

基于 3D 角度编码的量子遗传算法

钱国红 黄德才

(浙江工业大学计算机科学与技术系 杭州 310023)

摘要 为了充分利用量子态在算法中的量子特性,提高算法的搜索效率,减少存储空间,提出了一种基于 3D 角度编码的量子遗传算法。该算法将量子位描述为 3D 球面坐标下的一对相位角,充分利用了量子的空间运动特性,并引入一种自适应旋转角大小和方向的确定方案,从而进一步简化了染色体的更新和变异过程,而且使算法的量子特性、存储性能、时间性能都得到很大的提高。仿真结果表明,其在算法优化效率和搜索能力上都优于简单遗传算法和普通量子遗传算法。

关键词 三维空间,角度编码,量子遗传算法,量子旋转门

中图分类号 TP18 **文献标识码** A

Quantum Genetic Algorithm Based on Angle Coding of 3D

QIAN Guo-hong HUANG De-cai

(Department of Computer Science & Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023, China)

Abstract In order to make full use of the quantum characteristics of the quantum state in the algorithm, and improve the search efficiency, reduce storage space, a new quantum genetic algorithm called 3D-AQGA was proposed. The algorithm describes quantum bit as a pair of angles in 3D spherical coordinate, makes full use of the quantum space motion characteristics, and introduces a kind of adaptive scheme to calculate the rotation angle size and direction which not only makes the process of chromosome's update and variation simplified, but also improves quantum characteristics, storage properties and time performance of the algorithm greatly. The simulation results show that the efficiency of the algorithm and the search ability are superior to the simple genetic algorithm and common quantum genetic algorithm.

Keywords Three-dimensional space, Angle coding, GA, Quantum rotation gate

1 引言

量子遗传算法(Quantum Genetic Algorithm, QGA)是一种基于量子计算和遗传算法相结合的概率优化算法,由韩国学者 Kuk-Hyun Han 等人于 20 世纪末提出^[1]。与经典遗传算法(CGA)相比, QGA 具有很多性能优势:简单、易实现;种群规模小,却不影响搜索性能;具有更好的全局寻优能力和种群多样性;在进化的过程中,利用量子的多态性扩展解空间,用量子旋转门和量子非门实现更新和变异操作;利用量子塌缩原理实现量子态到定态的映射来得到最优解。

目前,国内外研究人员已经对量子遗传算法展开了大量的研究。文献[2-4]将量子遗传算法运用于组合优化问题,通过测量量子位的状态获得二进制解,这具有很大的盲目性和随机性,而且二进制编码对于连续优化问题需要频繁的编码、解码操作,严重降低了优化效率。文献[5]提出了一种实数编码量子进化算法,其采用实数编码的方式,避免了频繁的编解码过程。文献[6]提出了一种改进的混合量子遗传算法,其采用了自适应调整搜索网络策略来实现局部搜索。文献[7]提出了角度编码的概念,其利用量子比特在平面希尔伯特空间

极坐标表示形式来简化计算和存储过程,但没有充分考虑量子的动态运动行为,使得进化过程中量子的特性大大减弱。文献[8]提出了一种三倍体的量子遗传算法,该算法利用三条基因链来扩展寻优空间,较好地描述了量子的动态行为,但在实际应用中依旧存在计算效率低、存储空间大的问题。

针对上述存在的问题,提出了一种基于 3D 角度编码的量子遗传算法 3D-AQGA,该算法将优化问题的解空间映射到 3D 角度编码的解空间,采用一对相位角表示量子比特的方式来简化更新、变异操作,并引入了一种自适应的旋转角大小和方向的确定方案,动态调整转角大小,简单而有效地实现了进化过程“平坦处迈大步,陡峭处迈小步”的效果,加快了收敛速度,且避免了早熟收敛。最后通过理论分析证明了该算法的收敛性,并通过两个典型的函数优化问题进行了仿真实验,验证了 3D-AQGA 在寻优能力和计算效率上都有较大的改进。

