

文章编号: 1000-6893(2004)04-0362-06

基于改进 CHC 算法的模糊诊断规则优化方法研究

齐 怡, 秦红磊, 沈士团, 李驿华

(北京航空航天大学 电子信息工程学院, 北京 100083)

A Study of the Optimization for Fuzzy Diagnostic Rules Based on the Reformative CHC Algorithm

QI Yi, QIN Honglei, SHEN Shi2tuan, LI Yi2hua

(School of Electronic Engineering, Beijing University of Aeronautics and Astronautics, Beijing 100083, China)

摘 要: 在故障诊断专家系统的自学习中, 同时需要学习大量的模糊规则, 造成规则优化算法的运行时间过长, 难以满足实际的需要。为了解决这个问题, 将特征片段优势重组算子引入 CHC 算法中, 并将之应用到规则优化领域。仿真证明, 改进的 CHC 算法在模糊诊断规则优化方面能以比较短的计算时间达到预期的优化效果, 明显优于国内其它改进的遗传算法和 CHC 算法, 具有比较大的实用价值。

关键词: 模糊规则; 自学习; 遗传算法; 优势重组算子

中图分类号: V267; TP273⁺14 **文献标识码:** A

Abstract: In the machine learning of rules for the diagnostic expert systems, a mass of fuzzy rules have to be optimized one time. It makes the optimization algorithm run much time that can't accord with the need in practice. In order to solve this problem, a new genetic arithmetic operator- best fraction recombination operator is proposed, and the CHC algorithm is reformed with it, which is used in the optimization algorithm in this paper. The simulation shows that the reformative CHC algorithm has much advantage in the optimization for fuzzy rules because of getting the satisfying result in a short consumed time. It can solve the optimization of fuzzy diagnostic rules while the ordinary genetic algorithm cannot.

Key words: fuzzy rule; machine learning; genetic algorithm; best fraction recombination operator

在故障诊断专家系统的发展过程中, 基于模糊规则的专家系统以其容易实现, 使用简单, 可以方便地利用/浅知识^[1], 同时又能满足实际诊断的需要等优点, 在故障诊断领域获得了非常广泛的应用。而模糊规则的自学习作为专家系统的一种有效学习方法, 也因此得到了广泛的重视和深入的研究。

在模糊规则自学习的实现方法中, 很多人工智能理论方法^[1~4]都得到了比较好的应用。从实现思路上看, 实现模糊规则的自学习主要有两类方法: 第 1 类是直接从学习样本中获得模糊规则; 第 2 类方法是先根据人类专家对学习样本的简单认识或其他学习方法生成不精确的规则, 然后再采用优化算法对规则做进一步优化。和第 1 类方法相比, 第 2 类方法降低了学习的计算量, 提高了学习的效率, 该类方法特别适合于对特定领域学习样本的模糊规则提取。

遗传算法是模拟达尔文的遗传选择和自然淘汰的生物进化过程的计算模型, 它是一种采用随机搜索技术的全局优化方法。因其简单通用, 鲁棒性强, 适于并行处理, 已广泛应用于计算机科

学、优化调度、运输问题、组合优化等领域^[5]。遗传算法用于规则的优化, 一般将规则条件的隶属函数作为需要进化的染色体, 通过遗传算法的全局搜索能力找到规则各条件隶属函数的最优解^[6]。有选择、有目的地利用待求解问题中的一些特征信息来加速优化过程^[7]。实际中机器学习的规则数量一般比较多, 这样必然会造成遗传算法的基因链过长, 使计算量过大, 造成优化算法难以应用于实际。

模糊诊断规则的学习样本具有方便分类、容易区分的特点, 可以通过简单的方法对这些样本进行归类并生成原型规则, 因此第 2 类方法非常适合于实现模糊诊断规则的自学习。由于该原因, 本文研究了一种基于改进 CHC 算法的模糊诊断原型规则的优化方法。

