

# 基于遗传算法的 ARMA 模型定阶新技术

陈 果

(南京航空航天大学民航学院 南京 210016)

**摘要:** 针对时间序列分析与预测中最常见的 ARMA 模型的定阶问题, 在分析传统定阶方法缺点的基础上, 提出了用遗传算法确定 ARMA( $n, m$ )模型的自回归阶数  $n$  和滑动平均阶数  $m$  的新方法。首先由 ARMA 模型的预测值与实测值定义平均相对变动值(Average relative variance, ARV), 并根据其建立遗传算法的适应度函数; 然后选取适当的种群数、交叉效、变异率及进化代数; 通过迭代进化, 得到最优的 ARMA 模型。最后, 通过太阳黑子数验证了基于遗传算法的 ARMA 模型定阶新技术的有效性和实用性。

**关键词:** ARMA( $n, m$ )模型 定阶 遗传算法 预测

**中图分类号:** TP183 O329

## 0 前言

ARMA 模型<sup>[1]</sup>是系统辨识和预测的经典方法, ARMA 模型实际上是实际系统的输出等价模型。对于 ARMA( $n, m$ )模型, 当自回归阶数  $n$  和滑动平均阶数  $m$  确定后, 估计模型就比较简单了, 常用的算法有最小二乘法、U-C 法、马普算法和利弗逊(Levinson)法等。但是如何确定模型的阶数, 即  $n$  和  $m$  的值该取多少才是最合适的模型, 却是一个十分困难的问题。

ARMA 模型定阶实质上是模型适用性检验问题, 从理论上说, ARMA 模型成立的根本条件是残差序列  $\{a_t\}$  为白噪声, 因此, 模型实用性的最根本的检验准则应是检验  $\{a_t\}$  是否为白噪声, 这可以通过计算白噪声的自相关函数来确定, 但实际上很困难, 因为估计值与真值偏离往往很大。因此时间序列分析中发展了一系列准则和方法<sup>[1,2]</sup>以检验模型的适用性, 如 FPE 准则、AIC 准则、BIC 准则、F-准则和 Box-Jenkins 方法, 但这些准则均具有不同程度的局限性, 近年来, 许多专家和学者对如何确定 ARMA 模型的结构进行了深入研究, 又提出了许多新的准则和方法<sup>[2-7]</sup>, 与传统方法相比, 有了较大的改善。但是, ARMA 模型的定阶问题仍然未得到根本解决, 至今仍未找到一种通用的方法。

将遗传算法应用于 ARMA 模型定阶问题的求解, 试图从根本上解决 ARMA 模型的定阶问题。利用 ARMA 模型与实际模型在输出上等效的特点, 以直接反映模型预测值与时间序列实测值误差量的变

量作为遗传算法的适应度函数, 利用遗传算法的隐含并行性和强大的全局寻优能力, 通过迭代进化最终得到最优预测效果的 ARMA 模型。

## 1 ARMA 模型及各种定阶方法分析

### 1.1 ARMA( $n, m$ )模型简介

系统在运行过程中, 所产生的平稳随机信号, 通过转换、采样、量化后即可得到时间上呈先后顺序排列的序列, 即为时间序列。时间序列蕴涵了关于系统运行状态的信息。因此, 通过对时间序列建立数学模型, 可以实现对系统状态的辨识和对未来输出的预测。因此 ARMA 模型在机械故障预测、机械系统辨识和经济预测等各个领域均得到了充分应用。

( $n, m$ ) 阶自回归滑动平均(Auto-regressive moving-average)模型 ARMA( $n, m$ )可以表述为: 对于一个平稳的时间序列  $\{x_t\}$ , 可以建立一个线性差分方程

$$\begin{aligned} x_t - \phi_1 x_{t-1} - \phi_2 x_{t-2} - \cdots - \phi_n x_{t-n} = \\ a_t - \theta_1 a_{t-1} - \theta_2 a_{t-2} - \cdots - \theta_m a_{t-m} \end{aligned} \quad (1)$$