2 3D-AQGA 的基本原理

2.1 3D-AQGA 的基因链编码方案

量子信息的最小单位是量子比特。它不但可以处于 0 态

到稿日期:2011-10-16 返修日期:2012-02-18

钱国红(1987-),男,硕士,主要研究方向为量子计算、人工智能;黄德才(1958-),男,博士,教授,博士生导师,主要研究方向为网络调度、人工智能、量子计算、数据挖掘等, E-mail: hdc@zjut.edu.cn(通信作者)。

或者 1 态,还可以处于 0 和 1 的线性叠加态,在 3D 球坐标空间中,一个量子比特的状态可以表示为:

$$|\phi\rangle = \cos(\theta/2)|0\rangle + e^{i\varphi} \sin(\theta/2)|1\rangle \quad (1)$$

式中, $\cos \frac{\theta}{2}$ 和 $e^{i\varphi} \sin \frac{\theta}{2}$ 是一对复数, $|\cos \frac{\theta}{2}|^2$ 和 $|e^{i\varphi} \sin \frac{\theta}{2}|^2$ 分别表示量子位处于 $|0\rangle$ 态和 $|1\rangle$ 态的概率,且满足归一化条件:

$$|\cos \frac{\theta}{2}|^2 + |e^{i\varphi} \sin \frac{\theta}{2}|^2 = 1 \quad (2)$$

满足式(2)的一对复数 $\cos \frac{\theta}{2}$ 和 $e^{i\varphi} \sin \frac{\theta}{2}$ 被称为一个量子比特对应的概率幅,因此量子比特可以用概率幅表示为 $[\cos \frac{\theta}{2}, e^{i\varphi} \sin \frac{\theta}{2}]^T$ 。

可以看出,在球坐标表示下,每一个量子位状态都与 3D 空间中的一个点相对应,而在球坐标上,任意一个点 P 都可以由一对角度 θ 和 φ 唯一确定,如图 1 所示。

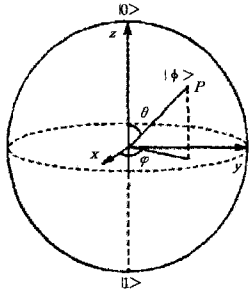


图 1 量子比特的球坐标表示

由图 1 可知,每个量子位状态都与球坐标上相应的点一一对应。因此,量子态可以由球坐标上相应点 P 的一对相位角 (θ, φ) 表示。所以,在 3D-AQGA 算法中,用量子比特的一对相位角的形式代替三角函数复数形式,构造出基于 3D 角度编码的量子染色体,具体方案如下:

$$q^i = \left[\begin{array}{c|c|c|c} \theta_{i1} & \dots & \theta_{ij} & \dots & \theta_{in} \\ \hline \varphi_{i1} & \dots & \varphi_{ij} & \dots & \varphi_{in} \end{array} \right] \quad (3)$$

式(3)表示第 t 代种群、第 i 条染色体, $i=1, 2, \dots, m; j=1, 2, \dots, n$ 。其中 m 是种群规模, n 是量子位数,即染色体长度, θ_{ij} 和 φ_{ij} 是相应染色体的第 j 量子位的相位角大小。在第 0 代种群时,本文采用随机的方式来初始化每条染色体,由图 1 可知, $\theta \in (0, \pi)$, $\varphi \in (0, 2\pi)$, 所以取 $\theta_{ij}^0 = \pi * \text{rand}$, $\varphi_{ij}^0 = 2\pi * \text{rand}$, rand 是 $(0, 1)$ 之间的随机数。在 3D-AQGA 中,将量子位的一对角度看作一对并列的基因,每条染色体包含两条由角度表示的并列的基因链,分别称之为 θ 链和 φ 链,并且每条链代表一个优化解。因此,每条染色体得到搜索空间的两个优化解分别为:

$$q_{\theta} = (\theta_{i1}, \theta_{i2}, \dots, \theta_{in})$$

$$q_{\varphi} = (\varphi_{i1}, \varphi_{i2}, \dots, \varphi_{in})$$

分别将 q_{θ} 和 q_{φ} 定义为优化问题的 θ 解和 φ 解。

上述的编码方式能够避免通过对二进制编码量子位的测量来生成二进制解所带来的随机性和盲目性,也能避免在求解连续优化问题时频繁的编码/解码过程,同时充分利用量子空间运动特性,可扩展对搜索空间的遍历,提高获得全局最优解的概率,并简化更新和变异操作。