1 改进的 CHC 算法用于规则的优化

模糊诊断规则优化问题的特点要求必须采用一种全局和局部搜索能力强的遗传算法才可能获得满意的效果。在众多的遗传算法研究成果中, Eshelman^[8]于 1991 年提出的 CHC(跨世代精英选择、异物种重组、大变异) 算法, 比较适合于诊断规则的优化问题。CHC 算法通过对父代个体大范

围、大幅度的交叉和变异操作来增强算法的搜索能力。该算法虽然增强了全局和局部范围内的搜索能力,但由于对模式破坏性大,所以同时也降低了对种群中优秀遗传因子的重组和继承能力。

考虑诊断规则条件的优化过程,隶属函数从初始形状到最优形状的变化过程中(如图 1 所示,实线所示为隶属函数的初始形状,虚线所示为隶属函数的最优形状),隶属函数的边界在一定范围内变化。当 f_1 在不和其他函数发生重叠的范围内变动时,该函数对染色体适应度的影响只与其自身的形状相关,和其他隶属函数没有任何关系;只有当其在与其他函数发生重叠的范围内变动时,适应度变化才和两个重叠函数的形状都相关。

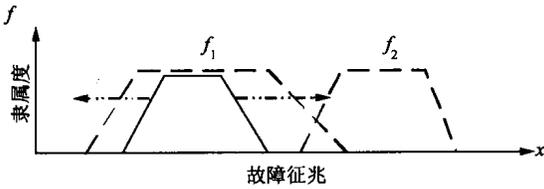


图 1 规则条件隶属函数优化过程示意图

Fig11 The optimized process map of rule condition subject function

最先研究这一现象的论文见于 1994 年发表的文献[9], Furuhashi 等人根据基因片段遗传具有一定的独立性这一特殊现象提出了一种称作 Nagoya 方法的新型遗传算法,并受细菌遗传学启发于 1997 年进一步提出了伪细菌遗传算法(PBGA)^[10]。直接将该方法应用于诊断规则的优化会带来计算时间长,效率低下的问题。

基因链中,不同的基因片段可以生成不同的规则,所以本文将一条规则称为基因的一个表现特征,而将规则对应基因中的片段称为基因的特征片段。特征片段在一定的变化范围内可能不对其他特征片段产生影响,具有一定程度的独立性;只有当其靠近最优解时,特征片段之间的变化才会发生相互的影响和联系。

由于基因中的特征片段之间既具有一定的独立性,又存在着必然的联系,而规则优化的主要目的就是要实现在特征片段交联的区域内得到最优的组合。为了弥补 CHC 算法对模式破坏性强的缺点,本文对其加以改进,增加了一个新的操作算子)))特征片断的优势重组算子,通过该算子尽量将父代优秀的特征片段保留到子代中去,以保证种群能通过比较少的进化代数快速越过特征片断的独立区,而在它们的交联区作充分地搜索,以较小的计算代价得到最优解。

下面分别介绍改进的 CHC 算法的原理和实现方法。

(1) 隶属函数编码 本文采用梯形函数^[6]作为规则条件的模糊隶属函数,而梯形隶属函数的 4 个转折点(图 2 中的 x_1, x_2, x_3, x_4)完全确定了梯形的形状,所以只需对梯形函数的这 4 个转折点进行编码即可表示一个隶属函数。在编码方式上,算法采用二进制方式实现对隶属函数的编码。若参数 x 在变化范围 $[x_{min}, x_{max}]$ 内用 8 位二进制数 b 来表示,则二者之间满足^[11]

