $\phi(\mathbf{x})$ 的内积。

对优化目标函数求极值

$$\begin{cases} \min \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^n (\xi_i + \xi_i^*) \\ s.t. \begin{cases} y_i - f(\mathbf{x}_i) \leq \varepsilon + \xi_i \\ f(\mathbf{x}_i) - y_i \leq \varepsilon + \xi_i^* (i=1, 2, \dots, n) \\ \xi_i, \xi_i^* \geq 0 \end{cases} \end{cases} \quad (5-32)$$

式中： C 称为惩罚因子，用于对结构风险和经验风险进行折中，一般由应用问题决定， C 值小时对误分类的惩罚减小， C 值大时对误分类的惩罚增大； ξ_i ， ξ_i^* 为松弛变量， ε 为不敏感函数可以确保对偶变量的稀疏性，同时确保全局最小解的存在和可靠泛化界的优化。求解 \mathbf{w} ， b 。

引入拉格朗日函数，式（5-32）可以转化为求解拉格朗日算子 α_i ， α_i^* 的对偶形式。类似于分类问题，用核函数 $K(\mathbf{x}_i \cdot \mathbf{x}_j)$ 来替代内积运算，实现由低维空间到高维空间的映射，从而使低维空间的非线性问题转化为高维空间的线性问题。引入核函数后，优化目标函数式变为如下形式：

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n y_i (\alpha_i - \alpha_i^*) - \varepsilon \sum_{i=1}^n (\alpha_i + \alpha_i^*) - \\ \frac{1}{2} \sum_{i=1, j=1}^n (\alpha_i - \alpha_i^*) (\alpha_j - \alpha_j^*) K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \\ s.t. \sum_{i=1}^n (\alpha_i - \alpha_i^*) = 0, \alpha_i, \alpha_i^* \in [0, C] \end{cases} \quad (5-33)$$

相应的预测函数式变为

$$f(\alpha, \alpha^*, \mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n (\alpha_i - \alpha_i^*) K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i) + b \quad (5-34)$$

直接利用式 (5-34) 建立支持向量机的回归模型。在基于支持向量机的刚度和固有频率的回归函数构造中, 选用 *RBF* 核函数, 即:

$$K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \exp\{\gamma \|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|^2\} \quad (5-35)$$

其中, γ 为核函数参数。用核函数 $K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j)$ 来替代内积运算, 可以实现由低维空间到高维空间的映射, 从而使低维空间的非线性问题转化为高维空间的线性问题。

最后, 将刚度和固有频率作为样本集, 刚度作为输入向量, 固有频率作为期望的输出。

(2) 支持向量回归分析结果

本节采用 *LIBSVM* 软件包进行支持向量回归 *SVR* 分析, 支持向量机的模型参数由网格搜索法得到。

1) 短轴支承刚度与固有频率的回归分析

通过短轴转子-支承系统的有限元模型仿真计算分别得到第 i 阶 ($i=1,2,3$) 固有频率 (f_{ni}) 与支承刚度 (k_{1x} 和 k_{2x}) 的训练样本集。由于根据 5.3.5.2 节的分析结果得到水平第一阶固有频率受刚度参数 k_{1x} 、 k_{2x} 的影响较小, 变化并不敏感; 而水平方向第 2 阶和第 3 阶的固有频率受刚度参数 k_{1x} 、 k_{2x} 的影响较大; 因此, 下面只对第 2 阶固有频率与支承刚度 (k_{1x} 和 k_{2x})、第 3 阶固有频率与支承刚度 (k_{1x} 和 k_{2x}), 这两个样本集进行训练, 采用支持向量机 (*SVM*) 对样本集进行学习, 训练得到回归模型, 其中, 支持向量机模型的参数采用网格搜索法优化得到, 结果如表 5.20 所示。

下面根据得到的支持向量机回归模型, 分别对支承刚度 k_{1x} 与第 2 阶固有频率 (f_{n2})、支承刚度 k_{2x} 与第 2 阶固有频率 (f_{n2})、支承刚度 k_{1x} 与第 3 阶固有频率 (f_{n3})、支承刚度 k_{2x} 与第 3 阶固有频率 (f_{n3}) 的数据进行支持向量回归模型测试, 验证支持向量机回归模型是否准确模拟了支承刚度和固有频率的关系, 结果如图 5.39 所示。从图中可以得到支持向量回归模型能够比较准确模拟了支承刚度和固有频率的关系。

表 5.20 优化得到的支持向量模型参数及均方误差 (短轴)

样本集	样本数	核函数参数 γ	惩罚因子 C	损失函数 ϵ	均方误差 (%)
Sample1 (k_{1x} 、 k_{2x} 与 f_{n2})	225	0.0009765625	256	0.01	0.17
Sample2 (k_{1x} 、 k_{2x} 与 f_{n3})	225	0.0009765625	1024	0.01	0.05

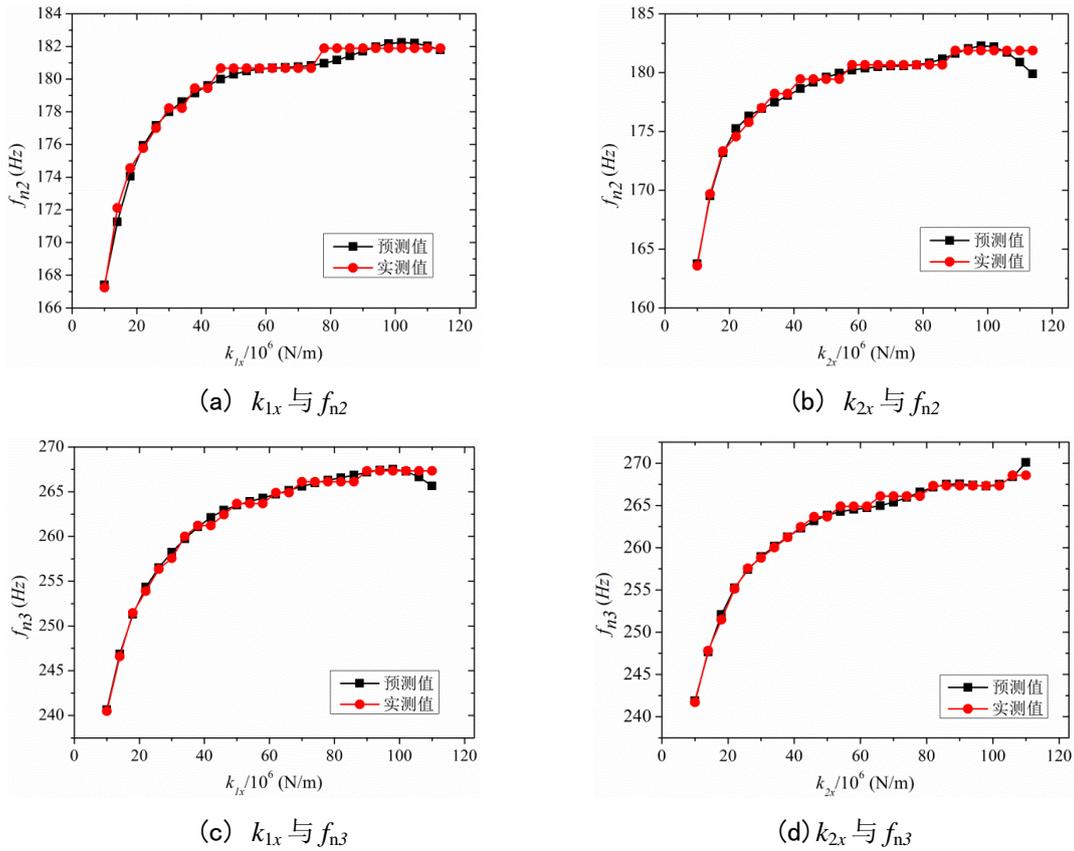


图 5.39 短轴支持向量机回归模型测试结果

2) 长轴支承刚度与固有频率的回归分析

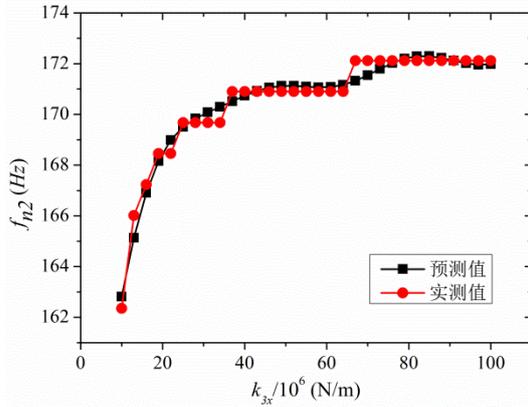
通过长轴转子-支承系统的有限元模型仿真计算得到第*i*阶固有频率 (f_{ni}) 与支承刚度 (k_{3x} 和 k_{4x}) 的训练样本集 ($i=1, 2, 3, 4$)。对四个样本集进行训练, 采用支持向量机 (SVM) 对样本集进行学习, 训练得到回归模型, 其中, 支持向量机模型的参数采用网格搜索法优化得到, 如表5.21所示。

根据前面5.3.5.3节分析得到支承刚度 k_{3x} 对第1阶固有频率 (f_{n1}) 不敏感, 因此, 下面根据得到的支持向量机回归模型, 分别对支承刚度 k_{3x} 与第2阶固有频率 (f_{n2})、支承刚度 k_{3x} 与第3阶固有频率 (f_{n3})、支承刚度 k_{3x} 与第4阶固有频率 (f_{n4})、支承刚度 k_{4x} 与第1阶固有频率 (f_{n1})、支承刚度 k_{4x} 与第2阶固有频率 (f_{n2})、支承刚度 k_{4x} 与第3阶固有频率 (f_{n3})、支承刚度 k_{4x} 与第4阶固有频率 (f_{n4}) 的数据进行支持向量回归模型测试, 验证支持向量机回归模型是否准确模拟了支承刚度和固有频率的关系, 结果如图5.40所示。从图中可以得到支持向量回归模型总体上能够比较准确模拟了支承刚度和固有频率的关系。