式中  $x_t$  ——时间序列,  $t=1, 2, \dots, N$

$\phi_i$  ——自回归参数,  $i=1, 2, \dots, n$

$\theta_j$  ——滑动平均参数,  $j=1, 2, \dots, m$

$a_t, a_{t-1}, \dots, a_{t-m}$  —— $m$  个两两独立的白噪声输入,

$$a_t \sim N(0, \sigma_a^2)$$

由此可见, 系统的特性凝聚为参数  $n, m, \phi_i$  ( $i=1, 2, \dots, n$ ),  $\theta_j$  ( $j=1, 2, \dots, m$ ) 中, 得到这些参数, ARMA 模型即确定, 即可用于系统辨识和状态预测。自回归模型 AR( $n$ )和滑动平均模型 MA( $m$ )为

ARMA( $n, m$ )模型的特例。

## 1.2 ARMA( $n, m$ )模型定阶准则和方法分析

在模型阶数  $n$  和  $m$  确定后, ARMA( $n, m$ )模型的其他参数便容易获得,常用的方法有最小二乘法、基于自相关系数的最小二乘法、Ulrych-Clayton 法、Levinson 法、Burg 法、Marple 法和长自回归模型法等。

但模型阶数  $n$  和  $m$  的确定却比较困难,目前还没有一种普遍适用的方法。关于 ARMA 模型的阶次确定问题,国内外学者进行了深入的研究,提出了许多准则和方法<sup>[1,2]</sup>,其中比较著名的有:FPE 准则、AIC 准则、BIC 准则和 F-准则等。Box 和 Jenkins<sup>[2]</sup>提出利用样本的自相关函数 SACF 和偏自相关函数 SPACF 的特性来确定模型结构, Tsay 和 Tiao<sup>[3]</sup>于 1984 年提出了利用扩展样本自相关函数 ESACF 方法来定模型阶数。上述准则和方法的突出缺点和不足之处是稳健性和适应性差,其中 FPE 准则和 Box-Jenkins 方法仅适用于 AR 模型; AIC、BIC 准则尽管适用于 ARMA、AR 和 MA 模型,但其需要人为事先给定模型阶数上界,而且在比较 AIC 和 BIC 准则值的过程中,存在局部最小值(即坑点),需要反复比较才能确定最佳模型; F-准则中采用统计方法无疑是非常繁琐的,作 F 检验时,还要预先选定置信度,因此不可避免地给阶带来很大的人为性, ESACF 方法中有时 ESACF 形成的零三角阵往往并不明显而很难确定。

近年来,许多专家和学者对如何确定 ARMA 模型的结构进行了深入研究,提出了一些准则<sup>[4]</sup>,利用这些准则进行 ARMA 模型结构辨识时,都要估计出所有可能模型结构的模型参数,计算量相当大。参考文献[5]根据 ESACF 方法获得 ARMA 模型的模式矢量,利用感知器算法确定多组训练样本的判别函数,并结合 AIC 和 BIC 准则来进行 ARMA 模型的结构识别,利用它进行模型辨识,首先需要计算 ESACF,然后还要估计多个判别函数值较大的模型结构的模型参数,再根据 AIC 和 BIC 准则选择最佳的模型结构。参考文献[6]研究了利用神经网络来确定 ARMA 模型的结构,建立了比较实用的基于神经网络的 ARMA 模型的自动建模与预测系统<sup>[7]</sup>,但运用神经网络来确定需要准备大量的样本,因此不易实现。

目前,广泛采用的是由美国威斯康辛大学吴贤铭教授提出的建模型方案<sup>[8]</sup>,其建模步骤为:选取 ARMA( $n, n-1$ )模型形式,从低到高,逐步升阶寻求适用的模型。如果已知所拟合的模型将是复杂的,则可采用 ARMA( $2n, 2n-1$ ),两步一跳的方案,先两步一跳地升阶,在获取实用模型后,再一步一步地

