

# 基于改进差分进化算法的非线性系统 模型参数辨识\*

熊伟丽<sup>a,b</sup>, 陈敏芳<sup>b</sup>, 张乾<sup>b</sup>, 徐保国<sup>b</sup>

(江南大学 a. 教育部轻工过程先进控制重点实验室; b. 物联网工程学院, 江苏无锡 214122)

**摘要:** 针对非线性模型的参数估计寻优较为困难的问题, 提出一种基于改进的差分进化算法的非线性系统模型参数辨识新方法。通过引入一个自适应变异率, 随着迭代的进行自适应调整缩放因子, 从而在初期保持种群多样性以避免早熟, 并在后期逐步降低变异率, 保留优良信息, 避免最优解遭到破坏。交叉概率采用动态非线性增加的方法, 提高了收敛速度。为了验证算法性能, 针对几类典型的非线性模型参数辨识问题进行了仿真研究, 并将其应用于一类发酵动力学模型参数的估计中。结果表明改进算法的参数辨识精度高, 收敛速度也比较快, 有效提高了模型建立的精度与效率, 为解决实际系统中参数估计问题提供了一条可行的途径。

**关键词:** 差分进化算法; 非线性系统; 参数辨识; 发酵过程

**中图分类号:** TP18 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-3695(2014)01-0124-04

doi:10.3969/j.issn.1001-3695.2014.01.029

## Parameter estimation of nonlinear systems model based on improved differential evolution

XIONG Wei-li<sup>a,b</sup>, CHEN Min-fang<sup>b</sup>, ZHANG Qian<sup>b</sup>, XU Bao-guo<sup>b</sup>

(a. Key Laboratory of Advanced Process Control for Light Industry of Ministry of Education, b. School of Internet of Things Engineering, Jiangnan University, Wuxi Jiangsu 214122, China)

**Abstract:** Estimation of nonlinear regression model parameters is a tough searching problem, this paper proposed an improved differential evolution algorithm for nonlinear system model parameter identification method. It introduced an adaptive mutation rate to determine the scaling factor adaptively and avoid premature. At the other hand, it proposed a dynamic nonlinear increased crossover probability to improve convergence speed. It simulated for different model examples. The experimental results show that the improved algorithm is higher accuracy and faster convergence. At last, the new method was applied to a class of the fermentation kinetics model parameter estimation, effectively improved the accuracy and efficiency of the model, providing a feasible way to solve the problem of parameter estimation.

**Key words:** differential evolution system; nonlinear System; parameter identification; fermentation

### 0 引言

系统模型和模型参数估计是一切控制问题的基础, 但实际的工业过程几乎都是非线性的。目前, 线性系统的辨识已经很成熟, 存在着大量定义完善且十分有效的辨识模型及算法。然而线性化是一种数学的理想模式, 只是对实际系统的一个近似, 在特定情况下才可能有效。无论是理论上还是实际应用中, 非线性系统辨识都未达到完善, 因此, 非线性系统辨识成为重要的研究课题。非线性模型一般都比较复杂, 且不容易获得其参数估计。对于非线性系统模型的参数估计常见的方法有最小二乘法<sup>[1]</sup>和极大似然法<sup>[2]</sup>, 目前针对非线性模型参数估计问题还可以采用智能优化算法<sup>[3,4]</sup>, 如神经网络、遗传算法、粒子群算法<sup>[5]</sup>等。姜波等人<sup>[5]</sup>在2000年提出适用于多种非线性模型的基于遗传算法的参数估计方法, 但是遗传算法易陷入局部最小值, 不能处理噪声干扰等问