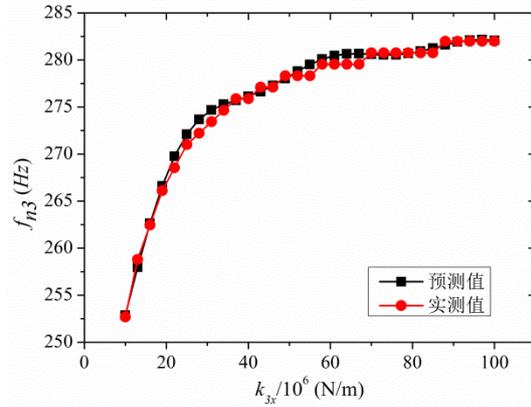
表 5.21 优化得到的支持向量模型参数及均方误差 (长轴)

样本集	样本数	核函数参数 γ	惩罚因子 C	损失函数 ϵ	均方误差 (%)
Sample1 (k_{3x} 、 k_{4x} 与 f_{n1})	109	0.0009765625	0.00390625	0.1	8.13

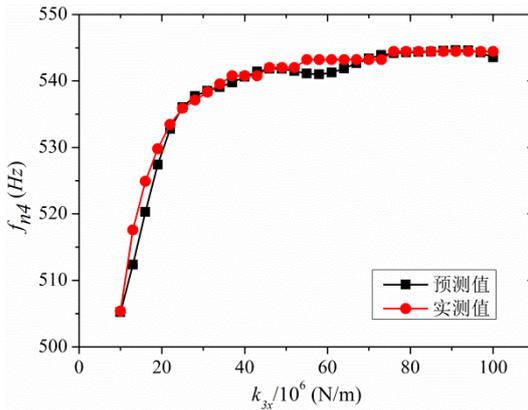
Sample2 (k_{3x} 、 k_{4x} 与 f_{n2})	127	0.00390625	16	0.1	1.65
Sample3 (k_{3x} 、 k_{4x} 与 f_{n3})	122	0.0009765625	256	0.01	3.84
Sample4 (k_{3x} 、 k_{4x} 与 f_{n4})	126	0.00390625	4	0.01	0.22



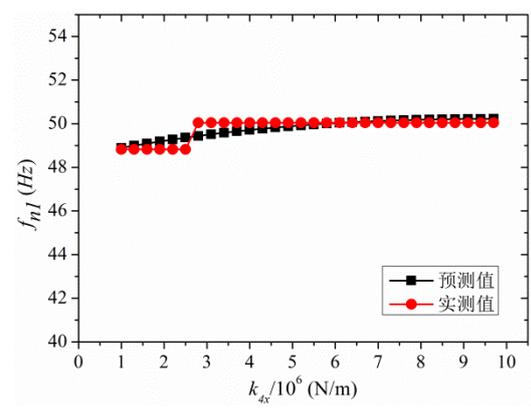
(a) k_{3x} 与 f_{n2}



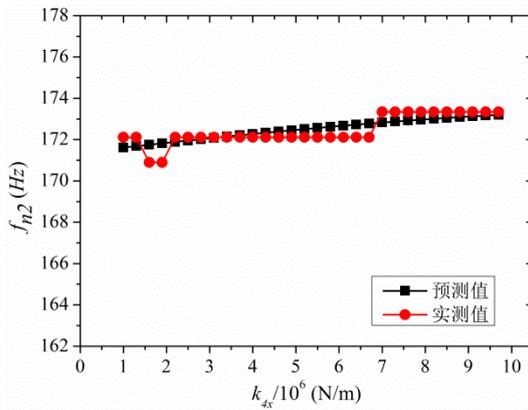
(b) k_{3x} 与 f_{n3}



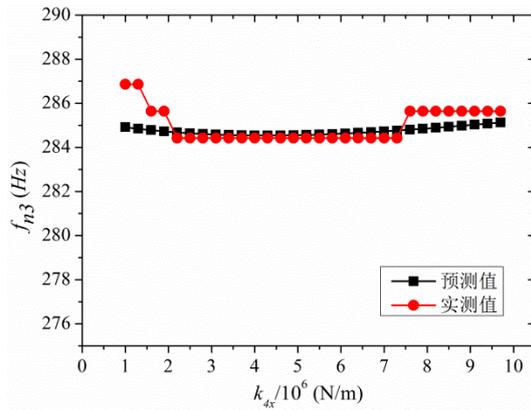
(c) k_{3x} 与 f_{n4}



(d) k_{4x} 与 f_{n1}



(e) k_{4x} 与 f_{n2}



(f) k_{4x} 与 f_{n3}

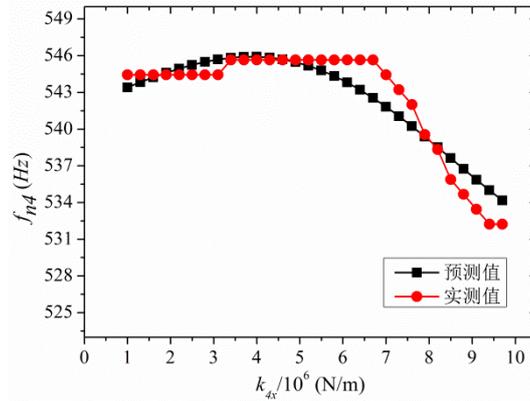

 (g) k_{4x} 与 f_{n4}

图 5.40 长轴的支持向量机回归模型测试结果

3) 含膜片联轴器刚度与固有频率的回归分析

通过转子-支承-膜片联轴器系统的有限元模型仿真计算得到第 i 阶固有频率 (f_{ni}) 与联轴器刚度 (径向刚度 k_H 和角向刚度 k_ω) 的训练样本集, ($i=1, 2, 3, 4$)。对四个样本集进行训练, 采用支持向量机 (SVM) 对样本集进行学习, 训练得到回归模型, 其中, 支持向量机模型的参数采用网格搜索法优化得到, 如表5.22所示。

下面根据得到的支持向量机回归模型, 分别对径向刚度 k_H 与第1阶固有频率 (f_{n1})、径向刚度 k_H 与第2阶固有频率 (f_{n2})、径向刚度 k_H 与第3阶固有频率 (f_{n3})、径向刚度 k_H 与第4阶固有频率 (f_{n4})、角向刚度 k_ω 与第1阶固有频率 (f_{n1})、角向刚度 k_ω 与第2阶固有频率 (f_{n2})、角向刚度 k_ω 与第3阶固有频率 (f_{n3})、角向刚度 k_ω 与第4阶固有频率 (f_{n4}) 的数据进行支持向量回归预测, 结果如图5.41所示, 从图中可以得到支持向量回归模型能够比较准确模拟了支承刚度和固有频率的关系。

表 5.22 优化得到的支持向量模型参数及均方误差 (联轴器)

样本集	样本数	核函数参数 γ	惩罚因子 C	损失函数 ε	均方误差 (%)
Sample1 (k_H, k_ω 与 f_{n1})	82	64	256	0.01	0.09
Sample2 (k_H, k_ω 与 f_{n2})	84	256	4	0.01	0.02
Sample3 (k_H, k_ω 与 f_{n3})	82	256	4	0.01	0.01
Sample4 (k_H, k_ω 与 f_{n4})	82	256	16	0.01	0.00

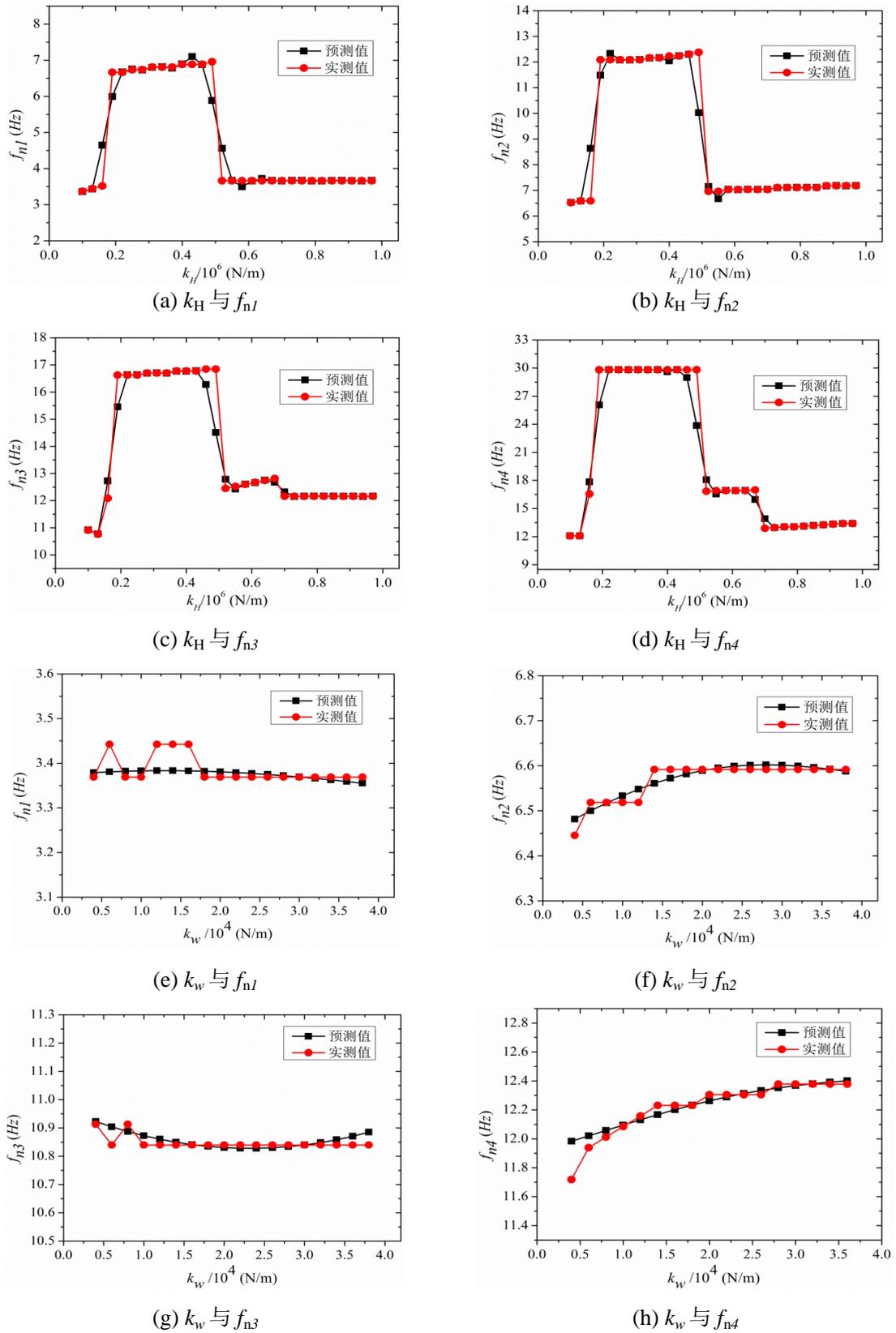


图 5.41 联轴器的支持向量机回归模型测试结果

5.3.6.3 转子系统连接刚度辨识的遗传算法实现技术

(1) 编码及适应度函数设计

采用实数编码方式。实数编码方式中，染色体（也称个体）的每一位基因就对应所要求解的问题的一个变量，因此，每个个体的基因数等于所求解的问题其定义的变量数。

由于短轴支承刚度有2个需要辨识，因此每个个体的基因数为2；同样地，长轴和含膜片联轴器分别也有2个支承刚度需要辨识，每个个体的基因数也为2。遗传算法在实施进化前需要进行种群初始化。种群是由个体组成，针对转子系统连接刚度辨识问题，每个个体是由需要辨识的刚度组成，每个个体就代表一个解。

