

# 基于混沌免疫进化算法的聚类算法分析

杨久俊 邓辉文 滕 姿

(西南大学计算机与信息科学学院 重庆 400715) (西南大学逻辑与智能研究中心 重庆 400715)

**摘要** 结合免疫进化算法和混沌优化算法各自在数据空间搜索的优势,本文提出了一种新的基于混沌免疫进化算法的模糊 C-均值聚类算法。该算法实现了从全局到局部的两层领域搜索机制,且仿真结果表明,该算法有效地避免了通常聚类方法易出现的早熟现象,同时也具有较快的收敛速度和较高的准确度。

**关键词** 免疫进化算法,混沌优化,聚类分析

## Cluster Analysis Based on the Chaos Immune Evolutionary Algorithm

YANG Jiu-jun DENG Hui-wen TENG Zi

(Faculty of Computer & Information Science, Southwest University, Chongqing 400715, China)

(Research Center of Logic and Intelligence, Southwest University, Chongqing 400715, China)

**Abstract** This thesis introduces a new algorithm, which combines the data searching advantages of the immune evolutionary algorithm and the chaos optimization algorithm. This algorithm greatly enhances the local searching efficiency and the global searching performance. And the simulation shows that this immune evolutionary FCM algorithm not only can be used to avoid the prematurity, which usually occurs in the common cluster algorithm, but also has a more efficient convergence rate and accuracy.

**Keywords** Immune evolutionary algorithm, Chaos optimization, Cluster analysis

## 1 概述

聚类分析是一种无监督的学习方法,能够从研究对象的特征数据中发掘有用规则,因而是一种强而有力的信息处理方法,可以用于图像分割、模式识别、信号压缩、机器学习、雷达目标检测、生物工程、空间遥感技术等诸多领域。

在基于目标函数的聚类方法中,模糊 C-均值算法具有较强的局部搜索能力,并以其简单、快速的特点而被广泛应用。然而 C-均值聚类算法存在着初值敏感度高、易陷入局部极小值等缺点。近几年来,各种现代启发式优化算法,如模拟退火算法、遗传算法、粒子群算法、免疫算法等,被应用到模糊 C-均值聚类中并取得不错的效果。1992 年刘健庄等提出了基于遗传算法的 K-means 和模糊 C-均值聚类算法,但是基于遗传算法的聚类算法易出现早熟现象,2001 年刘静提出了免疫进化聚类算法,2003 年高坚将免疫机制引入到基于遗传算法的聚类方法之中。目前出现的免疫聚类算法很多都是基于遗传算法的聚类算法的改进。

人工免疫系统是借鉴生命科学中的免疫概念和理论而发展起来的新兴算法<sup>[1,2]</sup>,自 1986 年 Farmer 首次<sup>[3]</sup>将免疫机理和人工智能结合起来,免疫系统的诸多特征在工程领域已获得了广泛的应用。基于免疫进化计算的数据聚类问题的研究,是当前人工免疫系统研究领域、数据挖掘、模式识别领域的一个研究热点和难点,目前在国际国内很多应用于图像处理、入侵检测等众多领域。免疫进化算法具有抗原自动识别、特征抽取、抗体多样性、分布式检测以及学习、记忆等特征,它有效地利用了待求解问题中的一些有用信息,从而可以抑制优化过程中产生的“退化”现象,以跳出局部极小值的约束,迅

速把问题的最优解限制在一个较小的空间范围里,但在小空间内搜索到满意解的效果并不令人满意。

混沌优化算法利用混沌运动所具有的伪随机性、遍历性、规律性等特点,能在一定范围内按照自身的规律不重复地遍历每一个状态。混沌优化算法对初值敏感、易跳出局部极小点、搜索速度快和全局渐进收敛,优于其他一般的随机搜索。但其在搜索空间大时效果不显著。

本文结合免疫进化算法和混沌优化算法各自在数据空间搜索的优势,提出了一种新的基于混沌免疫进化算法的模糊 C-均值聚类算法,一方面使用抗体浓度抑制和抗体浓度与亲和度混合选择等多种方法达到抗体跳出局部极小值约束的目的;另一方面对抗体群中,利用混沌搜索的特点对种群进行微小扰动,从而实现了从全局到局部的两层领域搜索机制,仿真结果验证了该算法的有效性。