题。王凌等人<sup>[6]</sup>在2003年结合模拟退火的随机概率突跳性搜索和单纯形法的凸多面体几何搜索, 提出了非线性系统参数估计的一类有效搜索策略, 该算法抗噪声能力较强。吴亮红等人<sup>[7]</sup>在2005年针对非线性系统模型的多样性, 提出了基于复合微粒群优化算法的系统参数估计方法, 并对多种模型实例进行了仿真研究, 结果表明该算法对非线性模型参数估计是有效、可行的, 但结果还是不够精确。于文龙等人<sup>[8]</sup>在2010年提出了改进的微粒群算法的非线性系统模型参数估计。差分进化(differential evolution, DE)算法由Storn等人<sup>[9]</sup>提出, 该算法原理简单, 容易实现, 是一种基于种群并行随机搜索的进化算法。但是与其他进化算法一样, 标准DE算法也会陷于问题的局部最优点, 易造成算法早熟收敛。为了提高DE算法的搜索性能, 颜学峰等人<sup>[10]</sup>提出改进差分进化算法。该算法采用自适应变异算子, 使缩放因子在初期较大, 提高算法的全局搜索能力; 随着迭代次数增加, 缩放因子减小, 使算法在后期

**收稿日期:** 2013-04-19; **修回日期:** 2013-05-27 **基金项目:** 国家自然科学基金资助项目(21206053, 21276111); 中国博士后基金资助项目(2012M511198); 江苏高校优势学科建设工程资助项目(PAPD)

**作者简介:** 熊伟丽(1978-), 女, 河南洛阳人, 副教授, 博士, 主要研究方向为复杂工业工程建模及优化、智能优化算法(greenpre@163.com); 陈敏芳(1987-), 女, 浙江嘉兴人, 硕士研究生, 主要研究方向为智能优化算法; 张乾(1987-), 男, 河南南阳人, 硕士研究生, 主要研究方向为工业过程建模; 徐保国(1951-), 男, 江苏淮安人, 教授, 博导, 主要方向为过程控制、智能仪表及现场总线网络。

有较强的局部勘探能力。DE 算法搜索性能对参数具有一定依赖性,针对交叉概率控制全局搜索和局部搜索能力的平衡问题,Ali 等人<sup>[11]</sup>提出动态非线性增加交叉概率的方法,较好地让全局搜索能力和局部搜索能力得到平衡,使算法快速收敛到最优解。本文融合了变异率和交叉概率两种改进策略的优点,提出一种新的改进方法,对两类非线性模型进行数值仿真,并在一类发酵过程中进行参数估计。

### 1 问题描述

参数辨识<sup>[12]</sup>是在一定的系统输入下,根据系统输出与实际采样数据,通过对目标函数的优化来获得参数估计值。其实质是将模型参数估计问题转换为非线性函数优化问题。传统的优化方法难以求解,因此,本文利用改进差分进化算法实现对非线性模型参数的估计。非线性模型的一般描述形式为

$$y(t) = f(x, \theta) + e, e \sim N(0, \sigma^2) \quad (1)$$

其中: $y(t)$ 为系统输出; $x$ 为系统输入; $\theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_k)$ 为待辨识参数; $e$ 是均值为 0、方差为  $\sigma^2$  的白噪声; $f$ 是一个非线性函数,可以为传递函数、状态空间或 ARMA 模型等。模型参数辨识的原理如图 1 所示。



图1 模型参数辨识原理

## 2 差分进化算法

### 2.1 DE 算法原理

DE 是一类基于群体智能的随机优化算法,常用于解决复杂实数空间内的优化搜索问题。DE 算法简单且实用,本质上是一种基于实数编码的贪婪遗传算法,具有记忆个体最优解和种群内信息共享的特点。其基本原理是:从某一随机产生的初始种群开始,通过把种群中任意两个个体的向量差加权后按一定的规则与第三个个体求和来产生新个体,然后将新个体与当代种群中某个预先决定的个体相比较,如果新个体的适应度值优于与之相比较的个体适应度值,则在下一代中就用新个体取代旧个体,否则旧个体仍保留下来,通过不断迭代计算,保留优良个体,淘汰劣质个体,引导搜索过程向最优解逼近,直到满足精度要求或停止条件。DE 算法的基本步骤如下:

a) 初始化种群。在可行解空间内按式(2)随机产生初始种群。

$$x_i(0) = x_i^l + \text{rand}() \times (x_i^u - x_i^l) \quad i = 1, 2, \dots, NP \quad (2)$$

