

文章编号 1000-5013(2003)02-0143-04

采用遗传算法实现时域模型降阶

郑力新 黄东海 周凯汀

(华侨大学信息科学与工程学院, 福建 泉州 362011)

摘要 提出一种基于遗传算法的时域降阶新方法, 它可以将高阶的模型降低为典型的二阶系统模型. 通过实际模型和目标模型在时间内的误差, 将模型的降阶过程转化为最小优化过程, 最优求解采用遗传算法. 在仿真软件包 Matlab 和 Simulink 的帮助下, 先确定遗传算法的搜索空间, 再建立模型匹配时间响应误差的自动汲取框图. 通过发挥遗传算法的优点和引入添加微变异种群等新策略, 使得求解具有智能、高效、准确的特点, 十分适合于工程应用.

关键词 模型降阶, 遗传算法, 二阶系统模型, 时间响应匹配

中图分类号 TP 275+.5 TP 13

文献标识码 A

模型降阶的常用方法为时间响应匹配法(简称时域法), 即通过求解与高阶模型时间响应相匹配的低阶模型来实现模型降阶. 参数求取常采用最小二乘法等, 且必须引入新的纯延时环节以协助实现模型匹配. 因此求解函数的非线性度大, 公式的推导和计算过程繁琐, 结果容易陷入局部最小点, 缺乏工程性. 本文提出了将遗传算法^[1]和时域法有机结合的新方法, 通过 Matlab 和 Simulink 专用功能的调用, 解决了方法实现的诸多技术问题. 该方法具有高效智能等特点, 而且结果十分理想, 这是目前时域模型降阶问题的良好解决方案.

1 模型降阶的任务及基本原理

典型二阶加延时系统, 是最为常用的工业控制系统. 其阻尼比大于 1 或小于 1 的系统, 可分别描述为

$$G_r(s) = K e^{-\tau} / (a^2 s^2 + 1)(a_1 s + 1), \quad a^2 > a_1, \quad (1)$$

$$G_r(s) = K a_1^2 e^{-\tau} / (s^2 + 2a_2 a_1 s + a_1^2), \quad a_2 < 1. \quad (2)$$

模型降阶过程可描述为, 从一个高阶的原始模型 $G(s)$ 出发, 找到一个行为与 $G(s)$ 相近的 $G_r(s)$ 模型. 也就是让高阶系统的时间响应数据与一个典型二阶系统的数据相匹配. 如果匹配误差小到一定要求, 则该二阶系统可视为高阶系统的降阶模型. 匹配误差 J 的判别尺度有多种^[1]. 本文具体采用的形式为

$$J = \int_0^{1.5 \times t_s} C(t) - C_r(t) dt,$$

其中 $C(t)$ 和 $C_r(t)$ 分别为 $G(s)$ 和 $G_r(s)$ 的单位阶跃响应函数, t_s 为过渡时间。

2 遗传算法设计及求解步骤

本文将模型降阶问题转化为下述优化问题, 即 $\min J = J(a_2, a_1, \tau), s. t. a_{1L} \leq a_1 \leq a_{1H}, a_{2L} \leq a_2 \leq a_{2H}, \tau_L \leq \tau \leq \tau_H$. GA 的染色体 X 由 3 个参数基因构成, 采用实数编码, 即 $X = [a_2, a_1, \tau]$, 评价函数用 J . 为了更好地实现高效的智能化降阶, 本文在常规遗传算法的基础上, 新开发了 3 点措施. (1) 自动合理地确定基因的搜索空间. 既然高阶模型将等效于一个二阶加延时模型, 不妨把它看成是一个二阶加延时的模型. 从单位时间阶跃响应中获得 GA 搜索空间. 阶跃响应由 Simulink 仿真获得, 参数的求取由 Matlab 编程实现. 当阶跃响应有超调量, 如图 1 所示. 其中 g 为斜率最大点, $G_r(s)$ 采用式(2). 于是, 预估参数^[8]为 $\hat{a}_2 = \frac{(\ln^2 \sigma\%)/(\pi^2 + \ln^2 \sigma\%) }{\tau}$, $\hat{a}_1 = \frac{\pi}{\tau} (t_p - T_d)$, $\hat{\tau} = T_d$. 在这种情况下, 遗传算法的搜索范围可定义为 $\hat{a}_{1L} = 0.5\hat{a}_1$, $\hat{a}_{1H} = 1.5\hat{a}_1$, $\hat{a}_{2L} = 0.5\hat{a}_2$, $\hat{a}_{2H} = 1.5\hat{a}_2$, $\tau_L = t_d$, $\tau_H = T_d$. 当阶跃响应无超调量, 如图 2 所示. 其中 g 为斜率最大点, $G_r(s)$ 采用式(1). 于是, 预估参数^[8]为 $0.5T_y$, $\hat{a}_2 = 1.5T_y$, $\hat{a}_1 < \hat{a}_2$. 在这样情况下, 遗传算法的搜索范围定义为 $\hat{a}_{1L} = 0.0$, $\hat{a}_{1H} = 1.5T_y$, $\hat{a}_{2L} = 0.5T_y$, $\hat{a}_{2H} = 1.5T_y$, $\tau_L = t_d$, $\tau_H =$