## 2 模糊 C-均值算法

模糊 C-均值算法(FCM 算法)是一种依据 Lagrange 最小二乘法原理采用迭代法最小化目标函数以获得数据划分的方法,把  $p$  维空间  $R^p$  中有限集  $X = \{x_i | x_i \in R^p, i = 1, 2, \dots, n\}$  分成  $c$  类 ( $1 < c < n$ ),它的目标函数定义如下:

$$J = \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^n u_{ij}^{\theta} \|x_j - x_i\|^2 \quad (1)$$

模糊分类矩阵为  $U = \{u_{ij} | i = 1, 2, \dots, c, j = 1, 2, \dots, n\}$ ,元素  $u_{ij}$  表示第  $j$  个数据点属于第  $i$  类的隶属度,满足

$$\sum_{i=1}^c u_{ij} = 1 \quad (2)$$

其中  $i = 1, 2, \dots, c, j = 1, 2, \dots, n, u_{ij} \in [0, 1], \theta$  为加权幂指数,  $\theta \in (1, +\infty)$ ,它是影响模糊分类矩阵的模糊度;聚类中心矩

阵  $V = \{v_i | v_i \in R^p, i=1, 2, \dots, c\}$ ,  $v_i$  为第  $i$  类的聚类中心。

将  $J$  分别对  $u_{ij}, v_i$  求导, 令导数为 0, 带入式(2)得到  $U, V$  的取值式:

$$v_i = \frac{\sum_{j=1}^n (u_{ij})^\theta x_j}{\sum_{j=1}^n (u_{ij})^\theta}, \forall i, i=1, 2, \dots, c \quad (3)$$

$$u_{kj} = \frac{1}{\sum_{i=1}^c \left[ \frac{\|x_j - v_k\|}{\|x_j - v_i\|} \right]^{2/(\theta-1)}}, \text{ if } \|x_j - v_k\| > 0 \quad (4)$$

$$u_{kj} = 1, \text{ if } \|x_j - v_k\| = 0$$

$$u_{kj} = 0, \text{ if } \|x_j - v_k\| = 0, j \neq i$$

$$j=1, 2, \dots, n; k=1, 2, \dots, c$$

FCM 算法是通过(3)、(4)式迭代不断调整  $U$  和  $V$ , 求使目标函数  $J$  最小化。

### 3 自适应混沌优化

本文用混沌系统的 Logistic 映射<sup>[4]</sup>:

$$\beta_k^{(k+1)} = u \times \beta_k \times (1 - \beta_k) \quad (5)$$

它是混沌空间上的一种满映射, 较其他混沌变量的混沌迭代方程使用方便, 计算量小,  $\mu$  为控制参数, 当取  $\mu = 4$  时系统完全处于混沌状态<sup>[5]</sup>。  $\beta_k = (\beta_{1k}, \beta_{2k}, \dots, \beta_{pk})$  是迭代  $k$  次的  $p$  维混沌向量, 利用(5)式可以生成混沌向量序列。

本文参考文献[6]方法, 使用:

$$x_{k+1} = (1 - \alpha)x_k + \alpha \times \beta_k \quad (6)$$

其中  $x_k = (x_{1k}, x_{2k}, \dots, x_{pk})$  是当前要进行混沌运算的染色体映射到  $[0, 1]$  区间后的向量,  $\beta_k$  是迭代  $k$  次后的混沌向量,  $x_{k+1}$  是施加了随机扰动后的混沌向量,  $0 < \alpha < 1$  可以实现自适应变化, 用于控制混沌向量对  $x_k$  的扰动程度, 在搜索初期希望变化大,  $\alpha$  较大, 随着搜索的进行变量逐渐接近最优解,  $\alpha$  也应该逐渐减小, 此处

$$\alpha = 1 - \left| \frac{t-1}{t} \right|^\omega \quad (7)$$

其中  $t$  为算法进化代数,  $\omega$  为整数根据目标函数而定, 本文中取 2, 本文中  $\beta_{i1} \in (0, 1)$  且  $\beta_{i1} \notin \{0.25, 0.5, 0.75\}$ ,  $i=1, 2, \dots, p$ 。