其中,  $x_i(0)$  为第 0 代种群中的第  $i$  个个体;  $\text{rand}()$  为  $[0, 1]$  区间上的随机数;  $x_i^u, x_i^l$  分别为个体的上下边界;  $NP$  为种群大小。

b) 变异操作。DE 通过差分策略实现个体变异,即随机选取种群中两个不同的个体,将其向量差缩放后与待变异个体进行向量合成。对于第  $t$  代种群中每一个体矢量  $x_{r1}(t), x_{r2}(t), x_{r3}(t), r1, r2, r3 \in \{1, 2, \dots, NP\}$  为互不相同的整数,按照式(3)对  $x_i(t)$  进行变异操作:

$$v_i(t+1) = x_{r3}(t) + F \times (x_{r1}(t) - x_{r2}(t)) \quad (3)$$

其中: $F$ 为变异缩放因子,  $x_{r1}(t) - x_{r2}(t)$ 为差分向量。

c) 交叉操作。对于第  $t$  代种群中的每一个个体矢量  $x_i(t)$ , 将其与变异个体  $v_i(t+1)$  进行交叉操作,产生新个体  $u_i(t+1)$ :

$$u_i(t+1) = \begin{cases} v_i(t+1) & \text{rand}(j) \leq CR \text{ or } j = k \\ x_i(t) & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4)$$

其中: $CR$ 为交叉概率因子,  $x_{ij}(t)$ 表示第  $t$  代种群中第  $i$  个个体的第  $j$  维分量;  $\text{rand}(j) \in [0, 1]$  为第  $j$  维对应的随机数;  $k$  为第  $i$  个个体对应的系数,一般是从序列  $[1, 2, \dots, D]$  中随机选择的一个整数,用来确保  $U_i(t+1)$  中至少有一维分量来自变异个体  $v_i(t+1)$ 。

d) 选择操作。使经过变异与交叉操作后生成的新个体  $u_i(t+1)$  与第  $t$  代群体中目标矢量个体  $x_i(t)$  进行竞争,选择适应度值较优者进入下一代,对于最小化问题,当且仅当实验个体  $u_i(t+1)$  的适应度优于目标个体  $x_i(t)$  时,  $u_i(t+1)$  被选做子代,替换原来的  $x_i(t)$ , 否则  $x_i(t)$  被保留到下一代。选择操作如下:

$$x_i(t+1) = \begin{cases} u_i(t+1) & \text{if } f(u_i(t+1)) < f(x_i(t)) \\ x_i(t) & \text{otherwise} \end{cases} \quad (5)$$

其中: $f$ 为适应度函数,  $f(u_i(t+1))$ 为实验个体  $u_i(t+1)$  对应的适应度值。

### 2.2 改进差分进化算法

DE 算法虽然简单实用,但由于其不能有效地利用局部信息,因此容易陷入局部最优,存在早熟收敛现象,求得的全局次优或最优解的概率和精度也不是很高。为了改善搜索性能,需要对 DE 算法作进一步改进。为此,本文在 DE 算法的变异操作上作了一定的修正,引入一个自适应变异率  $\lambda$ , 根据算法的搜索进展情况,自适应地确定变异率;同时,交叉概率  $CR$  的值对种群多样性和收敛速度起决定性作用,当  $CR$  的值相对较高时,可以增加种群多样性并且提高收敛速度。因此在交叉操作上,采用  $CR$  动态非线性增加的方法。本文结合上述两种改进策略,在自适应确定变异率的同时,动态增加交叉概率,定义该算法为 MCDE (mutation cross differential evolution) 算法。这样,在算法初期可以保持种群多样性避免早熟收敛,随着算法进展逐步降低变异率使种群中的优秀个体免遭破坏,增加了搜索到全局最优解的概率;另一方面,交叉概率动态非线性增加提高了收敛速度。 $\lambda$  和  $CR$  的表示方法如下:

$$\lambda = e^{(1 - \frac{T}{T+1-\tau})} \cdot M = F_0 \times 2^\lambda \quad (6)$$

$$CR = CR_{\max} + (CR_{\min} - CR_{\max}) \times (1 - \frac{\text{count}}{\text{gen}_{\max}})^k \quad (7)$$