$$x = x_{min} + \frac{b}{2^8 - 1}(x_{max} - x_{min}) \quad (1)$$

基因链是由所有规则的条件隶属函数的转折点组成,这些转折点通过 8 位二进制编码,经顺序排列后合成一个基因。

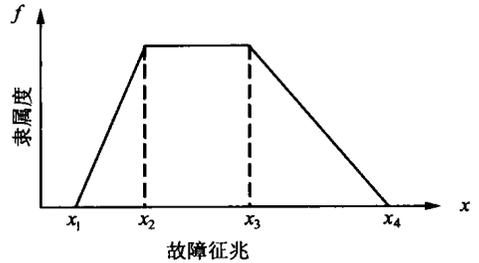


图 2 梯形隶属函数示意图

Fig12 The map of trapezium subject function

(2) 初始种群的生成 基因空间中初始种群的个体在原型规则各条件的三角形隶属函数的基础上随机生成。原型规则三角隶属函数包括 3 个转折点:最小点 N 、最高点 D 和最大点 N_2 。其中, N 和 N_2 为样本分布中的最小值和最大值, D 为样本分布中的最密点。对于一个条件的梯形隶属函数 4 个转折点的随机变化范围设置如下

$$N - \frac{D - N}{5} [x_1 [N + \frac{D - N}{10} \quad (2)$$

$$N - \frac{D - N}{10} [x_2 [D \quad (3)$$

$$D [x_3 [N_2 + \frac{N_2 - D}{20} \quad (4)$$

$$N_2 - \frac{N_2 - D}{10} [x_4 [N_2 + \frac{N_2 - D}{5} \quad (5)$$

并须满足

$$x_1 [x_2 [x_3 [x_4 \quad (6)$$

设 b_1, b_2, b_3, b_4 分别为 x_1, x_2, x_3, x_4 的编码值,则根据公式(1)和式(2)~式(5)可以得到 4 个转折点的计算公式

$$\left. \begin{aligned} x_1 &= N - \frac{D-N}{5} + \frac{b_1}{255} \frac{3}{10} (D-N) \\ x_2 &= N - \frac{D-N}{20} + \frac{b_2}{255} \frac{21}{20} (D-N) \\ x_3 &= D + \frac{b_3}{255} \frac{21}{20} (N-D) \\ x_4 &= N - \frac{N-D}{10} + \frac{b_4}{255} \frac{3}{10} (N-D) \end{aligned} \right\} (7)$$

根据公式(3)和(4)可知,公式(6)中总是满足 $x_2 \geq x_3$, 所以只需考虑其中 $x_1 \geq x_2$ 和 $x_3 \geq x_4$ 是否满足要求。将公式(7)代入 $x_1 \geq x_2$ 和 $x_3 \geq x_4$ 可得

$$\left. \begin{aligned} 2b_1 - 7b_2 &\leq 255 \\ 7b_3 - 2b_4 &\leq 6 @ 255 \end{aligned} \right\} (8)$$

所以约束公式(6)可以变为公式(8)的形式。

每个转折点在允许变动的范围内按照平均分布随机选取。选择较大数目的初始种群会提高算法的全局搜索能力,但同时也增加了每次迭代的时间。为了减少计算量,本文选取种群数目 $N_s = 50$ 。

算法在生成初始种群时首先随机生成 50 条染色体,并根据适应度函数选出前 9 个优秀的个体加入初始种群,然后采用特征片断优势重组算子将被遗弃的 41 条染色体中最优秀的特征片断组合成一条新的染色体,加入到初始种群中。这样重复 5 次使初始种群中染色体的数量达到 50。

(3) 约束条件及适应度函数的设计 诊断规则中条件的隶属函数存在一定的约束条件,在遗传算法中,根据约束条件可以修改那些不满足实际情况的个体,该约束条件即为公式(8)。当染色体中的基因不满足公式(8)时,如果 $x_1 > x_2$ 则需要将 x_1 移到 x_2 的位置,如果 $x_3 > x_4$ 则需要将 x_4 移到 x_3 的位置,新生成的 bc_1 和 bc_4 的计算公式为

$$\left. \begin{aligned} bc_1 &= b_1 - \text{int} \left[\frac{2b_1 - 7b_2 - 255}{2} \right] - 1 \\ &\quad \text{若 } 2b_1 - 7b_2 \leq 255 \\ bc_4 &= b_4 + \text{int} \left[\frac{7b_3 - 2b_4 - 6 @ 255}{2} \right] + 1 \\ &\quad \text{若 } 7b_3 - 2b_4 \leq 6 @ 255 \end{aligned} \right\} (9)$$