### 4 免疫系统原理

免疫系统内有大量带独特受体的初始抗体, 经抗原 Ag 物质刺激后, 经过选择、克隆扩增、克隆变异、骨髓产生新抗体、抗体死亡等过程抗体成熟产生亲和度高的抗体, 它进一步转化为浆细胞, 产生能与抗原发生特异性结合免疫球蛋白即抗体 Ab 以消灭抗原。本文将待求解的问题对应为抗原, 问题的可行解对应为抗体, 进化群体中较好的解对应记忆细胞。

### 5 自适应混沌免疫进化 FCM 聚类算法

#### 5.1 编码方式

在免疫进化聚类算法中, 可以采用抗体的编码方式有基于模糊分类矩阵  $U$  的和基于聚类中心矩阵  $V$  的两种编码方式, 基于模糊分类矩阵的编码方式中个体长度取决于聚类的样本数  $n$  和聚类数  $c$ , 基于聚类中心矩阵的编码方式中个体长度取决于聚类的样本的维数  $d$  (属性数) 和聚类数  $c$ , 而样本数  $n$  远大于聚类数  $c$ , 因此采用基于聚类中心矩阵的编码方式更为有效。

基于聚类中心矩阵的编码方式有二进制编码、浮点数编码、整数编码等, 本文采用浮点数编码, 一个抗体由  $c$  个聚类

中心组成, 即  $S = \underbrace{v_1 v_2 \dots v_j}_{d \uparrow} \underbrace{v_{d+1} v_{d+2} \dots v_{2d}}_{d \uparrow} \dots v_{c \times d}$  是长度为  $c \times d$  的浮点数码串。实数编码方式直接用原始变量来表示抗体, 这种表示方法自然直观, 并能节约存储空间, 加快运算速度<sup>[7]</sup>, 避免了采用二进制编码所导致的问题求解过程中频繁编解码、计算机精度与字符串长度、运算量之间的矛盾等缺陷。

#### 5.2 亲和度函数 aff

常见的亲和度函数构造方法有很多种: ①借助目标函数  $J$  构造亲和度函数, 例如:  $aff = \frac{1}{J + \tau}$ ,  $aff = \frac{1}{1 + e^J}$  等等,  $\tau, \eta$  取一给定常数, 此时亲和度函数取决于类内的离散度; ②先计算样本聚类结果的类内距和类间距, 再计算 Davies-Bouldin 聚类指标  $DB$  来计算个体适应度  $aff = \frac{1}{DB}$ <sup>[8]</sup>, 但是当样本数大时此种方式的计算代价比较大。本文采用如下形式定义亲和度函数,  $\tau$  取 1,

$$aff = \frac{1}{J + 1} \quad (8)$$

当目标函数越小, 抗体与抗原间的亲和度就越大。符合亲和度函数的设计要求: 单值、连续、非负、计算量小、通用性强。

#### 5.3 克隆选择

抗体种群大小  $M$ , 定义抗体群中的抗体浓度为抗体  $s_i$  与其相似的抗体在整个种群中所占比例, 即

$$D(s_i) = \frac{\sum_{j=1}^M dist(s_i, s_j)}{M}, i=1, 2, \dots, M \quad (9)$$

$$dist(s_i, s_j) = \begin{cases} 1 & \text{if } \|s_i - s_j\| \leq \delta n \quad i=1, 2, \dots, M \\ 0 & \text{other } j=1, 2, \dots, M \end{cases} \quad (10)$$