2.2 解空间映射

记优化问题的第 j 个变量 $X_j \in [a_j, b_j]$, 染色体 P_i 第 j

个量子位为 $\begin{pmatrix} \theta_{ij} \\ \varphi_{ij} \end{pmatrix}$, 则量子位到 X_j 的解空间变换式为:

$$X_j^{\theta} = a_j + \frac{(b_j - a_j)\theta_{ij}}{\pi} \quad (4)$$

$$X_j^{\varphi} = a_j + \frac{(b_j - a_j)\varphi_{ij}}{2\pi} \quad (5)$$

式中, $i=1, 2, \dots, m; j=1, 2, \dots, n$ 。对于连续优化问题,每条染色体对应优化问题的两个解,分别在 $[0, \pi]^n$ 和 $[0, 2\pi]^n$ 尺度空间得到两个最优解 θ 解和 φ 解,然后利用式(4)、式(5)通过线性变换得到相应优化问题的解,可以看出,该方法把任何尺度空间的优化问题都映射到统一的空间来解决,具有很好的适应性。

2.3 染色体的更新机制

对于染色体的更新机制,最重要的环节之一是转角大小和方向的确定。文献[10]给出了一个转角大小的范围 $(0.005\pi, 0.1\pi)$,但是没有给出如何具体选择的依据。文献[11]给出了一种充分利用目标函数变化趋势的转角步长梯度函数来确定转角大小,但是梯度函数形式比较复杂,计算量比较大。本文充分利用 3D 角度编码的优势,并考虑了当代染色体和最有染色体的相关度,采用了一种自适应的动态调整策略。当基因链的适应度与相应全局最优解相差较大时,转角大小取值增大;当基因链的适应度与相应全局最优解相差较小时,转角大小变小。

具体转角调整方案如式(6)~式(9)确定:

$$\Delta\theta = \frac{w}{|w|} \theta_{\min} + w * (\theta_{\max} - \theta_{\min}) \quad (6)$$

$$w = \frac{f_{\max}^{\theta} - f_x^{\theta}}{f_{\max}^{\theta}} \quad (7)$$

$$\Delta\varphi = \frac{v}{|v|} \varphi_{\min} + v * (\varphi_{\max} - \varphi_{\min}) \quad (8)$$

$$v = \frac{f_{\max}^{\varphi} - f_x^{\varphi}}{f_{\max}^{\varphi}} \quad (9)$$

式中, θ_{\min} 是文献[10]给定的 $\Delta\theta$ 区间的最小值 0.005π , θ_{\max} 是相应区间的最大值 0.1π ; 同样 φ_{\min} 和 φ_{\max} 分别是 $\Delta\varphi$ 区间的最小和最大值。其中 f_{\max}^{θ} 是搜索到的最优个体的适应度, f_x^{θ} 是当前个体的适应度, w 是式(7)给定的由 θ 链确定的一个无量纲的跨度值, w 描述了当代染色体和全局最优解的差异。差异大,则 $\Delta\theta$ 角度大,能够更快地向全局最优解靠拢;差异小,则 $\Delta\theta$ 小,能防止跨过全局最优解。同样 v 是式(9)给定的由 φ 确定的一个无量纲跨度值。转角方向包含在转角大小的式(6)和式(8)中,当 $w/|w| > 0$ 时, θ 角旋转为正向,当 $w/|w| < 0$ 时,旋转角方向为反向, φ 角的旋转方向同样由 $v/|v|$ 确定。