由于适应度函数值是评价个体优劣的依据，因此，必须根据求解问题的优化目标设计适应度函数。下面介绍适应度函数的设计。

前面已根据刚度值组合与其对应的固有频率的样本集，采用支持向量机，获取了支承刚度值组合到各阶固有频率的函数关系。假设对于任意一组支承刚度值组合 X_i ($i=1,2,\dots,N$)，其对应的各阶固有频率称为实验频率，表示为 f_j ($j=1,2,\dots,K$)，其中， $X_i = (k_1, k_2, \dots, k_m)$ ， k_r ($1 \leq r \leq m$) 为支承刚度值， m 为需要优化的支承刚度个数， N 为刚度值组合样本数， K 为阶数；而优化得到的各阶模态频率称为优化频率，分别表示为 \hat{f}_j ($j=1,2,\dots,K$)。因此，对于 N 组刚度值组合，各阶的优化频率与实验频率的总误差为

$$Error = \sum_{i=1}^N \left(\sum_{j=1}^K |\hat{f}_j(X_i) - f_j(X_i)| \right) \quad (5-36)$$

由于遗传算法对个体的评价是适应度越高，个体的生存能力越强，因此，对式 (5-36) 进行调整得到适应度函数，定义如下：

$$fitness = \frac{1}{\sqrt{\frac{1}{N * (N-1)} * Error}} \quad (5-37)$$

也就是误差越小，对应的适应度就越高，反之亦然。

(2) 遗传算子

选择算子：由于求解最小化问题，采用锦标赛选择算子。

交叉算子：采用固定的交叉概率 p_c ，并采用随机单点交叉。

变异算子：采用差分变异和均匀变异相结合。差分变异提供机会给刚度向取值区间外进行不断探索，有利于解决当刚度的正确值或全局最优值不在初始取值区间时产生的找不到的问题。均匀变异则是指刚度在取值区间内产生一个随机数来取代原来的值。

(3) 自适应调整刚度取值区间的方法

刚度取值区间的调整主要依据各个群体当前的最优个体进行。假设有 m 个群体独立执行遗

传算法操作，当各群体各自迭代 d 代后，它们找到的最优个体分别为 b_1, b_2, \dots, b_m ，其中 $b_i = (k_1^i, k_2^i, \dots, k_m^i)$ ， $1 \leq i \leq m$ ，其中，参数 k_r^i 表示第 i 个群体最优个体的第 r 个刚度 k_r 。如果 $k_r^1, k_r^2, \dots, k_r^m$ 都比较接近，我们就可以认为刚度 k_r 的正确值就在附近的概率高，这时可以适当收窄刚度 k_r 的取值区间；反之，如果 $k_r^1, k_r^2, \dots, k_r^m$ 的值比较分散，就应该适当扩大刚度 k_r 的取值区间，甚至跳出原来的取值区间，向更大的区域去搜索。由于方差可以用来衡量随机变量与均值的散布度，因此，采用方差来判断不同群体的同一刚度值是集中或分散，从而实现刚度取值区间的调整。另外，在求解第 j ($1 \leq j \leq r$) 个刚度的均值是采用加权平均，这是因为当前最好个体 b_1, b_2, \dots, b_m 的适应度不一定都相同，具有更高适应度的最优个体 b_i ，组成 b_j 的各刚度 k_r^i 所占权重应该更大，因此，在求解刚度 k_r^j 的均值并不是直接求平均，而是采用加权平均。

下面以第 r 个刚度 k_r 为例，阐述自适应调整刚度取值区间的具体实现步骤：

1) 当前各群体最优个体 b_1, b_2, \dots, b_m 的适应度分别为 f_1, f_2, \dots, f_m ，其中， $b_i = (k_1^i, k_2^i, \dots, k_m^i)$ ， $1 \leq i \leq m$ ；

2) 计算最优个体适应值的权重

$$weight_i = \frac{f_i}{\sum_{i=1}^m f_i} \quad (5-38)$$

3) 计算每个刚度的加权平均

$$\bar{k}_r = \sum_{i=1}^m weight_i * k_r^i \quad (5-39)$$

4) 计算每个刚度的散布程度，并用 $weight_i$ 修正各刚度值与均值的距离。

$$var(k_r) = \sum_{i=1}^m weight_i * (k_r^i - \bar{k}_r)^2 \quad (5-40)$$

5) 计算刚度 k_r 的新取值区间

$$\begin{aligned} currLower(k_r) &= \bar{k}_r - CL * \sqrt{var(k_r)} \\ currUpper(k_r) &= \bar{k}_r + CL * \sqrt{var(k_r)} \end{aligned} \quad (5-41)$$

其中， CL 为调整尺度，本节 $CL=1.96$ 。

6) 为了进一步加强更新后的刚度取值区间的可靠性，新的刚度取值区间将综合考虑初始取值区间、至今找到的最优个体的取值区间，以及各群体迭代 d 代调整后的取值区间。

假设刚度 k_r 的初始取值区间为 $(initLower(k_r), initUpper(k_r))$ ，至今找到的最优个体的取值区间为 $(gLower(k_r), gUpper(k_r))$ ，各群体迭代 d 代调整后的取值区间为 $(currLower(k_r), currUpper(k_r))$ ，则调整后的刚度 k_r 的取值区间 $(lower(k_r), upper(k_r))$ 为

$$\begin{aligned} lower(k_r) &= 0.3 * initLower(k_r) + 0.3 * gLower(k_r) + 0.4 * currLower(k_r) \\ upper(k_r) &= 0.3 * initUpper(k_r) + 0.3 * gUpper(k_r) + 0.4 * currUpper(k_r) \end{aligned} \quad (5-42)$$

至此，各刚度新的取值区间就得到了。各群体重新用调整后的刚度取值区间初始化个体，形成新种群，继续执行GA操作。

5.3.7 转子连接刚度识别结果及分析

5.3.7.1 参数设置

根据前面分析，需要辨识的刚度包括：短轴的前后支承刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 、长轴的前后支承刚度 k_{3x} 和 k_{4x} ，以及辨识含膜片联轴器连接刚度的径向刚度 k_H 和角向刚度 k_ω 。为了验证本节算法的刚度辨识效果和对刚度取值区间的自适应性，下面将刚度的初始取值区间定义为不同情况。接下来将在不同的初始取值区间对算法进行测试，将得到的刚度辨识结果，通过仿真实验得到对应的频率和振型，并与原有的实验频率和振型进行对比。

本节算法的参数设定如下：种群规模 $popsize=100$ ，算法最大迭代次数是 200 代，锦标赛选择算子，单点交叉算子，交叉概率为 0.7，变异概率为 0.05。

由于自适应参数域多群体遗传算法是以基本遗传算法（SGA）为基础，采用均匀变异和差分变异相结合的变异算子，同时采用多群体且每个群体独立执行遗传算法搜索问题的解，定期交流分享信息，实现参数取值区间的自适应调整。因此，自适应参数域多群体遗传算法与简单遗传算法进行比较。为了保证比较的有效性，这两种算法的参数设置相同。

5.3.7.2 短轴支承刚度辨识结果及分析

短轴的前后支承刚度 k_{1x} 和 k_{2x} 的初始取值区间如表 5.23 所示。

表 5.23 短轴支承刚度的 3 种初始取值区间

刚度 ($\times 10^6 \text{N/m}$)	区间 1	区间 2	区间 3
k_{1x}	(1,10)	(10,100)	(100,1000)
k_{2x}	(1,10)	(10,100)	(100,1000)

(1) 短轴支承刚度辨识结果

表 5.24 是短轴支承刚度在 3 种不同的初始取值区间下，简单遗传算法和自适应参数域多群体遗传算法的辨识结果。

表 5.24 两种算法的短轴支承刚度辨识结果

方法	初始取值 区间	刚度(N/m)			
		k_{1x}	k_{1y}	k_{2x}	k_{2y}
自适应参数域多群体 遗传算法	区间 1	5.737E+08	5.737E+08	4.131E+08	4.131E+08
	区间 2	5.735E+08	5.735E+08	4.138E+08	4.138E+08
	区间 3	5.735E+08	5.735E+08	4.137E+08	4.137E+08
简单遗传算法	区间 1	1.596E+06	1.596E+06	1.379E+06	1.379E+06
	区间 2	9.295E+07	9.295E+07	8.422E+07	8.422E+07
	区间 3	5.742E+08	5.742E+08	4.114E+08	4.114E+08