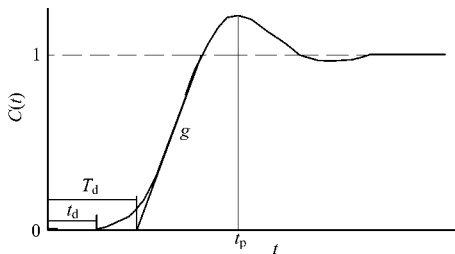


图 1 有超调系统的阶跃响应图

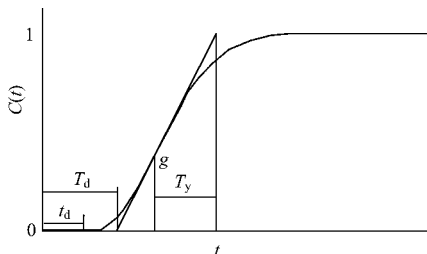


图 2 无超调系统的阶跃响应图

T_d . (2) 高效便捷确定染色体评价价值 J . 通过软接口, 将基因传递给如图 3 所示的 Simulink 仿真框图. 然后, 运行该框图, 再执行命令 $J = \text{IAE}(\text{length}(\text{IAE}))$, 即可自动获得. (3) 添加微变异种群提高求精能力. 在维持种群数不变的情况下, 腾出适当比例的人口数给微变异种群并传至下一代. 微变异种群的变异范围, 取为当代最佳染色体向左右两边拓展所得的数值空间(拓展系数记为 dither). 该空间将随最佳染色体的变化而变化, 但不允许超过优化模型定义的空间. 这样做, 既克服常规遗传算法局部求精能力弱的缺陷, 又较少算法的复杂性.

3 数值实验

为证明本方法的有效性, 本文进行了一系列数值实验, 限于篇幅, 仅以 3 个代表性例子说明. 算法参数皆为交叉率 0.6, 交异率 0.2, 最大世代数 100, 微变异范围 $\text{dither} = 0.2$, $M = 50$. 采用算术交叉和最优选择策略, 在 Pentium 微机上运行. 降阶模型(实线)与高阶模型(虚

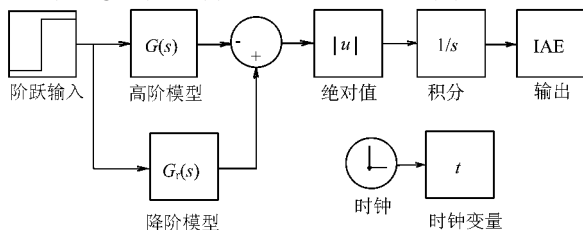


图 3 J 的 Simulink 汲取框图

线) 的比较, 如图 4~6 所示(幅值为 Y). 其中, ω 为 Nyquist 图频率范围上限, E 和 J_a 定义为

$$J_a = \frac{J}{1.5t_s \cdot K}, \quad E = \max_{i \in \{1, \dots, M\}} \left| \frac{G(j\omega) - G_r(j\omega)}{G(j\omega)} \right|, \quad \omega = i\omega/M.$$

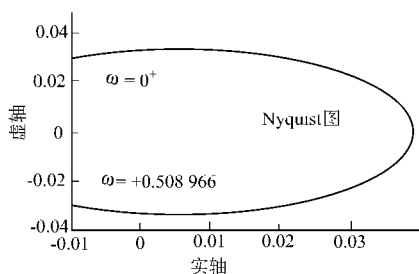
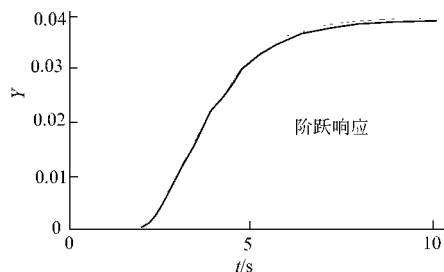


图 4 例 1 的单位阶跃响应与 Nyquist 图

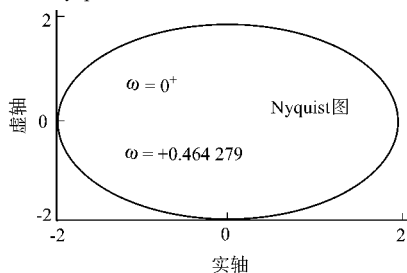
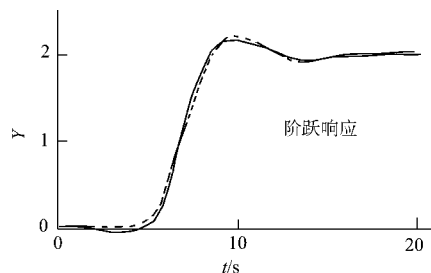