降阶,直至获得最低的适用模型为止。在建模型过程中,需要运用上述模型验证准则和方法。

由此可见, ARMA( $n, m$ )模型的建模比较繁琐,基本上属于试探或穷举搜索法,而且所依据的准则稳健性差,所以上述方法和步骤得到的 ARMA 模型不一定是最优的模型。有鉴于此,很有必要寻找其他定阶级准则和建模方法。

## 2 基于遗传算法的 ARMA 模型定阶方法

### 2.1 基本思路

遗传算法<sup>[9]</sup>是一种优化算法,它通过模拟生物适者生存的遗传进化原理来得到解空间的全局最优解。目前,遗传算法作为具有系统优化、适应和学习的高性能计算和建模方法日趋成熟,由于它具有天生的隐并行性和强大的全局搜索能力,已广泛应用于解决各工程应用中的优化问题。

将遗传算法运用于 ARMA 建模,对  $n$  和  $m$  进行优化,在  $n$  和  $m$  的解空间内,依据有效的适应度函数,通过全局搜索,最终得到最佳的 ARMA 模型。通过遗传算法建立 ARMA 模型,避免了传统方法的试探或穷举搜索,不仅大大减少计算时间,而且整个建模过程无需人工干预,提高了建模的自动化程度。

### 2.2 ARMA 模型的阶次 $n$ 和 $m$ 的编码方案

为了运用遗传算法对 ARMA( $n, m$ )模型的阶次  $n$  和  $m$  进行优化,首先需要将  $n$  和  $m$  进行编码,由于  $n$  和  $m$  均为整数,因此,可以对其进行二进制编码,设  $n$  和  $m$  均编码为  $B$  位二进制码,则每个个体的染色体长度为  $2B$  位,则构成的解空间大小为  $2^{2B}$ 。通常对于 ARMA 模型中的  $n$  和  $m$  值,可以编码成  $5 \sim 8$  位二进制码,即  $0 < n \leq 2^5$  或  $(2^8)$ ,  $0 < m \leq 2^5$  或  $(2^8)$ ,为了避免  $n$  和  $m$  为 0,可以规定在对  $n$  和  $m$  解码后,加上一个整数(如 1、5 或 10 等)得到新的  $n$  和  $m$  后再进行建模。

### 2.3 适应度函数的确定

适应度函数反映了个体对环境的适应情况,优良个体的适应度值往往比较大,而较差的个体往往比较小,因此根据轮转法进行选择时,则适应度大的个体被选中的机会就很大,从而被遗传到下一代的机会就多,而适应度小的个体被选中的机会就小,从而被淘汰。由此可见,适应度函数的选择非常重要。

对于 ARMA 模型,其是否合理,从理论上需要验证残差序列是否为白噪声,但这在实际中计算起来很困难以至无法实现。其他验证模型适应性的

准则, 可以作为遗传算法的适应度函数, 但是正如前面分析, 目前的准则均存在普遍适用性差的缺点, 因此将它们作为适应度函数, 必将很难保证遗传算法能搜索到最佳的 ARMA 模型。所以有必要寻找其他准则。

事实上, ARMA 模型从本质上来说, 它是实际系统的输出等效模型。因此模型是否正确、合理和有效, 依据“实践是检验真理的唯一标准”的道理, 可以从 ARMA 模型的外部表现来看, 即用建立的模型来进行时间序列的预测, 并将之与实测数据进行比较和验证, 并提出基于预测值与实测值比较结果的准则。利用该准则来作为判别 ARMA 模型的正确性, 显然更为合理。