经过公式(9)处理过的个体通过适应度函数来区分彼此的优劣。计算某条染色体的适应度时,需要将染色体转换为规则,并用所有案例样本对这些规则进行匹配得到每个样本的推理置信度(如果诊断结果和样本结论不符,则认为样本的推理置信度为 0; 否则样本推理置信度为诊断结果的置信度; 如果匹配出多个结论,则选取置信度值

最大的结论作为诊断结果)。样本的推理置信度直接反映了染色体的优劣程度,所以本文将所有样本的平均推理置信度作为染色体的适应度。设案例集合样本数为 C_0 , cs_{ij} 为样本 j 对于染色体 i 的推理置信度。染色体 i 的适应度可以表示为

$$f_i = \left(\sum_{j=1}^{C_0} cs_{ij} \right) \setminus C_0 \quad (10)$$

种群的平均适应度可表示为

$$f = \left(\sum_{i=1}^{N_s} f_i \right) \setminus N_s \quad (11)$$

除了评价染色体的适应度外,本算法还需评价染色体中特征片断的适应度。染色体中一个特征片断对应一条规则,所以我们将与规则具有相同结论的样本的平均推理置信度称为该规则对应特征片断的推理适应度。设与规则 q 具有相同结论的样本数量为 M_q , 则规则 q 对应的特征片断 R_q 的推理适应度为

$$f_{R_q} = \left(\sum_{j=1}^{M_q} cs_{ij} \right) \setminus M_q \quad (12)$$

除了推理适应度是评价特征片断的主要参数外,算法还采用另一个评价函数)) 面积适应度 f_{ca} 来评估特征片断的优劣。该评价函数为特征片断生成的规则中所有条件隶属函数的面积的总和,设有 N 条规则需要优化,即

$$f_{ca, q} = A_q (q = 1, \dots, N) \quad (13)$$

其中: A_q 为规则 q 的条件隶属函数总面积。这是由于一条规则中条件隶属函数覆盖的面积越小,则规则可能包括其他规则样本的机会就越少,所以一条最优规则的条件隶属函数应该尽可能地靠近属于自己的样本的分布空间。

对于不同染色体中相同特征片断优劣的衡量采用以下原则:

- (1) 推理适应度大的特征片断优于推理适应度小的特征片断;
- (2) 如果两个特征片断的推理适应度相同,则面积适应度小的特征片断为优。

特别需要指出的是: 由于特征片断之间的相互影响,使得种群中所有最优的特征片断组成的染色体不一定是最优的个体。也就是说,采用上述方法评价出的最优特征片断为种群进化做出的贡献不一定是最优的,但在这些优秀的特征片断中最可能包括最优解的组合。

(4) 遗传操作设计

¹ 跨世代精英选择 本文选用 CHC 算法的

跨世代精英选择策略来生成下一代种群。算法将上世代种群与新生成的个体群混合起来,并对所有个体进行适应度排序,然后选择前 50 个最优的个体作为下一代种群。

° 交叉算子 CHC 算法使用的交叉操作算子是对均匀交叉的一种改进。该算子的操作方法是:首先根据公式(14)计算出的染色体选择概率选择两个父个体,当两个父个体位值相异的位数为 m 时,从中随机选取 $m/2$ 个位置,实行父个体位值的互换。由于初始种群中染色体的适应度都不低于 0.17,所以公式(14)中每条染色体的适应度都减 0.17 来增加它们的选择差距。

$$P_i = (f_i - 0.7) \bigg/ \sum_{j=1}^L (f_j - 0.7) \quad (14)$$

算法运行初期通过交叉操作得到 N_c 个新的个体。交叉的作用主要是搜索父代的优势。在算法运行初期,各染色体的差异较大,优势较为分散,交叉所起的作用相对显著;但在算法运行后期,染色体间结构基本趋于一致,交叉算子的作用也降低了,这时需要突变算子发挥更大作用,以致在种群中引入更多的变化。所以算法设置变异生成的新个体数量 N_m 是可变的,当 N_m 增加时, N_c 的数量也随着减少,它们之间的计算公式为