因为采用 3D 角度编码方式,所以更新操作的量子旋转门由矩阵乘法简化为对应角度的加减法,如式(10)、式(11)所示:

$$\theta_i' = \theta_i + \Delta\theta_i \quad (10)$$

$$\varphi_i' = \varphi_i + \Delta\varphi_i \quad (11)$$

式中, i 表示第 i 个量子位, $\Delta\theta_i$ 和 $\Delta\varphi_i$ 是对量子位的旋转角度。

2.4 量子位变异处理

最后,引入染色体的变异操作。按照我们选定的变异概率 p_m 随机选择量子位,对选中的量子位进行量子非门变异,对应的角度 θ 和 φ 都变为 $\pi/2 - \theta$ 和 $\pi/2 - \varphi$ 。经过变异操作能够使得进化过程避免早熟收敛,增加种群多样性,提高找到

全局最优解的概率。

2.5 算法主要流程

Step1 种群初始化 确定种群规模 m 和量子位数 n , 按照式(3)随机产生 m 条染色体。设定染色体变异概率 p_m , 最大优化代数 N , 并置当前代数 $t=0$ 。

Step2 解空间映射 将每条染色体的对应空间转化到优化问题自身的尺度空间。

Step3 计算适应度 按照适应度函数评估每条染色体的两条基因链, 将最佳适应度对应的解记为当代最优解 BX , 将当代最优解 BX 赋值给 GX 作为全局最优解。

Step4 染色体更新 按照式(10)和式(11)的方案对每条染色体进行更新。

Step5 染色体变异 用 p_m 的变异概率选择量子位进行染色体的变异。

Step6 染色体评估 进行新染色体的解空间变换并计算适应度, 记当代最优解为 BX , 若 $fit(BX) > fit(GX)$, 则 $GX=BX$ 。

Step7 置 $t=t+1$, 若 $t > N$ 或者算法满足收敛条件, 算法结束; 否则, 转 Step4。

3 3D-AQGA 算法收敛性分析

3D-AQGA 的收敛性由以下定理给出。

定理 1 3D-AQGA 以概率 1 收敛到全局最优解。

证明: 由于 3D-AQGA 的迭代序列的解空间 Ω 是封闭连续的空间, 对于空间上的任意一点 $P \in \Omega$, 对于连续问题来说, 适应度函数在连续闭区域中必有最值。算法在执行的过程中, 种群规模是一定的, 而且种群是有限的, 同时整个进化过程中量子染色体的更新和变异操作能够保证当代序列 Q_{t+1} 仅与上一代序列 Q_t 相关, 因此迭代序列 $\{Q_t | t \in [0, G_{max}]\}$ 是有限齐次马尔科夫链。由于在算法中保存了每一代的最优染色体和最优解, 因此每一代的种群进化过程中都不会退化, 恒有 $fit(Q_{t+1}) > fit(Q_t)$ 。

参照文献[9], 给出 3D-AQGA 以概率 1 收敛的证明。由上面可知, 3D-AQGA 的迭代序列是有限齐次马尔科夫链, 所以算法的状态转移可以由马尔科夫链来描述。对于每条染色体携带 n 个量子位, 一共含有 m 条染色体的种群, 它的状态可以看作 $[0, 2\pi]^m$ 状态空间中的某一个点。我们定义 $best_k = \max\{fit(q_i^k) : i=1, 2, \dots, n\}$ 表示种群进化到第 k 个种群状态时的最佳个体, $s^* = \{best | \max\{fit(best_k = fit^*)\}\}$ 为全局最优解集, fit^* 为全局最佳适应度。令 $I = \{i | best_i \cap s^* = \emptyset\}$, Q_t^i 表示种群第 t 次迭代后处于状态空间中的第 i 个状态。下面计算随机过程 $\{Q_t | t \in [0, G_{max}]\}$ 经过一步迭代后由状态空间中第 i 个状态转化为第 j 个状态的转移概率 $P_{i(i \rightarrow j)} = P(Q_t^i \rightarrow Q_{t+1}^j)$ 。