(2) 短轴各阶仿真频率与实验频率对比

根据表 5.24 的刚度辨识结果，通过仿真试验得到其对应的各阶频率，如表 5.25 所示。

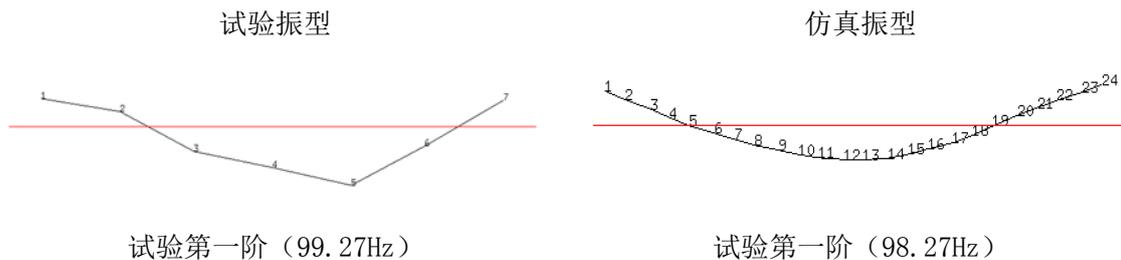
表 5.25 两种算法的短轴各阶仿真频率与实验频率的对比

方法	初始取值	各阶频率 (Hz)		
	区间	1 阶	2 阶	3 阶
试验值		99.27	189.24	269.82
自适应参数域多群体遗传算法	区间 1	98.27	181.52	269.82
	区间 2	98.27	181.52	269.82
	区间 3	98.27	181.52	269.82
简单遗传算法	区间 1	98.27	162.16	219.59
	区间 2	98.27	179.12	263.01
	区间 3	98.27	181.52	269.82

从表 5.24 和表 5.25 可以看出，自适应参数域多群体遗传算法在 3 个区间最终找到的刚度基本相同，经过仿真得到的各阶频率是相同的；虽然 3 个区间不相同，但由于算法在寻优的过程中能够动态调整取值区间，向着更优的方向进化；而简单遗传算法由于在进化过程中取值区间一直固定不变，因此，3 个不同区间找到的结果不相同。同时，上面的结果也给我们带来启示：当所研究的问题不知道其正确解或最优解，或者没办法决定某个解是不是正确解或最优解，这时，自适应参数域多群体遗传算法可以提供途径，让算法在不同的初始取值区间进行搜索问题的解，如果找到的解都相同或非常相近，我们就可以认为找到的解是正确解或最优解具有较高的概率，更可靠。另外，第一阶与第二阶的频率与试验频率存在误差，这可能是由于采用支持向量机构造刚度与频率的模型时，由于问题的复杂性，所得到的仿真模型是尽可能逼近真实，但仍然存在误差；而这个仿真模型又应用于算法的适应度函数，这给刚度辨识的优化结果带来一定的影响。

(3) 短轴各阶试验振型与仿真振型的比较

根据表 5.25 可知，自适应参数域多群体遗传算法与简单遗传算法在区间 3 的刚度辨识结果得到的频率是相同的，因此，采用初始取值区间为区间 3 的辨识结果进行仿真得到对应的振型（简称为“仿真振型”），并与实验振型进行对比，结果如图 5.42 所示。



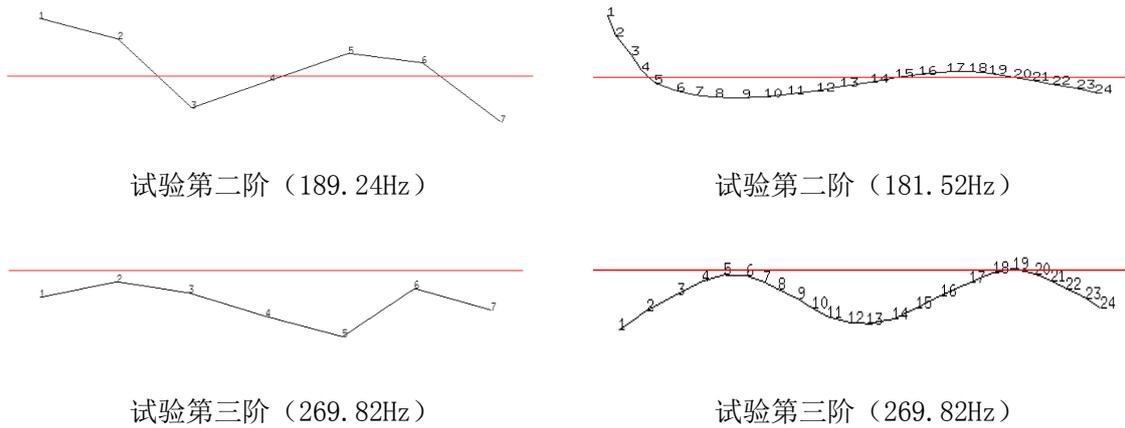


图 5.42 短轴前三阶模态振型对比

5.3.7.3 长轴支承刚度辨识结果及分析

长轴的前后支承刚度 k_{3x} 和 k_{4x} 的初始取值区间如表 5.26 所示

表 5.26 长轴支承刚度的 3 种初始取值区间

刚度 ($\times 10^6 \text{N/m}$)	区间 1	区间 2	区间 3
k_{3x}	(0.1,10)	(10,100)	(300,3000)
k_{4x}	(0.1,10)	(0.1,10)	(0.1,10)

(1) 长轴支承刚度辨识结果

表 5.27 是长轴支承刚度在 3 种不同的初始取值区间下，简单遗传算法和自适应参数域多群体遗传算法的辨识结果。

表 5.27 两种算法的长轴支承刚度辨识结果

方法	初始取值 区间	刚度(N/m)			
		k_{3x}	k_{3y}	k_{4x}	k_{4y}
自适应参数域多群体 遗传算法	区间 1	3.612E+08	3.612E+08	1.127E+05	1.127E+05
	区间 2	3.618E+08	3.618E+08	1.179E+05	1.179E+05
	区间 3	3.616E+08	3.616E+08	1.199E+05	1.199E+05
简单遗传算法	区间 1	7.550E+05	7.550E+05	5.171E+05	5.171E+05
	区间 2	7.535E+07	7.535E+07	9.405E+05	9.405E+05
	区间 3	3.619E+08	3.619E+08	9.421E+05	9.421E+05

(2) 长轴各阶仿真频率与实验频率对比

根据表 5.27 的刚度辨识结果，通过仿真试验得到其对应的各阶频率，如表 5.28 所示。

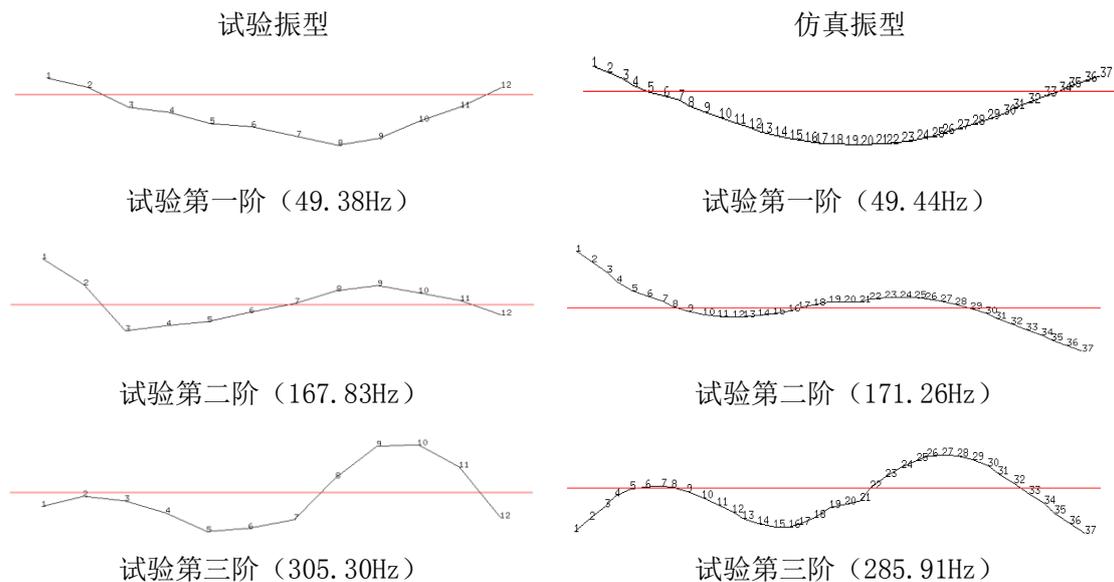
表 5.28 两种算法的长轴各阶仿真频率与实验频率的对比

方法	初始取值区间	各阶频率 (Hz)			
		1 阶	2 阶	3 阶	4 阶
试验值		49.38	167.83	305.3	565.82
自适应参数域多群体遗传算法	区间 1	49.44	171.26	285.91	542.89
	区间 2	49.44	171.26	285.91	542.88
	区间 3	49.44	171.26	285.91	542.88
简单遗传算法	区间 1	49.44	164.52	257.41	509.92
	区间 2	49.44	170.80	282.64	542.03
	区间 3	49.44	171.29	285.97	542.36

从表5.27和表5.28可以看出，长轴的结果和短轴的结果情况相同，都是自适应参数域多群体遗传算法在3个区间最终找到的刚度基本相同，经过仿真得到的各阶频率是相同的；虽然3个初始取值区间不同，但由于算法在寻优的过程中能够动态调整取值区间，向着更优的方向进化；而简单遗传算法由于在进化过程中取值区间一直固定不变，因此，3个不同区间找到的结果不相同。同时，虽然找到的最优值是包含在区间3，但在区间1和区间2找到的结果还是和区间3的结果很相近，找到的解作为最优值的可靠性就增强了。同时，第一阶的频率与试验频率非常接近，而第二阶、第三阶和第四阶的频率与试验频率存在误差，其产生的原因与短轴的分析相同。

(3) 长轴各阶试验振型与仿真振型的比较

根据表5.28可知，自适应参数域多群体遗传算法与简单遗传算法在区间3的刚度辨识结果得到的频率是基本相同的，因此，采用初始取值区间为区间3的辨识结果进行仿真得到对应的振型（简称为“仿真振型”）与实验振型进行对比，结果如图5.43所示。