其中  $\delta$  为抑制阈值, 先找出种群中浓度最大的个体, 共  $q$  个, 这  $q$  个个体的浓度概率为

$$p_D = \frac{1-D}{M} \quad (11)$$

种群中其余每个个体的概率为

$$p_D = \frac{1}{M} \left( 1 + \frac{D^2}{1-D} \right) \quad (12)$$

亲和度概率

$$p_f = \frac{\text{种群中该抗体的亲和度}}{\text{种群中所有抗体的亲和度之和}} \quad (13)$$

仿照文献[9]中方法构造选择概率。

$$p = \alpha p_D + (1 - \alpha) p_f, 0 < \alpha < 1 \quad (14)$$

此种构造方法既使得亲和度高的抗体在种群中被保留, 又使得计算后期浓度过大的抗体得以抑制, 避免“早熟”。

#### 5.4 克隆变异

抗体群中任何个体都可能发生变异操作, 其本质是挖掘种群中抗体多样性, 实数型变异算子有很多种, 经过大量实验发现单点变异有较好的效果。对抗体群中每个抗体按照变异概率  $p_m$  随机选取抗体  $s = v_1 v_2 \dots v_w$  中的第  $i$  个分量  $v_i$  ( $i=1, 2, \dots, c \times d$ ) 执行单点变异操作,  $v_i$  变化范围是  $[v_{\min}, v_{\max}]$ , 变异后

$$v'_i = \begin{cases} v_i + \Delta(t, v_{\max} - v_i) & 0 < r \leq 0.5 \\ v_i + \Delta(t, v_i - v_{\min}) & 0.5 < r < 1 \end{cases} \quad (15)$$

其中  $\Delta(t, x) = x(1 - s^{(1-t/T)^b})$ , 均匀随机数  $s \in [0, 1]$ ,  $r \in [0, 1]$ ,  $T$  为最大进化代数,  $t$  为当前代数,  $b$  为系统参数, 本文取为 2。

#### 5.5 克隆抑制

抗体群中浓度高的抗体中的部分抗体将发生超变异,这样既可以丰富种群的多样性,又能抑制局部最小解过早地充斥整个种群,本文此处取抑制阈值  $\delta=0$ 。

### 5.6 克隆死亡

抗体群中亲和度低的抗体被随机产生的新抗体所代替。新抗体取值应在相应的变化范围内,抗体死亡率  $p_d$  一般取  $0.1 \sim 0.2$ 。

### 5.7 混沌优化

在选择操作中往往亲和度较大的抗体被选中多次,导致算法很快收敛到局部最优解,本文使用混沌扰动高亲和度抗体,使其跳出局部最优解。将混沌搜索算法应用于免疫进化算法中实现模糊 C-均值聚类算法,混沌操作可有不同使用方式:可以将混沌优化作用于总抗体群中用于免疫进化操作的那部分,也可作用于记忆池中的部分抗体,更可以用于总抗体中部分抗体。

本文中混沌优化用于总抗体群中亲和度高的部分抗体。首先,用选择种群中的部分亲和度高的抗体进行混沌优化;再将选出的每个抗体的各个分量  $v_i$  从解空间  $[v_{i\min}, v_{i\max}]$  映射到混沌空间

$$v'_i = \frac{v_i - v_{i\min}}{v_{i\max} - v_{i\min}} \quad (16)$$

按照(6)式对  $v'_i$  混沌迭代;然后将混沌优化后的每个分量再逆映射回解空间

$$v''_i = v_{i\min} + (v_{i\max} - v_{i\min})v'_i \quad (17)$$

具体算法操作如下:

Step1 数据初始化,设定模糊度  $\theta$ , 抗体群大小  $M$ , 计算精度  $\epsilon$ , 最大迭代代数  $T$ , 记忆种群率  $M_0$ ;

Step2 随机产生数据范围内、抗体数为  $M$  的初始抗体组成初始抗体群  $S_0$ , 当前迭代代数  $t=0$ ;

Step3 按照(1)、(8)式计算目标函数  $J(t)$  和亲和度函数  $aff(t)$ , 将亲和度最高的部分抗体组成记忆种群, 其大小为  $M_0 \times M$ ;

Step4 按照(3)、(4)计算新  $V$  组成新抗体群;

Step5 克隆超变异, 对抗体群执行克隆变异操作, 同时更新记忆种群;

Step6 使用克隆选择算子选择部分抗体进行混沌扰动优化, 更新记忆种群;