$$N_c = 40 - N_m \quad (15)$$

» 变异算子 CHC 算法在进化前期不采取变异操作,当种群进化到一定的收敛时期,再从个体中选择一部分个体进行变异操作。变异的方法是先根据公式(14)从父代个体中随机选择一个染色体,然后按照一定的比例 P (本算法取 $P=0.135$) 选择出基因座,并随机地决定它们的位值。本算法中种群繁衍在 40 代以前不进行变异操作,当运行到 40 代以后,程序按照如下公式决定变异操作生成个体的数量

$$N_m = \lfloor (G/10) \cdot \lfloor 5/6 - 7/3 \rfloor \rfloor \cdot 2 \quad (16)$$

其中: G 为种群繁衍代数。

¼ 特征片断优势重组算子 通过交叉操作和变异操作共生成了 40 个新的个体,再加上父代染色体总共 90 个个体。特征片断优势重组操作在这 90 个个体中按照公式(14)随机选取 2 个个体,并选择两个个体中优秀的特征片断组成一个新的个体。对特征片断优劣的评价按照 11.3 节所述的方法通过推理适应度和面积适应度两个参数来实现。两条染色体中为优的特征片断被放入新个体相对应的位置。按照上述操作算法生成 9 个新的个体。

然后算法将这 99 个个体进行排序。很明显,这些染色体中排在最后的部分会被遗弃,如此操作肯定会丢掉大量优秀的特征片断,所以算法将最后面的 50 个个体进行一次优势重组操作,将它们中的最优特征片断组成一个新的染色体。最后算法对这 100 条染色体进行排序,选取前 50 个最优秀的个体组成下一代的种群。

2 算法验证

根据研究的理论方法,用 MATLAB 实现了改进的遗传算法,并用该算法对某电台接收机第三级中放电路的 27 条诊断规则进行了优化。原型规则通过对电路故障仿真生成的对应规则各条件的样本分布来得到。

本文所研究算法初始种群平均适应度和经典遗传算法初始种群平均适应度的比较见表 1。为方便比较,采用这两种方法随机生成了 10 组初始种群,并计算了这些种群的平均适应度。从表中可以看出,改进算法生成的初始种群的平均适应度几乎达到了经典遗传算法繁衍 40 代时的种群平均适应度,而计算时间只相当于普通算法达到这一平均适应度所耗时间的 1/8。由此可见,改进算法可以从一个更好的初始点实现对规则的优化。

表 1 普通和改进遗传算法初始种群平均适应度比较表
Table 1 The initiatory group average adaptability comparative table of ordinary and improved GA

初始种群(组)	1	2	3	4	5
经典算法平均适应度	0.1767	0.1767	0.1772	0.1766	0.1768
改进算法平均适应度	0.1796	0.1799	0.1795	0.1797	0.1799
初始种群(组)	6	7	8	9	10
经典算法平均适应度	0.1765	0.1768	0.1767	0.1767	0.1767
改进算法平均适应度	0.1796	0.1796	0.1796	0.1796	0.1799

为了实验本文所研究的基因特征片断优势重组在遗传算法中的作用,对一个平均适应度为 0.1769 的初始种群中的 50 个个体作了优势重组计算,选择出个体中评价价值最优的特征片断组成了一个新的个体,该个体的适应度为 0.1962。这说明一个种群的个体中存在大量优秀的特征片断,由于这些特征片断没有实现强强组合,所以染色体的外在特征表现不出它们的优势。在经典遗传算法中,这些优秀的特征片断只能通过作用效果缓慢的交叉重组操作才能组合到一起,而其中的大部分都将在种群的繁衍过程中逐渐被淘汰掉。由此可见,过强的随机性操作会使遗传算法丢掉大量的有用信息,造成算法向最优解收敛速