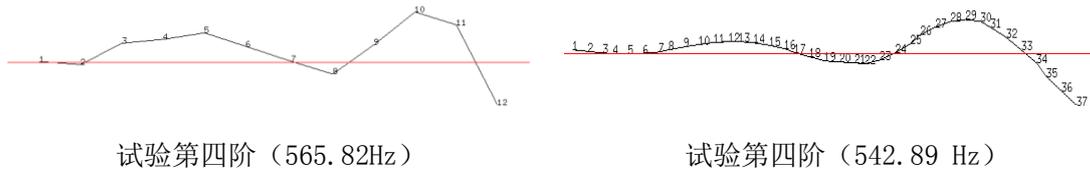


图 5.43 长轴前四阶模态振型对比

5.3.7.4 含膜片联轴器支承刚度辨识结果及分析

含膜片联轴器的径向刚度 k_H 和角向刚度 k_ω 的初始取值区间如表 5.29 所示

表 5.29 膜片联轴器连接刚度的 2 种初始取值区间

刚度 ($\times 10^6 \text{N/m}$)	区间 1	区间 2
k_H	(0.1,1)	(1,10)
k_ω	(0.01,0.1)	(0.01,0.1)

(1) 含膜片联轴器连接刚度辨识结果

表 5.30 是含膜片联轴器连接刚度在 2 种不同的初始取值区间下, 简单遗传算法和自适应参数域的多群体遗传算法的辨识结果。

表 5.30 两种算法的膜片联轴器连接刚度辨识结果

方法	初始取值 区间	刚度(N/m)	
		k_H	k_ω
自适应参数域多群体遗传算法	区间 1	1.0129E+06	3.45E+04
	区间 2	1.1283E+06	3.46E+04
简单遗传算法	区间 1	3.48E+05	1.43E+04
	区间 2	1.7756E+06	3.34E+04

(2) 含膜片联轴器各阶仿真频率与实验频率对比

根据表 5.30 的刚度辨识结果, 通过仿真试验得到其对应的各阶频率, 如表 5.31 所示。

表 5.31 两种算法的膜片联轴器各阶仿真频率与实验频率的对比

方法	初始取值区间	各阶频率 (Hz)			
		1 阶	2 阶	3 阶	4 阶
试验值		56.48	112.82	181.58	266.27
自适应参数域多群体遗传算法	区间 1	56.48	112.82	190.44	226.77
	区间 2	56.47	112.82	190.44	226.77
简单遗传算法	区间 1	56.41	112.3	199.4	221.69
	区间 2	56.25	112.82	190.44	226.77

从表 5.30 和表 5.31 可以看出, 含膜片联轴器的结果和长轴、短轴的结果情况相同, 都是自适

应参数域多群体遗传算法在2个区间最终找到的刚度基本相同,经过仿真得到的各阶频率是相同的;而简单遗传算法由于在进化过程中取值区间一直固定不变,因此,2个不同区间找到的结果不相同。同时,第一阶和第二阶的频率与试验频率非常接近,而第三阶和第四阶的频率与试验频率存在误差,其产生的原因与短轴的分析相同。

(3) 膜片联轴器的各阶试验振型与仿真振型的比较

根据表5.31可知,自适应参数域多群体遗传算法与简单遗传算法在区间2的刚度辨识结果得到的频率是基本相同的,因此,采用初始取值区间为区间2的辨识结果进行仿真得到对应的振型(简称为“仿真振型”)与实验振型进行对比,结果如图5.44所示。

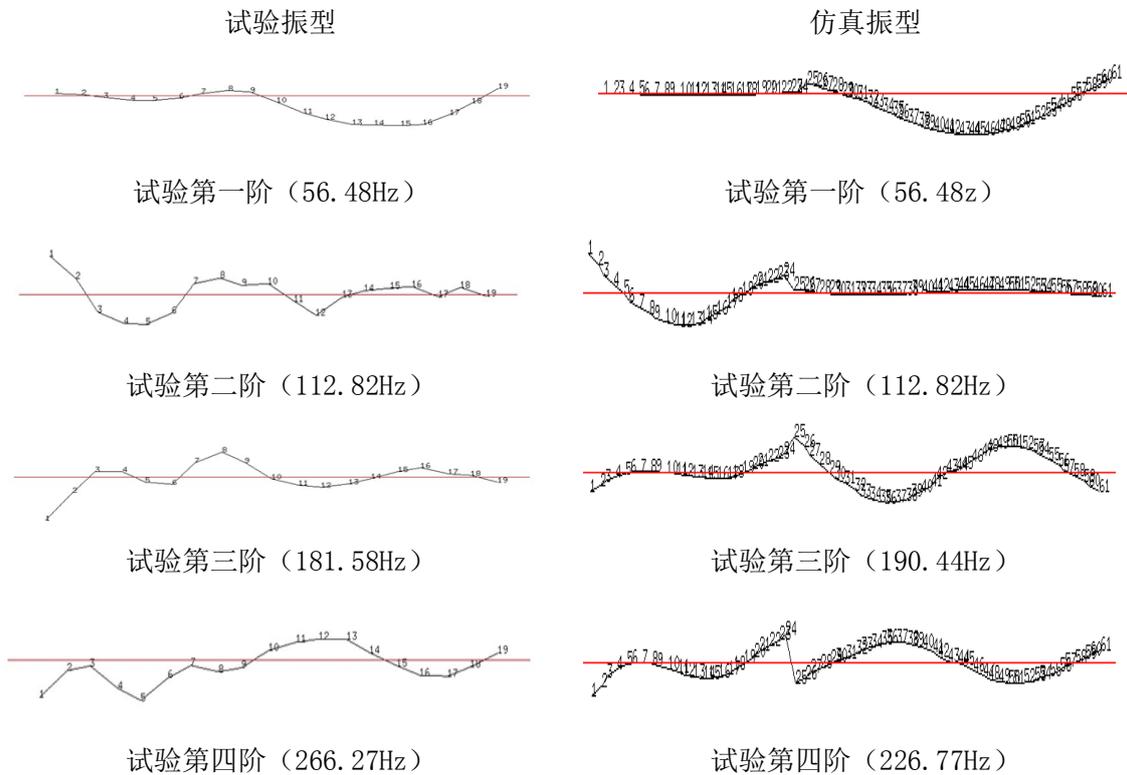


图 5.44 膜片联轴器前四阶模态振型对比

5.4 本章小结

本章将自适应参数域多群体遗传算法应用于航空发动机振动建模参数辨识,取得了如下研究成果:

(1) 应用于振动模态参数辨识,对模态耦合严重的三阶模型进行模态参数识别,并与差分均匀变异遗传算法和简单遗传算法进行比较,结果表明:

1) 参数在2类不同的初始取值区间,自适应参数域多群体遗传算法都能找到参数的正确值,即使在初始取值区间不包含正确值的情况下也能找到;同时,参数优化结果的频率响应函数的

实频图和虚频图也与真实值非常吻合；验证了算法的有效性，说明算法对参数初始取值区间的准确定义要求可以适当放松，具有较强的工程应用价值。

2) 通过观察在算法运行过程中参数区间的自适应调整过程，验证了参数区间调整思路的正确性。这也启示我们要关注算法运行过程中的信息，挖掘出有用的信息，引导各群体向更优的方向进化。

3) 与差分均匀变异遗传算法和简单遗传算法在最优解、平均值、标准差、成功次数和收敛速度等方面的比较，自适应参数域多群体遗传算法占有明显的优势。说明了算法改进的效果是明显的和具有优越性。

(2) 应用于含膜片联轴器的转子试验器系统刚度辨识研究，结果表明：

1) 自适应参数域多群体遗传算法在不同的初始取值区间找到的解是正确解或最优解的概率很高，方法具有很强的工程应用价值。

2) 某些阶的仿真频率与试验频率存在一定误差。其原因可能是由于实际试验器连接刚度的复杂的非线性特征所致，导致有限元建模的误差，与自适应参数域多群体遗传算法本身的关系不大。

第六章 总结与展望

6.1 总结

本文将计算智能和机器学习等人工智能方法应用到航空发动机故障诊断和参数辨识领域，以多群体遗传算法为研究核心，围绕遗传算法的改进、多群体遗传算法的迁移策略、特征模式的挖掘、自适应参数域调整方法，及其在航空发动机故障诊断和振动建模参数辨识展开研究，取得了如下研究成果：

(1) 提出用于特征选择的多群体多准则差分遗传算法

提出多群体多准则差分遗传算法用于特征选择，结合多个准则设计遗传算子，对简单遗传算法进行改进，提高算法的性能；采用多群体共享阶段性成果，并从中挖掘出有效的特征模式及迁移到各群体，引导后代向更好的方向进化。通过仿真数据和UCI数据集对算法进行了验证；采用仿真数据，从算法的收敛速度、种群均值等方面进行比较，验证多准则差分遗传算法能够有效地提高算法的性能；对多群体多准则差分遗传算法与单群体多准则差分遗传算法、多群体简单遗传算法与单群体简单遗传算法进行解的质量、成功找到最佳特征子集次数等方面进行比较，验证多群体多准则对提高解的质量、最佳特征子集的稳定性和可靠性是有效的；采用UCI数据集，并与其他算法进行比较，验证多群体多准则差分遗传算法找到的特征子集，以更少的特征数目获得更高的分类准确率；最后，分析了群体迁移时机和特征模式之间的关系，为利用多群体遗传算法用于特征选择提供一些可供参考的建议。

(2) 提出自适应参数域多群体协同优化遗传算法

提出自适应参数域多群体协同优化遗传算法。采用了差分变异和均匀变异相结合的变异算子，实现区间外探索和区间内开发，解决了当参数正确值不包含在给定的初始取值区间内，导致找不到正确值的问题，从而降低了对参数初始取值范围的准确度要求；其次，设计自适应调整参数域方法，并采用多群体协同进行参数优化，定期交流挖掘出包含高质量解的区域，实现参数域的动态调整，并且由于参数取值范围不断在变化，也将大大提高算法的效率。最后，采用8个标准函数（高维的单峰函数和多峰函数）对算法的性能进行验证。通过观察在算法运行过程中参数区间的自适应调整过程，验证了参数域自适应调整方法及思路的正确性；并与其他算法在最优解、平均值、标准差和收敛速度等方面比较，验证了算法能以更快的速度找到更优的解；