Step7 克隆抑制, 抑制抗体种群中浓度过高的部分抗体;

Step8 克隆死亡, 随机产生新的抗体取代抗体种群中亲和度低的等量抗体;

Step9 使用记忆种群中的优化整个种群  $S(t)$ ;

Step10 若  $t \geq T$  或者  $t \geq 2$  且  $|J(t) - J(t-1)| < \epsilon$ , 指定当代最优抗体为算法结果, 算法终止; 否则  $t = t + 1$  继续执行步骤 Step3-Step9。

## 6 实验结果

为了测试基于混沌免疫进化聚类算法的有效性, 本文使用 matlab7.0 用 FCM 算法和本文给出的算法分别对多组数据进行仿真计算。取模糊度  $\theta=2$ , 精度  $\epsilon=1e-6$ ,  $\alpha=0.8$ , 记忆种群比率  $M_0=0.2$ , 最大迭代代数  $T=100$ , 变异率  $p_m=0.8$ , 以下给出的四种数据集在重复实验 50 次的平均结果:

(1) 数据一: 文献[10]中所用的是某铁矿阳起石的 19 个 11 维样本, 聚类数为 5。种群规模  $M=100$ , 采用本文算法

重复实验 50 次, 平均迭代 18 次, 最少迭代 15 次, 每次均得到最小目标函数  $J=103.69$ , 最优分类为:  $\{1, 3, 4, 6, 7, 8, 11, 15\}, \{2, 16, 17\}, \{5, 18\}, \{9, 10, 12, 13\}, \{14, 19\}$ , 优于文献[10]中给出的  $J=160.24$ ; 而 FCM 聚类算法, 平均迭代次数为 34, 50 次中有 8 次陷入局部最优。

(2) 数据二: 文献[11]中所用的是变压器故障诊断的 20 个 6 维样本, 聚类数为 5。种群规模  $M=100$ , 采用本文算法重复实验 50 次, 平均迭代 8 次, 最少迭代代数仅 6 次, 每次均得到最小目标函数  $J=3.23$ , 实验发现文献[11]中给出的分类结果不完整, 本文算法得到最优分类为:  $\{1, 6, 9, 13, 14, 19\}, \{2, 12, 18, 20\}, \{3, 7, 10\}, \{4, 15, 17\}, \{5, 8, 11, 16\}$ 。表 1 中给出用 FCM 算法和本文算法聚类数据一和数据二的实验结果, 数据一、二都是随机分布的, 可见本文给出的算法对输入数据顺序较不敏感。

表 1

样本数据集	聚类算法	重复次数/次	平均迭代数/代	目标函数	最小值
数据一	FCM	50	34	42 次	103.67
	本文算法	50	18	50 次	103.69
数据二	FCM	50	18	38 次	3.23
	本文算法	50	8	50 次	3.23

(3) iris<sup>[12]</sup>数据集: iris 是目前使用最广、用于测试聚类的数据集之一, 它由 150 个 4 维样本组成, 整个样本包含 3 个种类 Setosa, Versicolor 和 Virginica, 一类能与其他两类较好分离, 其余两类有重叠。本文将使用 FCM 算法和本文给出的算法进行聚类, 并与文献[13]给出中的 FGA, GFGA, GKA 算法和文献[14]给出的 GGA 算法和人工免疫 C-均值聚类算法(AIFCMA)进行比较, 实验发现当种群规模较大时, 算法的收敛时间较长, 从表 2 可以看出本文算法在种群规模较小且迭代次数较小时就可以得到较优的结果(划斜杠的表示该数据在文献中没有提及)。比较图 1 中给出 iris 数据用 FCM 和本文算法计算时收敛曲线对比图, 由于本文给出的算法的全局搜索能力和局部搜索能力要优于 FCM, 因此它的收敛速度明显比 FCM 快。

表 2

数据集	聚类算法	种群规模/个	平均迭代次数	错误数	目标函数最小值
iris	FCM		22	16	60.576
	FGA[13]	50	100	52~59	/
	GFGA[13]	50	100	16	/
数据集	GKA[13]	50	100	17	/
	GGA[14]	20	/	/	60.582
	AIFCMA[14]	20	/	/	60.576
	本文算法	20	12	16	60.576