在实际应用中, 对于实际测得的时间序列  $\{x_1, x_2, \dots\}$ , 可以利用其一部分数据(通常为前半)来建模, 而用另一部分数据(后半)来对所建模型进行验证。如果预测值与实测值相差越少, 模型越理想, 理想情况是预测值与实测值相等, 则达到完美预测。通常衡量预测值与实测值差别的变量采用平均相对变动值(Average relative variance: ARV)<sup>[10]</sup>, 其定义为

$$V_{AR} = \frac{\sum_{i=1}^N [x(i) - \hat{x}(i)]^2}{\sum_{i=1}^N [x(i) - \bar{x}]^2} \quad (2)$$

式中  $N$ ——比较数据个数  
 $x(i)$ ——实测数据值  
 $\bar{x}$ ——实测数据平均值  
 $\hat{x}(i)$ ——预测值

显然, 平均相对变动值  $V_{AR}$  越小, 也表明预测效果越好,  $V_{AR}=0$  表示达到了理想预测效果, 当  $V_{AR}=1$  时, 表明模型仅达到平均值的预测效果。由此可见, 此参数均可作为判别模型正确性的准则, 从而可以构造适应度函数。即

$$f(x) = \frac{1}{V_{AR}} \quad (3)$$

显然, 适应度函数越大, 表明预测效果越好, 这样就符合了遗传算法的运算规律。

#### 2.4 基于遗传算法的 ARMA 建模步骤

如图 1 所示, 基于遗传算法的 ARMA 建模步骤如下。

(1) 设定种群数目  $N$ , 种群数目太小, 遗传算法的性能将变得很差或根本找不出问题的解, 太大, 则会增加计算量, 使收敛时间增长, 种群数目一般取为 30~50 个。

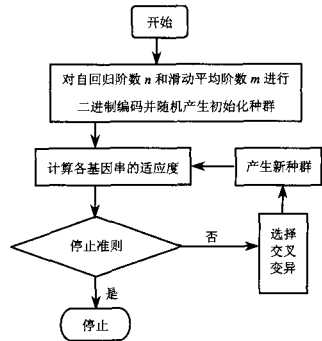


图 1 遗传算法流程图

(2) 对自回归阶数  $n$  和滑动平均阶数  $m$  进行二进制编码, 并随机产生初始种群。根据优化参数的取值范围, 将其量化值(用二进制串表示)编码成基因串  $a = \{a_0, \dots, a_{B-1}; a_{B+1}, \dots, a_{2B-1}\}$ , 其中  $a$  中的前  $B$  个量化值代表自回归阶数  $n$ , 后  $B$  个量化值代表滑动平均阶数  $m$ 。所以每个基因串长度为  $2B$  个 bit, 此时的搜索空间有  $2^{2B}$  个点。

(3) 对种群解码, 得到自回归阶数  $n$  和滑动平均阶数  $m$ , 根据 ARMA 建模方法(如长自回归模型法等), 计算每条基因串的适应度。

(4) 将适应度最大的个体, 即种群中最好的个体无条件地复制到下一代新种群中, 然后对父代种群进行选择、交叉和变异等遗传算子运算, 从而繁殖出下一代新种群其他  $N-1$  个基因串。通常采用转轮法作为选取方法, 适应度大的基因串选择的机会大, 从而被遗传到下一代的机会大, 相反, 适应度小的基因串选择的机会小, 从而被淘汰的机率大。交叉和变异是产生新个体的遗传算子, 交叉率太大, 将使高适应度的基因串结构很快被破坏掉, 太小则使搜索停止不前, 一般取为 0.5~0.9。变异率太大, 将使遗传算法变为随机搜索, 太小则不会产生新个体, 一般取为 0.01~0.10。

(5) 如果达到设定的繁衍代数, 返回最好的基因串, 并将其作为自回归阶数和滑动平均阶数, 算法结束。否则, 回到步骤(3)继续下一代的繁衍。

### 3 实例验证

为了验证基于遗传算法的 ARMA 定阶新技术的有效性, 选取 1700 年至 1987 年的太阳黑子数据

来进行试验,用前一半数据进行 ARMA 建模,用后一半数据来对模型进行检验。

遗传算法参数为:种群数  $N=30$ 、基因串(染色体)采用二进制编码,编码长度为 10 bit、交叉率和变异率分别取为 0.75 和 0.05、进化代数为 100 代。