(1) 当 $i \notin I, j \in I$ 时, 由于种群适应度单调不减, 因此 $P_{i(i \rightarrow j)} = 0$ 。

(2) 当 $i \in I, j \notin I$ 时, 由于种群适应度单调不减, 因此 $P_{i(i \rightarrow j)} \geq 0$ 。

设 $P_t(i)$ 为种群 Q_t 处于状态 i 的概率, $P_t = \sum_{i \in I} P_t(i)$, 由马尔科夫链的性质知, Q_{t+1} 处于状态 $j \in I$ 的概率为:

$$P_{t+1} = \sum_{i \in I} \sum_{j \in I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j) + \sum_{i \notin I} \sum_{j \in I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j)$$

又

$$P_t = \sum_{i \in I} \sum_{j \in I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j) + \sum_{i \in I} \sum_{j \notin I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j)$$

得到:

$$\sum_{i \in I} \sum_{j \in I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j) = P_t - \sum_{i \in I} \sum_{j \notin I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j)$$

$$0 \leq P_{t+1} = P_t - \sum_{i \in I} \sum_{j \notin I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j) + \sum_{i \notin I} \sum_{j \in I} P_t(i) P_t(i \rightarrow j) \leq P_t$$

所以:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P(\text{fit}(best_t) = \text{fit}^*) = 1 - \lim_{t \rightarrow \infty} \sum_{i \in I} P_t(i) = 1 - \lim_{t \rightarrow \infty} P_t = 1$$

因此 3D-AQGA 是以概率 1 收敛的。

4 实验及结果分析

为验证本文算法的有效性, 采用了两个典型的多峰函数作为仿真对象, 并将其与 3D-AQGA 与 CQGA、CGA 进行性能比较。两个仿真函数描述如下:

(1) Shaffer's F6 函数

$$F_1 = 0.5 - \frac{\sin^2 \sqrt{x^2 + y^2} - 0.5}{(1 + 0.001(x^2 + y^2))^2}$$

该函数中, $x, y \in (-100, 100)$, 是一个典型的多峰函数, 有无限个局部极大值, 该函数的全局极大值点为 $(0, 0)$, 对应的函数值为 1.000, 我们规定函数值大于 0.995 时, 算法收敛。函数如图 2 所示。

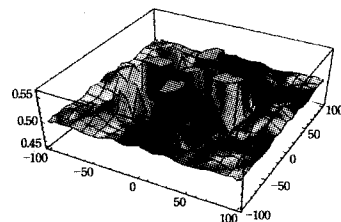


图 2 Shaffer's F6 函数图像

(2) Rastrigin 函数

$$F_2 = 20 + x^2 + y^2 - 10(\cos 2\pi x + \cos 2\pi y)$$

该函数中, $x, y \in (-2, 2)$, 函数包含多个局部极值点, 但只有唯一的全局最小值点 $(0, 0)$, 函数值为 0, 我们规定函数值达到 0.005 时, 算法收敛。函数如图 3 所示。

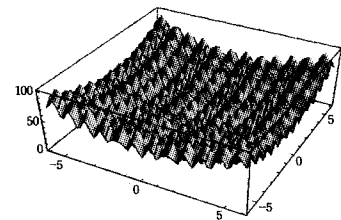


图 3 Rastrigin 函数图像

我们分别用 3D-AQGA、CQGA、CGA 对每一个函数独立优化 50 次, 将种群规模取为 50, 最大迭代次数 N 取为 500, 基因位的变异概率 p_m 取为 0.05, 其中 CQGA 每个变量占量子位长度为 20 位, CGA 的交叉概率取为 0.8, 其余参数都取默认值。