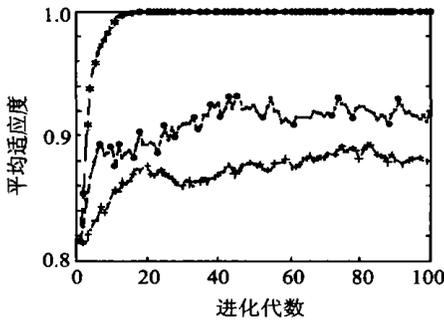


图3 改进遗传算法规则优化时种群平均适应度变化曲线

Fig.3 The group average adaptability variational curve at improved GA rule optimization

度过慢的缺点。

采用本文改进 CHC 算法对同一电路的诊断规则进行了优化。为了说明问题,本文同时对文献[7]的改进遗传算法和 CHC 算法进行了仿真比较,3种算法都进化 100 代,为方便比较,初始种群采用本文方法生成,其效果见图 3。图中:带加号的曲线为 CHC 算法的种群平均适应度变化曲线;带点的曲线为文献[6]算法的种群平均适应度变化曲线;带星号的曲线为改进 CHC 算法的种群平均适应度变化曲线。

由于生成的初始种群中包括了 5 条经特征片断优势重组算子得到的染色体,这 5 条染色体的适应度明显高于其他染色体,所以它们被遗传到下一代的机会大,同时遗传操作时被选中的机会也大,因此 CHC 算法和文献[6]算法在进化初期种群的平均适应度变化非常明显。由于 CHC 算法采用按照适应度大小随机选取子代个体的方法生成子代,而文献[6]算法采用将父代中的前 N 个优秀个体直接继承到下一代的方法,所以和 CHC 算法相比,文献[6]算法更容易保留父代中的优秀个体,因此该算法比 CHC 算法的进化速度快,效果优于 CHC 算法。同时也可以看出,由于 CHC 算法的操作算子对种群模式有很大的破坏性,而算法的继承方法又难以有效地保留优秀的个体,所以算法进化到 20 代以后出现进化震荡现象,种群的平均适应度几乎没有上升。文献[6]算法采用了经典遗传算法的操作算子,该算法的全局搜索能力有限,由于采用了父代优秀个体直接继承到子代的方法,有效地保留了优秀的个体,所以在算法进化后期虽然种群的平均适应度没有什么上升,但避免了进化震荡的现象。

本文所提的改进 CHC 算法由于采用特征片断优势重组算子和上代种群与新生成种群混合排序并直接继承前 50 个个体到子代的方法,充分保

留了种群中优秀的基因片断,使得算法只用 20 代的进化周期(运行时间 3h)就达到了种群中所有染色体适应度都为 1 的结果。仿真证明,改进 CHC 算法在模糊诊断规则优化方面明显优于文献[6]的算法和 CHC 算法,可以很好地解决对具有大染色体、小种群、小遗传代数特征的优化问题。

通过分析,得到本文改进的遗传算法的适用情况:

(1) 基因中的特征片断除存在一定的联系外,还具有比较大的独立性,而且这些特征片断的优劣可以通过公式明确地评价;

(2) 需要适当地选择初始种群,保证算法以比较优秀的种群做起点,这样可以防止算法陷入局部最优的情况。

当满足这两个条件时,改进 CHC 遗传算法对处理具有大染色体、小种群、小遗传代数特征的优化问题可以达到令人满意的效果。

3 结 论

在故障诊断专家系统的模糊规则优化问题中,由于学习的规则数量多,造成采用一般优化算法运行时间长,效率低下的问题。本文对这类规则优化问题的特点进行了分析,并且提出了一种新的遗传操作算子)))特征片断优势重组算子。利用该算子本文对 CHC 算法做了改进,并将这一改进算法应用于模糊诊断规则的优化问题。通过仿真证明,改进 CHC 遗传算法解决模糊诊断规则优化问题的效果明显优于国内的一些算法和 CHC 算法。由于遗传算法具有隐并行性的优点,使得改进的 CHC 算法在规则优化问题上具有很大的实用价值