图 2 为适应度函数最大值、适应度函数平均值、适应度函数最小值随遗传代数的增加的变化规律,从图中可以看出,经过 40 代进化后,适应度函数达到了最大值,得到了最优的自回归阶数  $n$  和滑动平均阶数  $m$ 。表中为 100 代进化后,按适应度函数值排列的前 10 个优化结果,其中最优的适应度值为 6.869,平均相对变动值为 0.146,自回归阶数为 6 和滑动平均阶数为 4。

表 按适值排列的 ARMA 模型前 10 个优化结果

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
适应度函数值	6.869	6.809	6.782	6.752	6.747	6.738	6.733	6.678	6.673	6.647
平均相对变动值 $V_{AR}$	0.146	0.147	0.148	0.148	0.148	0.149	0.149	0.150	0.150	0.151
自回归阶数 $n$	6	6	6	8	4	3	9	7	8	8
滑动平均阶数 $m$	4	3	2	4	5	5	0	1	2	1

为了进行比较,选取参考文献[6]和参考文献[2]中得到的用于预测太阳黑子数据的 ARMA(2,0)模型,通过计算得到其适应度函数值 4.419( $V_{AR}=0.226$ )。图 3 和图 4 分别为 ARMA(6,4)和 ARMA(2,0)对太阳黑子数据的预测值与实测值的对比。显然,从预测结果比较可以看出,ARMA(6,4)的预测效果比 ARMA(2,0)要好。这充分说明试验得到了比参考文献[6]和参考文献[2]更好的 ARMA 模型,从而也验证了基于遗传算法的 ARMA 模型定阶新技术的正确性和有效性。

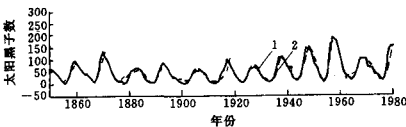


图 3 ARMA(6,4)模型的预测值与实测值的比较( $V_{AR}=0.146$ )

1. 测量值(实线) 2. 预测值(点划线)

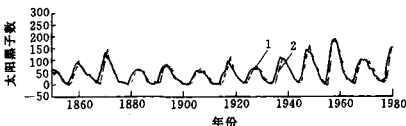


图 4 ARMA(2,0)模型的预测值与实测值的比较( $V_{AR}=0.226$ )

1. 测量值(实线) 2. 预测值(点划线)

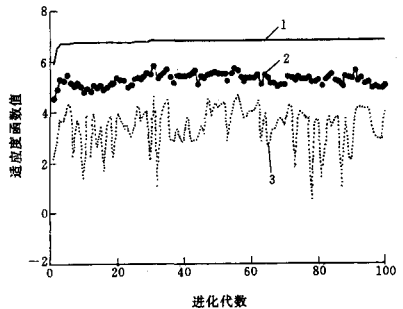


图 2 进化代数与适应度函数值的变化关系

1. 最大值 2. 最小值 3. 平均值

## 4 结论

(1) 分析了目前 ARMA( $n, m$ )定阶准则和方法及建模步骤的缺点所在;在此基础上,提出了运用遗传算法实现 ARMA( $n, m$ )模型建模的新思路,从而避免传统方法的试探或穷举搜索。

(2) 提出了基于模型预测值与实测值差别的模型适应性的判别准则,构造了反映 ARMA 模型预测能力的遗传算法适应度函数;对 ARMA 模型的自回归阶数  $n$  和滑动平均阶数  $m$  进行了二进制编码。