我们采用 Matlab7.0.1 对 3D-AQGA 进行实现和仿真, 分别统计了 3D-AQGA 和另外两种算法对两个函数做优化时的最优解、平均解、最差解、算法执行时间和收敛次数。性能和优化结果如表 1 所列。

表 1 仿真函数优化结果对比表

函数	算法	最优解	平均解	最差解	收敛次数	执行时间
Shaffer's F6	3D-AQGA	0.9998	0.9982	0.9935	47	0.0302
	CQGA	0.9964	0.9903	0.9901	23	0.3776
	CGA	0.9973	0.9889	0.9817	12	0.0517
Rastrigin	3D-AQGA	0.0000	0.0000	0.0005	50	0.0298
	CQGA	0.0000	0.0034	0.0097	41	0.3970
	CGA	0.0012	0.0049	0.0276	33	0.0921

从表 1 可以看出,3D-AQGA 的优化性能明显要比 CGA 和 CQGA 强很多。从上述实验结果可以分析得出,3D-AQGA 不仅仅在收敛次数方面要比 CQGA 和 CGA 多得多,该算法对两个函数几乎都达到了 100% 的收敛率,而且该算法在执行时间上要比另外两种算法快很多。其寻优能力强、收敛次数多是由于充分利用了量子特性,而在执行效率上优于 CQGA 和 CGA 是源于量子机制的并行性和 3D 角度编码方式带来的计算过程简化和解空间扩张。另外在优化能力上,该算法得到的最优解几乎达到理论上的全局最优解。同时值得一提的是,虽然 CQGA 的寻优性能较 CGA 好一些,但 CQGA 的计算时间要略长一些,这是由于 CQGA 计算过程中采用基于查找表的旋转角确认方案,该方案涉及多路判断,因此占用较多的时间。而本文的 3D-AQGA 采用的自适应的动态更新方案很好地解决了 CQGA 存在的这个问题。

结束语 在分析研究现有量子遗传算法的基础上,针对 QGA 存在的问题和不足,提出了一种新的量子遗传算法。3D-AQGA 充分利用了量子的三维空间运动特性,并以一对相位角度编码染色体,同时采取一种适合角度编码的动态自适应的更新方案,在避免算法陷入局部最优解和提高全局搜索能力上取得了不错的效果。仿真结果表明,3D-AQGA 是一种非常有效的寻优算法,在搜索能力和优化效率上较 CQGA 和 CGA 都有了很大的提高。但本文只在编码方式和染色体的更新策略上提出了改进方案,而量子遗传算法是一种