图 5 例 2 的单位阶跃响应与 Nyquist 图

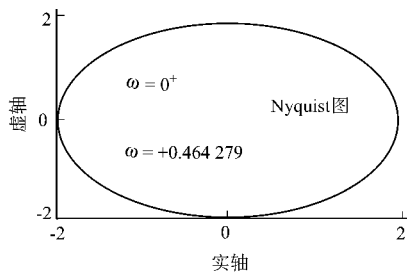
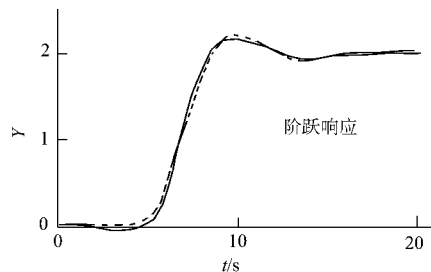


图 6 例 3 的单位阶跃响应与 Nyquist 图

下面试举 3 个例子加以说明。(1) $G(s) = 10(s+2)^{-8}$. 本例特点是无主次零极点之分, 无延时. 主要用于检验无超调的高阶系统的降阶效果, $\omega = 0.508\ 966$. 其结果为

$$G_r(s) = \frac{0.039\ 06}{1.047s^2 + 2.049s + 1} e^{-1.996\ 4s}, \quad E = 0.019\ 558, \quad J = 0.014\ 8.$$

(2) $G(s) = (2-s)(s^2+s+1)^{-2}(s+1)^{-2}e^{-2s}$. 本例特点是有延时, 有零点. 主要用于检验有超调的高阶系统的降阶效果, $\omega = 0.464\ 279$. 其结果为

$$G_r(s) = \frac{1.515}{s^2 + 1.122s + 0.757\ 3} e^{-5.007\ 6s}, \quad E = 0.009\ 566, \quad J = 0.020\ 9.$$

(3) $G(s) = (s^3 + 11s^2 + 36s + 26)(s^4 + 14.6s^3 + 74.96s^2 + 153.7s + 99.65)^{-2}$. 本例主要用于说明本方法的局限性, $\omega = 7.696\ 916$. 其结果为

$$G_r(s) = \frac{7.158}{s^2 + 7.849s + 27.44} e^{-0.840\ 348s}, \quad J = 1.541\ 5.$$

4 结束语

本文提出了一种新的基于遗传算法的智能时域模型降阶方法. 采用了新增微变异人口的策略, 算法的鲁棒性、准确性和收敛速率大大提高. 其搜索空间能自动设定, 有效克服了人为主观设计的盲目性. 它运用了 Matlab 和 Simulink 提供的丰富功能, 复杂代价函数的计算自动完成, 易适用于新的对象. 大量数值实验表明, 本方法是对目前现有时域方法的一次重要改进和提高. 值得一提的是, 当一些特殊的系统本质上不适合于用典型的二阶加延时模型等效时, 本方法虽然也能给出了相应的二阶模型, 但效果未必理想. 这时候应寻求更高阶或非典型的二阶系统(带零点)来实现, 宜采用分层遗传算法来寻求其最简的结构和参数. 虽然这已不属于本文的研究范畴, 但将是本文今后的研究方向.

参 考 文 献

- 1 Szczerbicka H, Becker M. Genetic algorithms: A tool for modeling, simulation and optimization of complex systems[J]. Cybernetics and Systems: An International Journal, 1998, 29: 639 ~ 659
- 2 Aguirre L A. Computer-aided analysis and design of control systems using model approximation techniques[J]. Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, 1994, 114: 273 ~ 294
- 3 Benjamin C K. Automatic control systems[M]. 3rd ed. New Jersey: Prentice Hall Inc., 1975. 279 ~ 281
- 4 吴捷. 计算机控制系统[M]. 广州: 广东科技出版社, 1995. 75 ~ 77
- 5 Gen M, Cheng Runwei. Genetic algorithms & engineering design[M]. New York: John Wiley & Sons Inc., 1997. 60 ~ 63

Realizing Reduction of Time Domain Model

by Adopting Genetic Algorithm

Zheng Lixin Huang Donghai Zhou Kaiting

(College of Info. Sci. & Eng., Huaqiao Univ., 362011, Quanzhou, China)

Abstract A new method based on genetic algorithm is presented for a time domain model to reduce order by which a model of higher order can be reduced into typical model of second-order system. By adopting error in time domain response between actual model and objective model, the model reduction process is transformed into minimal optimization process, which is solved by genetic algorithm. With the help of Matlab and Simulink as the simulation software package, the authors confirm firstly the searched space of genetic algorithm and set up secondly the block diagram of automatic acquisition for the error in time response of model matching. By giving play to strong point of genetic algorithm and leading in such new tactics as slight mutation group, the solving will be intelligent and efficient and accurate, and will be quite suitable for the application to engineering.

Keywords model reduction, genetic algorithms, second-order model, matching of time response