其中: $T$ 是最大迭代次数; $t$ 是当前迭代次数; $F_0$ 是变异参数。在算法初期,当  $t = 1$  时,  $\lambda = 1$ , 使变异率  $M = 2F_0$ , 具有较大的变异率,从而在初期保持个体的多样性,避免早熟;随着算法的进行,迭代次数增加,  $\lambda$  逐渐减小从而变异率  $M$  也随之减小并逐渐靠近  $F_0$ , 使最优解免遭破坏。在式(7)中,  $\text{count}$  为当前迭代次数,  $\text{gen}_{\max}$  是最大迭代次数,经过多次的仿真实验,  $CR$  的理想参数设置为  $CR_{\max} = 0.85, CR_{\min} = 0.5, k$  则取 4 适当。

改进的差分进化算法步骤如下:

a) 初始化算法的参数,包括变异参数  $F_0$ , 交叉率  $CR_{\min}, CR_{\max}$ , 种群数量  $NP$ , 最大迭代次数  $T$  等。

b) 随机产生  $NP$  个解向量。

$$x_i(0) = x_i^l + \text{rand}() \times (x_i^u - x_i^l) \quad i = 1, 2, \dots, NP$$

c) 计算算法初始代每个个体的适应度  $F_i(0)$ , 得到最优适应值  $F_{\text{best}}$  和最优个体  $X_{\text{best}}$ 。

d) 引入参数  $\lambda$ , 按式(6)计算变异率, 按式(7)计算交叉概率, 并用式(3)实现变异。

e) 根据交叉公式(4)对第  $t$  代种群  $\{x_i(t)\}$  及其中间变量  $\{v_i(t+1)\}$  进行个体交叉操作得到  $\{u_i(t+1)\}$ 。

f) 采用贪婪公式(5)进行选择操作, 选择进入下一代种群的个体  $x_i(t+1)$ 。

g) 对第  $i$  个个体比较  $F_{best} = F_i(t)$ , 若  $F_i(t) < F_{best}$ , 令  $F_{best} = F_i(t), X_{best} = x_i(t)$ 。

h) 令  $t = t + 1$ , 转步骤 d) 重复上述步骤, 若达到最大迭代次数  $T$ , 则终止迭代。

其算法流程如图2所示。

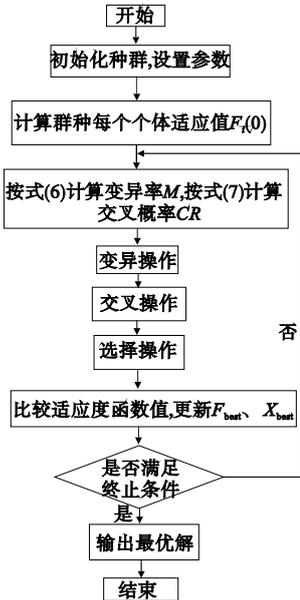


图2 改进差分进化算法流程图

### 3 仿真实验及结果分析

为了验证差分进化算法对非线性定常系统参数辨识的有效性, 本文选取了两个模型进行仿真研究。

模型1 二阶惯性环节加纯时延的传递函数模型如式(8)所示, 输入信号为单位阶跃信号, 待辨识参数为比例系数  $K$ , 惯性系数  $T_1, T_2$  和延迟系数  $\tau$ 。仿真实验中, 先把模型用零阶保持器法进行离散化处理, 得到等价的离散方程式, 然后进行迭代计算。采样周期设为  $0.1\text{ s}$ , 采样个数为  $50$ , 各个参数的搜索范围为  $0 \leq k \leq 2, 0 \leq T_1 \leq 4, 0 \leq T_2 \leq 2, 0 \leq \tau \leq 2$ 。

$$\frac{y(s)}{u(s)} = \frac{k}{T_1 s^2 + T_2 s + 1} e^{-\tau s} \quad (8)$$

模型2 Hammerstein 模型如式(9)所示, 待辨识参数为  $a_1, a_2, b_0, b_1, c_1, r_1, r_2, r_3$ 。仿真实验中, 输入信号为信噪比  $0.2$  的白噪声, 采样个数为  $50$ , 参数的搜索范围为  $[-2, 2]$ 。

$$\begin{cases} A(q^{-1})y(k) = B(q^{-1})x(k) + C(q^{-1})w(k) \\ x(k) = f(u(k)) = u(k) + 0.5u^2(k) + 0.3u^3(k) + 0.4u^4(k) \\ A(q^{-1}) = 1 - 1.5q^{-1} + 0.7q^{-2} \\ B(q^{-1}) = q^{-1} + 0.5q^{-2} \\ C(q^{-1}) = 1 + 1.5q^{-1} \end{cases} \quad (9)$$