全新的优化算法,在算法本身和算法的实际应用领域都值得进一步研究。

参 考 文 献

- [1] Han K H, Kim J H. Genetic Quantum Algorithm and Its Application to Combinatorial Optimization Problem [C] // Proc. of IEEE Conference On Evolutionary Computation, San Diego, USA; [s. n], 2000; 1354-1360
- [2] Han K H, Park K H, Lee C H. Parallel quantum inspired genetic algorithm for combinatorial optimization problem [J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2001, 5(1): 1422-1429
- [3] Narayanan A, Moore M. Quantum inspired genetic algorithm [C] // IEEE International Conference on Evolutionary Computation. Piscataway, NJ, USA; IEEE, 1996; 61-66
- [4] Han K H, Kim J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization [J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2002, 16(6): 580-593
- [5] 覃朝勇, 郑建国, 朱佳俊. 一种实数编码量子进化算法及其收敛性[J]. 控制与决策, 2009(6): 854-863
- [6] 王宝伟, 王洪国, 刘乐, 等. 一种改进的混合量子遗传算法[J]. 计算机科学, 2008, 35(8): 112-115
- [7] 高颖慧, 沈振康. 角度编码染色体量子遗传算法[J]. 计算机工程与科学, 2009, 31(3): 75-79
- [8] 李世勇, 李盼池. 基于量子位 BLOCH 坐标的量子遗传算法及其应用[J]. 控制理论与应用, 2008, 25(6): 985-989
- [9] 李阳阳, 焦李成. 求解 SAT 问题的量子免疫克隆算法[J]. 计算机学报, 2007, 30(2): 176-183
- [10] 张葛祥, 李娜, 金炜东, 等. 一种新量子遗传算法及其应用[J]. 电子学报, 2004, 32(3): 476-479
- [11] 李士勇, 李盼池. 基于实数编码和目标函数梯度的量子遗传算法[J]. 哈尔滨工业大学学报, 2006, 38(8): 1216-1218
- [7] 侯志祥, 吴义虎, 袁松贵, 等. 基于 AEPSo 优化的神经网络多步预测控制[J]. 中南大学学报, 2007, 38(6): 1162-1168
- [8] Song Yong-xian, Zhang Han-xia, Gong Cheng-long, et al. Non-linear System Control Based on Multi-step Predicted and Neural Network Inverse[C] // Intelligent Computation Technology and Automation(ICICTA). 2010; 809-812
- [9] Suykens J A K, Lukas L, Vandewalle J. Sparse approximation using least squares support vector machine[C] // IEEE Int Symposium 071 Circuits and Systems. Geneva, 2000(1): 757-760
- [10] 蒋少华, 桂卫华, 阳春华, 等. 基于 RS 与 LS-SVM 多分类法的故障诊断方法及其应用[J]. 中南大学学报; 自然科学版, 2009, 40(2): 447-451
- [11] Suykens J A K. Nonlinear modeling and support vector machines [C] // IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference. Budapest, Hungary; Institute of Electrical and Electronics Engineers Inc., 2001; 287-295
- [12] 杨红, 罗飞, 许玉格, 等. 基于混沌优化的 LS-SVM 的非线性预测控制方法[J]. 计算机与应用, 2010, 46(5): 229-232
- [13] Bhat N V, Minderman P A, McAvoy J T, et al. Modeling chemical process systems via neural computation[J]. IEEE Control Systems Magazine, 1990(10): 24-30
- [14] 刘斌, 苏宏业, 褚健. 一种基于最小二乘支持向量机的预测控制算法[J]. 控制与决策, 2004, 19(20): 1439-1402
- [15] Nie J H, Lob A P, Hang C C. Modeling pH neutralization processes using fuzzy-neutral approaches[J]. Fuzzy Sets and Systems, 1996, 78(1): 5-22

(上接第 241 页)

表明,该方法可以很好地跟踪参考输入,并且对外加干扰有很好的抗干扰性。同时,与基于 LS-SVM 的逆系统的预测控制算法的对比,验证了 LS-SVM/PID 复合控制逆系统的预测控制算法具有较好的控制性能。因此,基于 LS-SVM/PID 复合逆系统的非线性系统预测控制方案是可行的。

参 考 文 献

- [1] Richaler J, et al. Model Predictive Heuristic Control: Applications to Industrial Processes[J]. Automatica, 1978, 14(5): 413-428
- [2] 席裕庚, 李德伟. 预测控制定性综合理论的基本思路和研究现状[J]. 自动化学报, 2008, 34(10): 1225-1234
- [3] Zheng Peng-yuan, Xi Yu-geng, Li De-wei. An Improved Robust Model Predictive Control Approach to Systems with Linear Fractional Transformation Perturbations[J]. International Journal of Automation and Computing, 2011, 8(1): 134-140
- [4] Wang Meng-ling, Li Ning, Li Shao-yuan. Model-based Predictive Control for Spatially-distributed Systems Using Dimensional Reduction Models [J]. International Journal of Automation and Computing, 2011, 8(1): 1-7
- [5] 宋夫华, 李平. 基于支持向量机 α 阶逆系统方法的非线性内模控制[J]. 自动化学报, 2007, 33(7): 778-781
- [6] Lv Guo-fang, Song Jin-ya, Liang-hua, et al. Inverse system control of nonlinear systems using LS-SVM [C] // Proceedings of the 26th Chinese Control Conference. Zhangjiajie, 2007: 233-236