(3) 基于多群体多准则差分遗传算法的航空发动机智能诊断特征选择研究

将多群体多准则差分遗传算法运用于典型的航空发动机智能诊断技术中的特征选择，针对航空发动机滚动轴承故障信号的多维特征选择展开研究，除了采用多群体及对遗传算子进行改

进外,还处理了特征模式中存在的特征间的极强相关性,使用最终找到具有高分类准确率的特征子集,同时该特征子集特征间的差异大。通过航空发动机滚动轴承故障模拟实验获得的故障样本集,并与其他算法进行比较,验证了算法的有效性,提高了诊断精度。

(4) 基于自适应参数域多群体遗传算法的航空发动机振动建模参数辨识

本文将自适应参数域多群体协同优化遗传算法应用于振动模态参数辨识和含膜片联轴器的转子试验器系统刚度辨识。在考虑优化参数初始取值区间不确定的情况下,研究振动模态参数辨识和转子系统连接刚度识别问题,并用试验和仿真数据对新方法的辨识结果进行了验证和分析,研究表明该算法对参数初始取值区间的准确定义要求可以适当放松,具有较强的工程应用价值。

6.2 展望

本文将计算智能和机器学习等人工智能方法应用到航空发动机领域,内容涉及到遗传算法的改进、多群体遗传算法的迁移策略、特征模式的挖掘、自适应参数域调整方法,以及它们在航空发动机故障诊断和振动建模参数辨识的应用等,取得了较好的应用效果。但是,如下几方面今后需要进一步深入探讨与研究。

(1) 特征选择问题。本文提出了多群体多准则差分遗传算法与filter法结合进行特征选择。接下来,将进一步扩大与其他特征选择方法结合,例如,与wrapper法结合进行特征选择。并与航空发动机故障智能诊断结合,展开深入研究,进一步挖掘有用信息及规律。

(2) 自适应参数域的理论分析与研究。本文提出的自适应参数域多群体遗传算法,实现了对参数初始取值区间的准确定义要求可以适当放松。但是,在实际应用问题中,这个适当放松可以放松到什么程度,需要进一步深入研究,从而给出可参考借鉴的理论指导意见。

(3) 航空发动机的其他应用问题。本文提出的方法主要应用于航空发动机滚动轴承故障诊断的特征选择及航空发动机振动建模参数辨识。但在航空发动机领域,还有很多优化问题,如何利用得到的研究成果进一步指导或应用到航空发动机的其他领域是值得探讨的地方。接下来,我们将继续围绕这方面的课题做更加深入地分析。

(4) 多目标智能优化算法的研究。多目标智能优化算法是当前研究的一个研究热点。在航空发动机领域,有很多问题是涉及到多目标优化,如何改进已有的多目标优化算法,提高算法的性能,将是我们下一步要努力的方向。

参考文献

- [1] Estévez P A. Russel C. Eberhart, Yuhui Shi: Computational Intelligence: Concepts to Implementation[M]. 2008.
- [2] Yang Z , Li X , Bowers C P , et al. An Efficient Evolutionary Approach to Parameter Identification in a Building Thermal Model[J]. IEEE Transactions on Systems Man & Cybernetics Part C, 2012, 42(6):957-969.
- [3] Kicinger R , Arciszewski T , Jong K D . Evolutionary computation and structural design: A survey of the state-of-the-art[J]. Computers & Structures, 2005, 83(23-24):1943-1978.
- [4] Xing L , Rohlfshagen P , Chen Y , et al. An Evolutionary Approach to the Multidepot Capacitated Arc Routing Problem[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2010, 14(3):356-374.
- [5] 中华人民共和国国务院. 中国制造 2025[R]. 北京: 中华人民共和国国务院, 2015.
- [6] 程珩, 于亮亮, 黄超勇. 基于混合遗传算法的连采机减速器试验模态参数识别[J]. 机械工程学报, 2013, 49(3):74-79.
- [7] 李守巨, 刘迎曦, 王登刚. 基于遗传算法的结构振动参数识别方法[J]. 中国矿业大学学报, 2001, 30(3):256-260.
- [8] Holland J. H., Adaptation in Natural and Artificial Systems. Ann Arbor, MI: University of Michigan Press, 1975.
- [9] 王小平、曹立明. 遗传算法——理论、应用与软件实现[M].西安: 西安交通大学出版社, 2001.
- [10] Brindle A., Genetic algorithms for function optimization, Ph.D. dissertation, Dept. Comput. Sci., Univ. Alberta, Edmonton, AB, Canada, 1981.
- [11] Xie H, Zhang M. Parent Selection Pressure Auto-Tuning for Tournament Selection in Genetic Programming[J]. Evolutionary Computation IEEE Transactions on, 2013, 17(1):1-19.
- [12] 曹道友, 程家兴. 基于改进的选择算子和交叉算子的遗传算法[J]. 计算机技术与发展, 2010, 20(2).
- [13] 杨平, 郑金华. 遗传选择算子的比较与研究[J]. 计算机工程与应用, 2007, 43(15):59-62.
- [14] 陈有青, 徐蔡星, 钟文亮,等. 一种改进选择算子的遗传算法[J]. 计算机工程与应用, 2008, 44(2):44-49.
- [15] Matsui K., “New selection method to improve the population diversity in genetic algorithms,” in Proc. IEEE Int. Conf. Syst. Man Cybern., Oct. 1999, pp. 625–630.

- [16] Prügel-Bennett, Adam, Shapiro J L . Analysis of genetic algorithms using statistical mechanics[J]. Physical Review Letters, 1994, 72(9):1305-1309.
- [17] Kuo T , Hwang S Y . A genetic algorithm with disruptive selection[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B (Cybernetics), 2002, 26(2):299-307.
- [18] Li N N , Gu J H , Liu B Y . A New Genetic Algorithm Based on Negative Selection[C]// International Conference on Machine Learning & Cybernetics. IEEE, 2006.
- [19] 张琛, 詹志辉. 遗传算法选择策略比较[J]. 计算机工程与设计, 2009, 30(23):5471-5474.
- [20] Deb K, Anand A, Joshi D. A computationally efficient evolutionary algorithm for real-parameter optimization[J]. Evolutionary Computation, 2002, 10(4):371-395.
- [21] Deep K, Thakur M. A new crossover operator for real coded genetic algorithms[J]. Applied Mathematics & Computation, 2007, 188(1):895-911.
- [22] Tsai J T, Liu T K, Chou J H. Hybrid Taguchi-Genetic Algorithm for Global Numerical Optimization[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2004, 8(4):365-377.
- [23] 刘伟莉, 袁毅锐, 蓝璐恺,等. 改进的蜜蜂进化型遗传算法[J]. 计算机工程与设计, 2008, 29(11):2859-2862.
- [24] Ling S H, Leung F H F. An Improved Genetic Algorithm with Average-bound Crossover and Wavelet Mutation Operations[J]. Soft Computing, 2007, 11(1):7-31.
- [25] Albayrak M , Allahverdi N . Development a new mutation operator to solve the Traveling Salesman Problem by aid of Genetic Algorithms[J]. Expert Systems with Applications, 2011, 38(3):1313-1320.
- [26] 杨启文, 蒋静坪, 张国宏. 遗传算法优化速度的改进[J]. 软件学报, 2001, 12(2):270-275.
- [27] 谢燕丽, 许青林, 姜文超. 一种基于交叉和变异算子改进的遗传算法研究[J]. 计算机技术与发展, 2014(4):80-83.
- [28] Srinivas M , Patnaik L M . Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms[J]. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, 1994, 24(4):656-667.
- [29] Dai C H , Zhu Y F , Chen W R . Adaptive Probabilities of Crossover and Mutation in Genetic Algorithms Based on Cloud Model[C]// IEEE Information Theory Workshop. IEEE, 2006.
- [30] Zhang J , Chung S H , Lo W L . Clustering-Based Adaptive Crossover and Mutation Probabilities for Genetic Algorithm[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2007, 11(3):326-335.
- [31] 龚月姣, 陈梦君, 胡晓敏, et al. 遗传算法中自适应方法的比较和分析[J]. 计算机工程与设计, 2009, 30(21):4907-4913.

- [32] 周明, 孙树栋. 遗传算法原理及应用[M]. 国防工业出版社, 1999.
- [33] Abramson D . Constructing School Timetables Using Simulated Annealing: Sequential and Parallel Algorithms[J]. Management Science, 1991, 37(1):98-113.
- [34] Abramson,D., Abela,J. A Parallel Genetic Algorithm for Solving the School Timetabling Problem. In Proceedings of the Fifteenth Australian Computer Science Conference. Hobart. Australia. Feb.1992.14:1-11.
- [35] Cantu-Paz E, Goldberg D E. Predicting Speedups of Idealized Bounding Cases of Parallel Genetic Algorithms. In Proceedings of the 7th International Conference on Genetic Algorithms(ICGA 97) . East Lansing . MI .1997 .13~121.
- [36] Manderick B , Spiessens P . Fine-Grained Parallel Genetic Algorithms[C]// International Conference on Genetic Algorithms. Morgan Kaufmann Publishers Inc. 1989.
- [37] Sarma J, Jong K D. An analysis of the effects of neighborhood size and shape on local selection algorithms[M]// Parallel Problem Solving from Nature — PPSN IV. 1996.
- [38] Cohoon J P. A Multi-population Genetic Algorithm for Solving the K-Partition Problem on Hypercubes[C]// International Conference on Genetic Algorithms. DBLP, 1991.
- [39] Alba E , José M. Troya. Influence of the Migration Policy in Parallel Distributed GAs with Structured and Panmictic Populations[J]. Applied Intelligence: The International Journal of Artificial, Intelligence, Neural Networks, and Complex Problem-Solving Technologies, 2000, 12(3):163-181.
- [40] Maresky J G. On efficient communication in distributed genetic algorithms. Master Thesis Dissertation, Institute of Computer Science, The Hebrew Univ. of Jerusalem, 1994.
- [41] Hart W E , Baden S , Belew R K , et al. Analysis of the Numerical Effects of Parallelism on a Parallel Genetic Algorithm[J]. Office of Scientific & Technical Information Technical Reports, 1996:606--612.
- [42] Cantu-Paz E, Goldberg D E. Modeling Idealized Bounding Cases of Parallel Genetic Algorithms. In : Proceedings of the 2nd Annual Conference on Genetic Programming. San Francisco.CA. 1997. 353~361.
- [43] CantúPaz, Erick, Goldberg D E . Efficient parallel genetic algorithms: Theory and practice.[J]. Computer Methods in Applied Mechanics & Engineering, 2000, 186(2):221-238.
- [44] Grosso P B. Computer simulations of genetic adaptation : parallel subcomponent interaction in a multilocus model /[J]. 1985.
- [45] 郑志军, 郑守淇. 粗粒度并行遗传算法性能分析[J]. 小型微型计算机系统.