仿真实验中, MCDE 算法的各个参数设置为: 种群大小  $NP = 40$ , 变异  $H$  率算子  $F_0 = 0.3$ , 交叉概率  $CR_{max} = 0.85$ ,  $CR_{min} = 0.5$ , 模型1的迭代次数为  $200$ , 模型2的迭代次数为  $1200$ , 分别对两个模型进行  $50$  次随机仿真, 把模型1结果与

文献[5]进行比较, 把模型2的结果与文献[13]进行比较, 统计得到平均结果如表1和2所示。

表1 模型1 参数估计结果

比较项	参数			
	$k$	$T_1$	$T_2$	$\tau$
真值	1	1	2	1
文献[5]估计值	1.000	0.999	1.997	1
MCDE 估计值	1.000	0.998	2.001	1

表2 模型2 参数估计结果

比较项	参数							
	$a_1$	$a_2$	$b_1$	$b_2$	$c_1$	$r_1$	$r_2$	$r_3$
真值	-1.5	0.7	1.0	0.5	1.5	0.5	0.3	0.1
文献[11]估计值	-1.4971	0.7006	0.8821	0.4462	0.2585	0.5708	0.3808	0.1073
MCDE 估计值	-1.5000	0.7000	0.9983	0.5000	1.5017	0.5001	0.3016	0.1800

从表中数据可知, 用改进差分进化算法估计的模型参数与真实值非常接近, 结果精确度较高。但是模型2参数的估计还存在一定的误差, 对非线性参数  $r_3$  的估计精确度没有其他参数高。图3为模型2的五个线性参数辨识的结果输出, 图4为模型2的三个非线性参数辨识的结果输出。可以看出, 线性参数估计经过  $180$  代左右就能辨识出来且已经趋于稳定, 非线性参数估计需要  $210$  代左右可以辨识出结果。图5为模型2的真实输出与估计模型输出的结果比较, 两条曲线几乎重合。图6为模型2的真实输出与估计输出的偏差, 可以看到随着迭代次数增加, 偏差的变化范围从  $[-2 \times 10^{-12}, 0.5 \times 10^{-12}]$  逐渐减小, 最后在  $[-1 \times 10^{-12}, 0.5 \times 10^{-12}]$  范围里振荡变化, 更精确地区分图5的两条曲线, 因此改进的差分进化算法对非线性模型的参数估计结果是精确的。

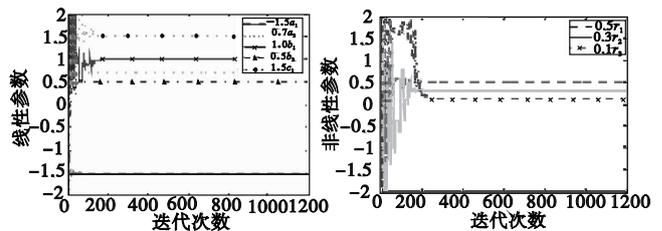


图3 模型2线性参数辨识结果 图4 模型2非线性参数辨识结果

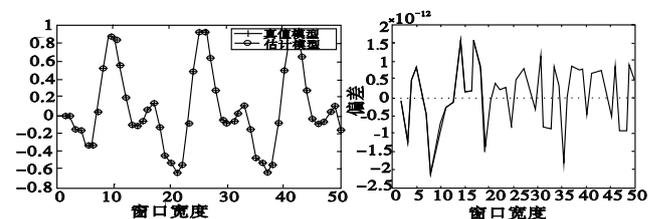


图5 模型2真值与估计值在同输入下输出结果比较 图6 模型2真值与估计值的偏差曲线

### 4 差分进化算法在生物发酵过程中的应用

本文以文献[15]中采用的谷氨酸菌体生长模型参数优化辨识为例, 进一步验证差分进化算法对非线性模型参数辨识的性能。菌体种子接入发酵罐以后, 就在罐内按自然规律生长繁殖, 在整个发酵期间, 若无杂菌和噬菌体的侵袭, 罐内外没有大规模菌体迁移, 菌体在发酵罐内的自然生长繁殖可以用 Verhulst 方程来描述:

$$\frac{dy(t)}{dt} = ry(t)(1 - y(t)/k), y(0) = y_0 \quad (10)$$

在工业生产的实际过程中, 鉴于接入发酵罐中的菌体有一个适应环境的过程, 菌体的增殖有一段时间的滞后  $\tau$ , 因此, 上式可改写为

$$\begin{cases} y(t) = y_0 & 0 \leq t \leq \tau \\ \frac{dy(t)}{dt} = ry(t)(1 - y(t)/k) \end{cases} \quad (11)$$

对上述微分方程求解可得

$$y(t) = k / (1 + e^{-at}), y_0 = k / (1 + e^a) \quad (12)$$

式(12)为谷氨酸菌体的生长模型,其中  $y(t)$  为菌体浓度,  $t$  为菌体生长时间,  $r, a, k$  为待定模型参数。

本文用差分进化算法对生长模型的参数  $r, a, k$  进行优化辨识,目的就是要确定菌体生长模型中的模型参数,使得模型的实际观测值与估计值有较高的拟合度。改进差分进化算法的参数取值为:维数  $D=3$ ,种群规模  $NP=20$ ,变异率  $F_0=0.3$ ,交叉概率  $CR_{\min}=0.5, CR_{\max}=0.85$ ,待辨识参数为  $r, a, k$ ,取值范围为  $[0, 5]$ 。本文利用文献[15]中提供的实际观测数据(上海天厨味精厂某发酵罐的批报数据)作为拟合点,对模型参数进行估计,并与文献[14]的人工神经网络(ANN)、文献[15]中的粒子群算法(PSO)进行了比较,得到的结果如表3所示。

表3 参数寻优结果

参数	ANN(文献[14])	PSO(文献[15])	MCDE(本文)
$r$	0.370009	0.378983	0.437141
$a$	1.698644	1.747781	1.853419
$k$	0.908464	0.907380	0.905365

根据表3中的数据,由式(12)可计算出谷氨酸菌体浓度拟合值,结果如表4所示。图7是采用表3中MCDE算法结果构建的模型和实际曲线的拟合。由图可知,估计参数构建的模型与实际测量值接近。从8 min以后两条曲线拟合程度较高,由此可以看出,对于微生物发酵这类复杂、非线性很强的生化过程而言,改进差分进化算法是一种较好的参数估计算法。本文在标准算法的基础上,通过引入变异率算子,并动态增加交叉概率的方法,有效地提高了算法的搜索能力和收敛速度。

表4 菌体浓度实际值与模型拟合值的比较

实际值/g/L	ANN(文献[14])	PSO(文献[15])	MCDE(本文)
0.32	0.2518	0.2459	0.2472
0.35	0.3243	0.3193	0.3329
0.36	0.4048	0.4013	0.4289
0.4	0.4886	0.4870	0.5272
0.58	0.5700	0.5704	0.5272
0.64	0.6443	0.6461	0.6187
0.74	0.7079	0.7106	0.6968
0.78	0.7598	0.7623	0.7687
0.82	0.8003	0.8032	0.8048
0.85	0.8309	0.8334	0.8378
0.86	0.8534	0.8554	0.8605
0.87	0.8697	0.8711	0.8759
0.87	0.8814	0.8822	0.8861
0.89	0.8897	0.8900	0.8928
0.9	0.8953	0.8954	0.8972
0.9	0.8993	0.8992	0.9001
0.9	0.9021	0.9017	0.9019
0.9	0.9041	0.9035	0.9039
0.9	0.9054	0.9047	0.9044
0.9	0.9064	0.9056	0.9048

为了进一步验证本文方法的有效性,根据表4中的数据,采用式(13)所示的均方差作为评价标准:

$$S = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y})^2}{n-2}} \quad (13)$$

比较结果为:采用MCDE算法得到的模型均方差为0.05954;采用ANN算法得到的模型均方差为0.08828;采用PSO算法得到的模型均方差为0.08672。从模型拟合值和模