参 考 文 献

- [1] Liang J, Nezu K, Xu JW. Extracting fuzzy rules from neural network in connectionist expert system[A]. Proceedings of the 35th SICE. 96[C], 1996. 1383- 1387.
- [2] 于勇,姜兴渭,黄文虎.基于粗集理论和遗传算法的知识获取方法研究[J].宇航学报,2001,22(3): 114- 118.
(Yu Y, Jiang X W, Huang W H. Study on KA method of coarse aggregate theoretics and genetic algorithms[J]. Journal of Astro Navigation. 2001,22(3): 114- 118.)
- [3] Herrera F, Lozano M, Verdegay J L. A learning process for fuzzy control rules using genetic algorithms[J]. Fuzzy Sets and Systems, 1998, 100: 143- 158.
- [4] 刘国栋,张正道,张新.模糊逻辑系统的遗传算法优化方法[J].测控技术,2001,20(8): 37- 39.

- (Liu G D, Zhang Z D, Zhang X. Genetic algorithms optimize method for fuzzy logic system[J]. Test and Control Technology, 2001, 20(8): 37- 39.)
- [5] 戴晓辉, 李敏强, 寇纪淞. 遗传算法理论研究综述[J]. 控制与决策, 2000, 15(3): 263- 268.
(Dai X H, Li M Q, Kou J S. Study summarization on genetic algorithms theoretics[J]. Control and Decision, 2000, 15(3): 263- 268.)
- [6] 王人英, 孔祥维, 李国平. 一种利用遗传算法自动生成模糊规则方法[J]. 大连理工大学学报, 2001, 41(2): 135- 138.
(Wang R Y, Kong X W, Li G P. One method of automatic fuzzy rules using genetic algorithms[J]. Journal of Dalian Institute of Technology, 2001, 41(2): 135- 138.)
- [7] 王凌. 智能优化算法及其应用[M]. 北京: 清华大学出版社, 2001. 52
(Wang L. The algorithms and applications of intelligent optimization[M]. Beijing: Tsinghua University Press, 2001. 52.)
- [8] Eshelman L J. The CHC adaptive search algorithm: how to have safe search when engaging in nontraditional genetic recombination, In: Foundations of Genetic Algorithms[M]. Morgan Kaufmann Publishers, 1991. 265- 283.
- [9] Furuhashi T, Miyata Y, Nakaoka K, et al. A new approach to genetic based machine learning for efficient improvement of local portions of chromosomes[A]. Emerging Technologies and Factory Automation EITFA, IEEE Symposium[C]. 1994. 458- 465.
- [10] Nawa N E, Hashiyama T, Furuhashi T, et al. A study on fuzzy rules discovery using Pseudobacterial genetic algorithm with adaptive operator[A]. Evolutionary Computation, IEEE International Conference[C]. 1997. 589- 593.
- [11] 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. 39.
(Wang X P, Cao L M. Genetic algorithms- theoretics, application and software realization[M]. Xi an: Xi an Jiaotong University Press, 2002. 39.)

作者简介:

齐 怡(1974-) 男, 河北石家庄人, 北京航空航天大学电子信息工程学院学生, 博士生, 从事人工智能和故障诊断领域的研究, E2mail: qiyi@263. net. cn.



秦红磊(1975-) 男, 山东临清人, 北京航空航天大学电子信息工程学院讲师, 博士后, 电子设备自动测试和故障诊断、卫星导航技术研究, E2mail qh1mm@ sina. com。联系电话: 010 82316491。

沈士团(1940-) 男, 浙江嵊州人, 北京航空航天大学电子信息工程学院教授, 博士生导师, 1963年毕业于北京航空学院无线电系, 1980年赴英国克兰菲尔德理工学院作访问学者, 主要从事卫星导航, 信息融合与综合电子系统研究。联系电话: 010 82317760。

李驿华(1944-) 女, 河北丰润人, 北京航空航天大学电子信息工程学院教授, 硕士, 1968年毕业于北京航空航天大学电子工程系, 1986年赴英国南安普顿大学进修, 主要从事卫星导航, 信息融合与综合电子系统研究。联系电话: 010 82317760。

(责任编辑: 李铁柏)