(3) 用太阳黑子数据对方法进行了验证,结果表明了算法的正确性和有效性。

## 参考文献

- 1 杨叔子, 吴雅. 时间序列分析的工程应用. 武汉: 华中理工大学出版社, 1991
- 2 Box G E P, Jenkins M. Time Series Analysis Forecasting and Control. Holden-Day Inc, 1976
- 3 Tsay R S, Tiao G C. Consistent estimates of autoregressive parameters and extended sample autocorrelation function for stationary and nonstationary ARMA models. Journal of the American Statistical Association, 1984(3): 79~79
- 4 Steve B, Cyril O. A comparison of box-jenkins and objective methods for determining the order of a non-seasonal ARMA model. Journal of Forecasting, 1994, 13: 419~434

- 5 Liang W, Libert G, Liu B. An Automation ARMA Model Identification System. In: International Conf. of Automation, Robotics and Computer Vision, Singapore, 1992: 93~99
- 6 胡代平, 刘豹. 利用神经网络确定 ARMA 模型的结构. 预测, 1998, 17 (4): 33~35
- 7 中国系统工程学会. 系统工程与可持续发展战略. 北京: 科学技术文献出版社, 1998
- 8 寇惠, 原增新. 故障诊断中的振动信号处理. 北京: 冶金工业出版社, 1989
- 9 Goldberg D. Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Reading, MA: Addison-Wesley, 1998
- 10 Cholewo T, Zurada J M. Sequential network construction for time series prediction. In: Proceedings of the IEEE International Joint Conference on Neural Networks, 1997: 2 034~2 039

## NEW TECHNIQUE FOR DETERMINING THE ORDER OF ARMA MODEL BASED ON GENETIC ALGORITHM

Chen Guo

(Civil Aviation College, Nanjing University of Aeronautics and Astronautics, Nanjing 210016)

**Abstract:** The problem of determining order of ARMA model is aimed at, based on the analysis to disadvantages of traditional approaches, a new method is put forward, which used genetic algorithm (GA) to determine the autoregressive orders  $n$  and moving-average orders  $m$  in ARMA  $(n, m)$  model. Firstly, average relative variance (ARV) is defined according to the value forecasted by ARMA model and the measured value by sensors, in term of which the fitness function for GA is established. Then, the fit parameters for GA such as population, crossover rate, mutation rate, evolved generations are selected. Finally, the optimum ARMA model is obtained after evolved generation by generation. In the end, the sunspot data is used to verify the effectivity and practicability of the new technique for determining the order of ARMA model based on Genetic Algorithm, which is brought forward.

**Key words:** ARMA $(n, m)$  model

Determining orders

Genetic algorithm Forecasting

**作者简介:** 陈果, 男, 1972 年出生, 副教授。主要从事状态监测与故障诊断、数据融合、图像处理与模式识别、信号分析与处理、机械振动等研究工作。发表论文 20 余篇。

E-mail: cgzyx@263.net

(上接第 40 页)

transmission. The selections of parameters between point-line meshing gear and involuted gear are different while designed. The closed picture of involuted gear can not be applied to that of the point-line meshing gear. The closed picture of point-line meshing gear relates to the number of teeth  $z_1$ ,  $z_2$  and the tool parameters, but it doesn't relate to center distance  $a$  and modulus  $m_n$ . The big gear's coefficient factor  $x_2$  and helix angle  $\beta$  are chiefly decided by the closed picture, and other parameters are accordingly decided then. It illustrates the meanings of curves

of the closed picture. It also illustrates that by designing different  $x_2$  and  $\beta$  the bears with different tooth profile, meshing angles, whole depths as well as the characters of meshing etc will be got. It also mentions the characteristics of point-line meshing gear and the abnormal graphs as well as their characteristics while choosing different tool's parameters with the sameness  $z_1$  and  $z_2$ .

**Key words:** Point-line gear Closed picture Parameter

**作者简介:** 罗齐汉, 男, 1962 年出生, 副教授, 博士研究生。主要研究方向为齿轮、机械设计和 CAD 等方面的研究。

E-mail: luqihan@163.com