型均方差的结果可以看出,ANN和PSO算法也可以得到较好的拟合结果,但是基于MCDE算法的模型参数辨识精度比ANN和PSO算法更高一些。可见,将MCDE算法用于非线性模型参数辨识具有有效性和可行性。

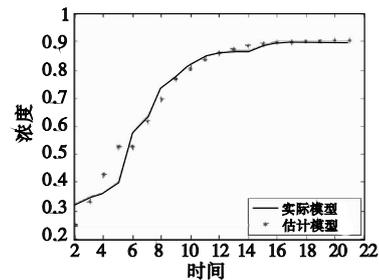


图7 真值模型与估计模型输出曲线结果比较

## 5 结束语

本文融合自适应变异率和动态非线性增加交叉概率两种策略的优点,提出了一种精度高、收敛速度快的改进差分进化算法。通过对几类非线性模型的参数辨识结果,说明该算法搜索能力强、收敛速度快,可以用来解决非线性模型参数辨识问题。以谷氨酸菌体生长模型参数估计为实例进行应用验证,证明了基于改进差分进化算法的非线性模型参数辨识是有效、可行的。将改进的差分进化算法应用于更多的实际工程中,以及研究在线估计,将是进一步的研究目标。

## 参考文献:

- [1] TA M, De BRUNNER V. Minimum entropy estimation as a near maximum-likelihood method and its application in system identification with non-Gaussian noise[C]//Proc of IEEE International Conference on Acoustics, Speed, and Signal Processing. 2004:545-548.
- [2] LIU Yan-ming. Study on the technology of quadric surface extracting base on least square method[C]//Proc of the 2nd International Conference on Mechanic Automation and Control Engineering. 2011: 5328-5331.
- [3] WANG Jian-lin, XUE Yao-yu, YU Tao, et al. Run-to-run optimization for fed-bath fermentation process with swarm energy conservation particle optimization algorithm[J]. Chinese Journal of Chemical Engineering, 2010, 18(5):787-794.
- [4] KIM Y, MALLICK R, BHOWMILCK S, et al. Nonlinear system identification of large-scale smart pavement systems[J]. Expert System with Applications, 2013, 40(9):3551-3560.
- [5] 姜波, 汪秉文. 基于遗传算法的非线性系统模型参数估计[J]. 控制理论与应用, 2000, 17(1):151-153.
- [6] 王凌, 李令荣, 郑大钟, 等. 非线性系统参数估计的一类有效搜索策略[J]. 自动化学报, 2003, 29(6):953-958.
- [7] 吴亮红, 王耀南, 曾照福, 等. 基于复合微粒群算法的非线性系统模型参数估计[J]. 系统仿真学报, 2006, 18(7):1942-1945.
- [8] 于龙文, 刘国志. 基于改进微粒群算法的非线性系统模型参数估计[J]. 科学技术与工程, 2010, 10(5):1259-1261.
- [9] STORN R, PRICE K. Differential evolution: a simple and efficient adaptive scheme for global optimization over continuous spaces[J]. Global Optimization, 1997, 11:341-359.
- [10] 颜学锋, 余娟, 钱锋, 等. 基于改进差分进化算法的超临界水氧化动力学参数估计[J]. 华东理工大学学报:自然科学版, 2006, 32(1):94-97.
- [11] MOHAMED A W, SABRY H Z. Constrained optimization based on modified differential evolution algorithm[J]. Information Sciences, 2012, 194:171-208.
- [12] 丁峰. 系统辨识理论与方法[M]. 北京:中国电力出版社, 2011.
- [13] 林星卫, 张惠娣, 刘士荣, 等. 应用粒子群优化算法辨识 Hammerstein 模型[J]. 仪器仪表学报, 2006, 27(1):76-79.
- [14] 蔡煜东, 陈常庆, 周斌, 等. 用人工神经网络辨识发酵动力学模型参数[J]. 生物数学学报, 1994, 9(4):103-107.
- [15] 苏成利, 徐志成, 王树青. PSO算法在非线形系统模型参数估计中的应用[J]. 信息与控制, 2005, 34(1):123-125.