- [46] 赖鑫生, 张明义. 基于渗透原理迁移策略的并行遗传算法[J]. 计算机学报, 2005, 28(7):1146-1152.
- [47] 胡玉兰, 潘福成, 梁英, 等. 基于种群规模可变的粗粒度并行遗传算法[J]. 小型微型计算机系统, 2003, 24(3):534-536.
- [48] Chopard B , Pictet O , Tomassinp M . PARALLEL AND DISTRIBUTED EVOLUTIONARY COMPUTATION FOR FINANCIAL APPLICATIONS[J]. Parallel Algorithms and Applications, 2000, 15(1-2):15-36.
- [49] Cláudio M.N.A. Pereira, Lapa C M F . Coarse-grained parallel genetic algorithm applied to a nuclear reactor core design optimization problem[J]. Annals of Nuclear Energy, 2003, 30(5):555-565.
- [50] 郭彤城, 慕春棣. 自适应迁移并行遗传算法在无线通信网优化中的应用[J]. 清华大学学报(自然科学版), 2002, 42(9):1225-1227.
- [51] 路飞, 田国会, 贾磊. 用多种群并行自适应遗传算法解混合 Flowshop 调度问题[J]. 电机与控制学报, 2002, 6(1):68-70.
- [52] 封全喜, 刘诚. 物流配送车辆路径问题的并行遗传算法研究[J]. 铁道科学与工程学报, 2005, 2(4):88-91.
- [53] 吴浩扬, 常炳国, 朱长纯, et al. 基于模拟退火机制的多种群并行遗传算法[J]. 软件学报, 2000, 11(3).
- [54] 邹琳, 夏巨谌, 胡国安. 基于实数编码的多种群并行遗传算法研究[J]. 小型微型计算机系统, 2004, 25(6):982-986.
- [55] 刘志军, 丁明跃, 周成平, et al. 基于并行遗传算法的图像超分辨率复原[J]. 中国图象图形学报 A 辑, 2004, 9(1).
- [56] Cao S, Wang B, Yan R, et al. Optimization of hysteresis parameters for the Jiles-Atherton model using a genetic algorithm[J]. IEEE Transactions on Applied Superconductivity, 2004, 14(2):1157-1160.
- [57] Saini L M, Aggarwal S K, Kumar A. Parameter optimisation using genetic algorithm for support vector machine-based price-forecasting model in National electricity market[J]. Iet Generation Transmission & Distribution, 2010, 4(1):36-49.
- [58] Li Ji min, SHANG Chao xuan, ZOU Ming hu. Parameter Optimization of Linear Quadratic Controller Based on Genetic Algorithm[J]. 清华大学学报自然科学版(英文版), 2007, 12(s1):208-211.
- [59] Civelek Z, Çam E, Lüy M, et al. Proportional–integral–derivative parameter optimization of

- blade pitch controller in wind turbines by a new intelligent genetic algorithm[J]. *Iet Renewable Power Generation*, 2016, 10(8):1220-1228.
- [60] Ahrens B. Genetic algorithm optimization of superresolution parameters[C]// *Conference on Genetic and Evolutionary Computation*. ACM, 2005:2083-2088.
- [61] Kundu A, Laha S, Vasilakos A V. Correlation-based genetic algorithm for real-parameter optimization[C]// *Evolutionary Computation*. IEEE, 2016:4804-4809.
- [62] Scheidat T, Engel A, Vielhauer C. Parameter optimization for biometric fingerprint recognition using genetic algorithms[C]// *The Workshop on Multimedia & Security*. ACM, 2006:130-134.
- [63] 袁玉萍, 胡亮, 周志坚. 基于遗传算法对支持向量机模型中参数优化[J]. *计算机工程与设计*, 2008, 29(19):5016-5018.
- [64] 李良敏, 温广瑞, 王生昌. 基于遗传算法的回归型支持向量机参数选择法[J]. *计算机工程与应用*, 2008, 44(7):23-26.
- [65] 周辉仁, 郑丕谔. 基于 GA 和 Bootstrap 的最小二乘支持向量机参数优选[J]. *系统仿真学报*, 2008, 20(12):3293-3296.
- [66] 甘旭升, 李华平, 高海龙. 基于改进遗传算法的确定范围内 SVM 参数选择[J]. *火力与指挥控制*, 2013(10):134-137.
- [67] Kwon Y D, Kwon S B, Jin S B, et al. Convergence enhanced genetic algorithm with successive zooming method for solving continuous optimization problems[J]. *Computers & Structures*, 2003, 81(17):1715-1725.
- [68] Djuricic A B, Elazar J M, Rakic A D. Genetic algorithms for continuous optimization problems - a concept of parameter-space size adjustment[J]. *Journal of Physics A General Physics*, 1997, 30(22):7849-7861.
- [69] Arakawa M, Hagiwara I. Nonlinear Integer, Discrete and Continuous Optimization using Adaptive Range Genetic Algorithms. *Proc. of 1997 ASME Design Engineering Technical Conferences*, (1997).
- [70] Yokose Y, Cingoski V, Kaneda K, et al. Shape optimization of magnetic devices using genetic algorithms with dynamically adjustable parameters[J]. *IEEE Transactions on Magnetics*, 2002, 35(3):1686-1689.
- [71] Oyama A, Obayashi S, Nakahashi K. Real-Coded Adaptive Range Genetic Algorithm and Its Application to Aerodynamic Design[J]. *JSME International Journal Series A*, 2000, 43(2):124-129.
- [72] 高鹏毅, 陈传波, 张葵, et al. 一种使用多 Filter 初始化 GA 种群的混合特征选择模型[J]. 小

- 型微型计算机系统, 2012, 33(11):2379-2384.
- [73] Pedergnana M, Marpu P R, Mura M D, et al. A Novel Technique for Optimal Feature Selection in Attribute Profiles Based on Genetic Algorithms [J]. IEEE Transactions on Geoscience & Remote Sensing, 2013, 51(6):3514-3528.
- [74] Min S H, Lee J, Han I. Hybrid genetic algorithms and support vector machines for bankruptcy prediction [J]. Expert Systems with Applications, 2006, 31(3):652-660.
- [75] Johnson S, Shanmugam V. Feature subset selection for hot method prediction using genetic algorithm wrapped with support vector machines [J]. Journal of Computer Science, 2011, 7(5):707-714.
- [76] Ghareb A S, Bakar A A, Hamdan A R. Hybrid feature selection based on enhanced genetic algorithm for text categorization [J]. Expert Systems with Applications, 2016, 49:31-47.
- [77] Majid M, Nicolas H Y. On the use of the genetic algorithm filter-based feature selection technique for satellite precipitation estimation [J]. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, 2012, 9(5):963-967.
- [78] Canuto A M P, Nascimento D S C. A genetic-based approach to features selection for ensembles using a hybrid and adaptive fitness function[C]// Neural Networks (IJCNN), The 2012 International Joint Conference on IEEE, 2012:1-8.
- [79] Karegowda A G, Jayaram M A. Cascading GA & CFS for Feature Subset selection in Medical Data Mining[C]// Advance Computing Conference, 2009. IACC 2009. IEEE International. IEEE, 2009:1428-1431.
- [80] 赵丽娜. 自适应遗传算法在特征选择中的改进及应用[J]. 计算机工程与应用, 2009, 45(7):39-41.
- [81] 陈卫东. 基于遗传算法的图像特征选择[J]. 计算机工程与应用, 2007, 43(28):78-80.
- [82] Li Y, Zhang S, Zeng X. Research of multi-population agent genetic algorithm for feature selection [J]. Expert Systems with Applications, 2009, 36(9):11570-11581.
- [83] 刘元宁, 王刚, 朱晓冬,等. 基于自适应多种群遗传算法的特征选择[J]. 吉林大学学报: 工学版, 2011, 41(6):1690-1693.
- [84] 兰芸, 李宝林. 基于协同演化遗传算法的文本特征获取方法[J]. 计算机工程与应用, 2006, 42(5):182-184.
- [85] Chen P, Toyota T, He Z. Automated function generation of symptom parameters and application to fault diagnosis of machinery under variable operating conditions [J]. Systems Man & Cybernetics Part A Systems & Humans IEEE Transaction on, 2001, 31(6):775-781.