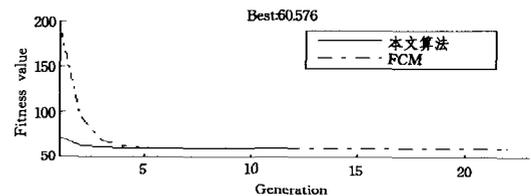


图 1

(4) glass<sup>[12]</sup>数据集: 该数据集包含 214 个 9 维样本数据, 分为 6 类, glass 数据集的属性数较大, 这 9 个属性分别为: 折射率, 钠、镁、铝、硅、钾、钙、钡、铁八种元素在氧化物中的含量。使用本文给出的算法对 glass 数据集进行聚类同样获得了较好结果, 下面给出本文算法和文献[14]比较结果, 采用与

文献[14]中同样的系统配置 P4 2.0GHz, 256MB 内存, Windows2000 操作系统和算法的结束条件:若种群中最优个体的适应值连续 50 代未得到改善,则算法结束。收敛速度、收敛精度比较如表 3 所示,本文算法收敛速度和收敛精度明显优于 GGA 和人工免疫 C-均值聚类算法(AIFCMA)。

表 3

Glass 数据集	聚类算法	种群规模 /个	最大迭代 数/代	平均收敛 时间/s	标准差	目标函数
						最小值
	GGA <sup>[14]</sup>	20	100	217.26	$1.770 \times 10^{-4}$	154.146
	AIFCMA <sup>[14]</sup>	20	100	225.79	$0.808 \times 10^{-4}$	154.146
	本文算法	20	100	136.25	$9.569 \times 10^{-10}$	154.146

**结束语** 本文将混沌优化算法和免疫进化算法相结合用于模糊 C-均值聚类中,实验验证新算法的收敛速度和准确度上有了比较大的改善。此种方法可以用于图像处理、入侵检测等诸多领域。

参 考 文 献

[1] 莫宏伟. 人工免疫系统原理与应用[M]. 哈尔滨:哈尔滨工业大学出版社,2002  
 [2] 肖人彬,王磊. 人工免疫系统:原理、模型、分析及展望[J]. 计算机学报,2002,25(12):1281-1293  
 [3] Farmer J D, Parkard N H, Perelson A S. The Immune System,

Adaptation, and Machine Learning. Physica D, 1986, 22  
 [4] 刘宗华. 混沌动力学基础及其应用[M]. 高等教育出版社, 2006: 23  
 [5] 李冰, 蒋慰孙. 混沌优化及其应用[J]. 控制理论与应用, 1997, 14(4):613-15  
 [6] 王子才, 张彤, 王宏伟. 基于混沌变量的模拟退化优化方法[J]. 控制与决策, 1999, 14(4):382-384  
 [7] 金聪. 函数优化中实数型遗传算法的研究[J]. 小型微型计算机系统, 2000, 21(4):371-375  
 [8] 行小帅. 基于免疫规划的 K-means 聚类算法[J]. 计算机学报, 2003, 26(5):605-610  
 [9] 高坚. 基于 C-均值和免疫遗传算法的聚类分析[J]. 计算机工程, 2003, 29(12):65-66  
 [10] 张维, 潘福铮. 一种基于遗传算法的模糊聚类[J]. 湖北大学学报, 2002, 24(2):101-104  
 [11] 刘韬. 人工免疫数据挖掘方法的分析与研究展望[J]. 计算机工程与设计, 2005, 26(12):3170-3173  
 [12] <http://archive.ics.uci.edu/beta>  
 [13] 董云影, 张运杰, 畅春玲. 改进的遗传模糊聚类算法[J]. 模糊系统与数学, 2005, 19(2):128-133  
 [14] 张雷, 李人厚. 人工免疫 C-均值聚类算法[J]. 西安交通大学学报, 2005, 39(8):836-839

(上接第 105 页)