- [86] Kang M, Kim J, L Wills, et al. Time-Varying and Multi-Resolution Envelope Analysis and Discriminative Feature Analysis for Bearing Fault Diagnosis [J]. Industrial Electronics, IEEE Transactions on, 2015, 62(12): 7749 - 7761.
- [87] Etefagh M M, Ghaemi M, Asr M Y. Bearing fault diagnosis using hybrid genetic algorithm K-means clustering[C]// Innovations in Intelligent Systems and Applications (INISTA) Proceedings, 2014 IEEE International Symposium on. IEEE, 2014:84 - 89.
- [88] 崔文斌, 叶志锋, 彭利方. 基于信息融合遗传算法的航空发动机气路故障诊断[J]. 航空动力学报, 2015, 30(5):1275-1280.
- [89] 陈小磊, 郭迎清, 陆军. 基于修改加速控制规律的航空发动机寿命延长控制[J]. 航空动力学报, 2011, 26(9):2116-2121.
- [90] 崔建国, 赵云龙, 董世良, 等. 基于遗传算法和 ARMA 模型的航空发电机寿命预测[J]. 航空学报, 2011, 32(08):1506-1511.
- [91] 雷亚国, 何正嘉, 訾艳阳. 基于混合智能新模型的故障诊断[J]. 机械工程学报, 2008, 44(7):112-117.
- [92] 骆志高, 陈保磊, 庞朝利, 等. 基于遗传算法的滚动轴承复合故障诊断研究[J]. 振动与冲击, 2010, 06 期(6):174-177.
- [93] 史东锋, 屈梁生. 遗传算法在故障特征选择中的应用研究[J]. 振动、测试与诊断, 2000, 20(3):171-176.
- [94] 谢涛, 张育林. 基于遗传算法与最大最小原理的故障模式特征选择[J]. 国防科技大学学报, 1998, (2):17-21.
- [95] 邓堰. 转子故障智能诊断中的特征提取与选择技术研究[D]. 南京航空航天大学, 2008.
- [96] 王世卿, 曹彦. 基于遗传算法和支持向量机的特征选择研究[J]. 计算机工程与设计, 2010, 31(18):4088-4092.
- [97] 宋志强. 水电机组轴系统模态参数的时域识别研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2011(11):229-234.
- [98] 李中付, 华宏星, 石银明, et al. 遗传算法在结构模态参数辨识中的应用[J]. 振动、测试与诊断, 2001(4):245-248.
- [99] 周天朋, 夏江宁, 毕京丹. 振动环境试验中的结构模态参数识别[J]. 强度与环境, 2008, 35(6):25-29.
- [100] 马蕾, 芮筱亭, 杨富锋, et al. 基于多体系统传递矩阵法和遗传算法的一种物理参数识别方法[J]. 振动工程学报, 2011, 24(6):607-612.
- [101] 张瑞刚, 郭利, 王天辉, et al. 运用改进的量子遗传算法进行结构损伤识别[J]. 噪声与振

- 动控制, 2013(3):203-207.
- [102] Kononenko I. Estimation attributes: analysis and extensions of ReliefF[C] //Proceedings of the 1994 European Conference on Machine Learning. Catania. Italy: Springer Verlag, 1994:171-182.
- [103] 张丽新, 王家廛, 赵雁南,等. 基于 Relief 的组合式特征选择[J]. 复旦学报:自然科学版, 2004, 43(5):893-898.
- [104] 杨启文, 蒋静坪, 曲朝霞, 等.应用逻辑操作改善遗传算法性能.控制与决策, 2000 , 15(4):510-512.
- [105] 刘琛, 林盈, 胡晓敏. 差分演化算法各种更新策略的对比分析[J]. 计算机科学与探索, 2013,7(11):983-993.
- [106] Dua, D. ,Karra Taniskidou, E. UCI Repository of machine learning databases. In University of California, Irvine, School of Information and Computer Sciences: <http://archive.ics.uci.edu/ml/>, 2017.
- [107] Hall M A. Correlation-based Feature Selection for Discrete and Numeric Class Machine Learning[C]// Seventeenth International Conference on Machine Learning. Morgan Kaufmann Publishers Inc. 2000:359-366.
- [108] Yao X, Liu Y, Lin G. Evolutionary programming made faster[J]. IEEE Trans.evol.comput, 1999, 3(2):82-102.
- [109] Gustafsson O. G. Tallian T. Detection of damage in assembled rolling bearings[M]. Trans. of ASLE. 1962, 5: 197-209.
- [110] Wheeler P. G. Bearing analysis equipment keeps downtime down[J]. Plant Engineering. 1968, (25): 87-89.
- [111] Martin R. Detection of ball bearing malfunctions[J]. Instruments and Control Systems, 1970, (12): 79-82.
- [112] 赵学智, 叶邦彦. ART-2 对滚动轴承振动信号幅值谱的清晰化提取与分类效果研究[J]. 振动与冲击, 2007, 26(1):139-143.
- [113] Eugene B, Parker J. R., Ware H. A, et al. Diagnostics using statistical change detection in the bispectrum domain[J]. Mechanical Systems and Signal processing, 2000, 14(4): 561-570.
- [114] 芮执元, 徐龙云, 李贵明. 基于倒频谱理论的滚动轴承故障检测[J]. 轴承, 2007, (1):35-37.
- [115] 杨江天, 陈家冀, 曾子平. 基于高阶谱的旋转机械故障征兆提取[J]. 振动工程学报, 2001, 14(1): 13-17.
- [116] Asme P W T M, Asme Y H P M, Yam R. Wavelet Analysis and Envelope Detection For Rolling

- Element Bearing Fault Diagnosis—Their Effectiveness and Flexibilities[J]. *Journal of Vibration & Acoustics*, 2001, 123(3):303-310.
- [117] 陈果. 滚动轴承早期故障的特征提取与智能诊断[J]. *航空学报*, 2009, 30(2):362-367.
- [118] 程军圣, 于德介, 杨宇. 基于 EMD 和 SVM 的滚动轴承故障诊断方法[J]. *航空动力学报*, 2006, 21(3): 575-580.
- [119] Antoni J., Randall R. B. The spectral kurtosis: application to the vibratory surveillance and diagnostics of rotating machines[J]. *Mechanical Systems and Signal Processing*, 2006, 20:308-331.
- [120] Cong F, Chen J, Dong G, et al. Short-time matrix series based singular value decomposition for rolling bearing fault diagnosis[J]. *Mechanical Systems & Signal Processing*, 2013, 34(1-2):218-230.
- [121] Witten I H, Frank E, Hall M A. *Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques (Third Edition)*[M]. Beijing: China Machine PRESS, 2005.
- [122] Yu L, Liu H. Efficient Feature Selection via Analysis of Relevance and Redundancy. *Journal of Machine Learning Research*, 2004(5): 1205~ 1224.
- [123] 赵开宁, 张东明. 发动机复杂构件高阶模态试验分析方法[J]. *航空发动机*, 2001(4):35-38.
- [124] Zhai W M . Two Simple Fast Integration Methods for Large-scale Dynamic Problems in Engineering [J]. *International Journal for Numerical Methods in Engineering*, 1996, 39(24):4199-4214.

致 谢

执笔致谢，感慨万分。时光飞逝，四年多的读博生涯即将结束，这段痛并快乐、充实难忘的求学生涯，正是因为有了导师、家人和朋友的支持和帮助，才得以顺利地走到今天，本论文才得以完成。在此，谨向他们表示衷心的感谢！

首先，衷心地感谢我的导师陈果教授。您的严谨治学、知识渊博、严于律己、对学生的精心指导和严格要求，使我深刻地感受到一日为师、终身为父的教师责任感和职业的神圣。当我在学习或生活上碰到困难，您都毫不犹豫地提供指导和帮助；当我在学术研究上陷入困境和迷茫，您的肯定和鼓励给了我前进的动力；在科研和论文撰写中，您的意见和建议总能让我茅塞顿开，学会了更全面、更深刻地揭示问题；我的博士毕业论文，正是在您的精心指导和大力支持下才得以顺利完成。陈老师，感谢您，感恩这份师生情，铭记于心！

感谢智能诊断与专家系统实验室的同门。感谢王海飞师兄的帮助和鼓励，祝福您在海外的博士后生涯收获满满；感谢屈美娇博士，怀念我们一起快乐的时光，分享着彼此的快乐，迷茫时彼此鼓励，谢谢您每次贴心的帮助；感谢汪谨、林桐、赵斌、李华、张全德、宋培培、刘彬彬、谢阶栋、周笛，祝福你们工作顺利、家庭幸福；感谢贺志远、於为刚、张向阳、张旭、杨默晗、张杰毅，谢谢你们给予的关心和帮助，祝福你们在学业上收获满满；感谢赵紫豪的帮助，祝福你早日考上理想的院校！

感谢空军研究院航空兵研究所的陈立波处长和王洪伟主任对航空发动机油液检测和磨损故障诊断给予的重要指导，祝你们工作愉快、家庭幸福！

感谢我的舍友们，怀念我们谈天说地、笑声满屋的日子，祝福你们拥有灿烂幸福的人生！

感谢我的工作单位及同事们给予的关心、支持和帮助！祝福你们身体健康，工作顺利！

最后，衷心感谢我的爸爸妈妈，您们不但养育我长大，在我读博期间，还帮忙照顾我的小家，让我得以全身心地投入工作和学习，才能走到今天顺利地完成学业；感谢孩子的爷爷奶奶给予的支持，遗憾的是孩子的爷爷没能等到我毕业，愿您在天堂一切安好！感谢我的爱人和儿子，谢谢我的爱人一直默默地支持和付出，在迷茫时鼓励我前行，在忙碌时分担家事，鞭策着我不断前进；谢谢我的宝贝儿子，你就是一个小天使，带给我无穷的快乐和满足，你的贴心和懂事，让我感到无比的自豪和骄傲，你的支持给我巨大的动力，我们一起努力！感谢我的姐姐、弟弟和亲人，你们给了我最温暖的亲情！

再一次向所有曾经给予我关怀、支持和帮助的人们表示最诚挚的谢意！

关晓颖
2019年2月
于广州

在学期间的研究成果及发表的学术论文

攻读博士学位期间发表论文情况

- [1] 关晓颖, 陈果, 林桐. 特征选择的多准则融合差分遗传算法及其应用[J]. 航空学报, 2016, 37(11): 3455-3465. (EI: 20165003121911)
- [2] **Xiaoying Guan**, Guo Chen. Sharing pattern feature selection using multiple improved genetic algorithms and its application in bearing fault diagnosis[J]. Journal of Mechanical Science and Technology, 2019, 33 (1):129~138. (SCI: 000455641100013)
- [3] Haifei Wang, **Xiaoying Guan**, Guo Chen, et al. Characteristics analysis of rotor-rolling bearing coupled system with fit looseness fault and its verification[J]. Journal of Mechanical Science and Technology, 2019, 33 (1):29~40. (SCI: 000455641100004)

攻读博士学位期间参加科研项目情况

- [1] 国家自然科学基金 (51675263): 基于监测数据和损伤力学的复杂工况下滚动轴承故障预测研究;
- [2] 国家自然科学基金 (61179057): 航空发动机故障智能诊断中学习样本与学习机器的自适应性问题的研究;
- [3] 江苏省普通高校研究生科研/实践创新计划项目 (KYLX15_0315): 遗传算法在航空发动机滚动轴承故障监测中的应用研究。