4.2.2 算法的改进

采用杂交率  $P_c$  和变异率  $P_m$  自适应算法<sup>[2]</sup>,即在进化过程中根据种群的实际情况,随时调整大小。其具体做法为,当种群趋于收敛时,增大  $P_c$  和  $P_m$ ,破坏当前的稳定性,克服过早收敛;当种群个体发散时,减小  $P_c$  和  $P_m$ ,使个体趋于收敛。其调整公式如下

$$P_c = P_c^0 - \frac{1}{1 + e^{-\Delta f_1}}, P_c^0 \text{ 为初始杂交率}$$

$$P_m = P_m^0 - \frac{1}{1 + e^{-\Delta f_1}}, P_m^0 \text{ 为初始变异率}$$

$\Delta f_1 = c - \text{mean}f_1$ ,  $c$  为常数  $\text{mean}f_1$  为小于平均适配值的所有适应值的平均值。

4.3 诊断实例

4.3.1 改进的遗传 BP 网络的训练

取 BP 神经网络的故障诊断方法中的输入向量,输出向量和神经网络模型结构,误差为 0.001,通过训练得到图 5。

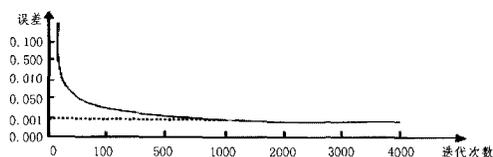


图 5 改进的遗传 BP 网络样本训练曲线

从图 5 我们可以看到,采用改进的遗传 BP 网络,样本训练的收敛速度明显变快了,只需要迭代 900 次左右。

4.3.2 诊断分析

取故障表 3 作为诊断的输入,以便与 BP 神经网络进行比较。输入的未知故障信号经网络的自动识别,诊断结果显示于表 5。

表 5 诊断结果

输出节点	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0.01	0.02	0.90	0.00	0.00	0.70	0.00	0.00	0.00	0.00
2	0.48	0.05	0.00	0.02	0.00	0.00	0.45	0.00	0.00	0.00
3	0.00	0.00	0.55	0.00	0.40	0.00	0.02	0.00	0.00	0.03

从表 5 的诊断结果可以看出故障信号 1 为不对中,故障信号 2 分别为不平衡和轴承座松动,故障信号 3 为不对中和轴裂纹。通过实际的检查,我们发现故障信号诊断结果与设备的实际故障情况完全相符。

**结束语** 经理论和实践证明:本文提出的基于改进的遗传 BP 网络故障诊断方法,有效地提高了 BP 网络训练速度、训练精度以及检验效果,有利于 BP 网络故障诊断实用化,为旋转机械故障诊断提供了有效方法。

参 考 文 献

[1] Hagan M T. Neural Network Design[M]. 北京:机械工业出版社,2002  
 [2] 吴浩扬,朱长纯,常炳国,等. 基于种群过早收敛程度定量分析的改进自适应遗传算法[J]. 西安交通大学学报,1999,33(11):27-30  
 [3] 沈庆根,郑水英. 设备故障诊断[M]. 北京:化学工业出版社,2006  
 [4] 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,2002  
 [5] 傅连东,付曙光,曾良才,等. 基于遗传神经网络的故障智能诊断方法及其应用研究[J]. 液压与气动,2007(4):65-67  
 [6] 杨丽芬,蔡之华. BP 神经网络优化算法研究[J]. 软件导刊,2007(3):106-108  
 [7] 佟刚,张国忠,苗君明. 基于遗传算法优化的神经网络及其在机械故障诊断中的应用[J]. 机械与电子,2006(6):13-15  
 [8] 岳玉梅,毛雅丽,王家庆. 高速旋转机械故障智能诊断系统的研究[J]. 沈阳建筑大学学报(自然科学版),2005,21(16):770-773  
 [9] Chang Z C, Chang T M. A method for intelligent fault diagnosis of rotating machinery[J]. Digital Signal Processing, 2004, 14: 203-217  
 [10] Samanta B, Al-Balushi A R. Artificial Neural Network Based Fault Diagnostics of Rolling Element Bearings Using Time-Domain Features[J]. Mechanical Systems and Signal Processing, 2003, 17(2):317-328