

基于免疫聚类分析的特征提取及其在 发动机故障诊断中的应用*

侯胜利¹, 李应红², 尉询楷², 胡金海²

(1 徐州空军学院, 江苏 徐州 221006 2 空军工程大学 工程学院, 陕西 西安 710038)

摘 要: 以提高航空发动机故障诊断的快速性和准确性为目的, 基于人工免疫理论中的克隆选择算法, 结合聚类分析方法, 提出了基于免疫聚类分析的故障特征提取方法。该方法通过删除对分类无关的特征以及压缩类间相关特征, 得到最有利于分类的子特征集, 提高了分类器的分类性能。并且该算法具有本质上的并行性、计算效率高和聚类能力强等优点。多类支持向量机的分类实验表明, 经过基于免疫聚类分析提取的特征对发动机的故障具有更好的识别能力, 为发动机的状态监测与故障诊断提供了依据。

关键词: 航空发动机; 故障诊断; 特征提取; 免疫聚类分析⁺; 克隆选择算法⁺

中图分类号: V233.7 文献标识码: A 文章编号: 1001-4055 (2006) 06-0554-06

Feature extraction based on immune clustering analysis and its application in aeroengine fault diagnosis

HOU Sheng-li¹, LI Ying-hong², WEI Xun-kai², HU Jin-hai²

(1 Xuzhou Air Force Coll., Xuzhou 221006 China

2 Engineering Inst., Air Force Engineering Univ., Xi'an 710038 China)

Abstract In order to improve the rapidity and validity of aeroengine fault diagnosis, a novel approach based on clonal selection algorithm and combined with clustering analysis was proposed for aeroengine fault feature extraction. This data analysis approach can not only reduce the dimension of features by getting rid of the correlation among them but also remove the duplicated or proximately similar data. The obtained subset of features can reduce the cost of computation during the classification process while improving classifier efficiency. And the method has the essential advantages of high parallel, high efficiency of computation and good clustering ability. Experiments of multi-class support vector machine classifier were carried out to test the performance of this method. Practical results show that the extracted features based on immune clustering analysis perform better recognition ability for aeroengine fault. Therefore, it lays a sound foundation for engine condition detection and fault diagnosis.

Key words Aircraft engine; Fault diagnosis; Feature extraction⁺; Immune clustering analysis⁺; Clonal selection algorithm⁺

1 引 言

为了有效地实现故障的分类识别, 需要对原始数据进行分析变换, 提取最能反映故障本质的特征, 实现特征空间维数的压缩。基于 K-L 变换的主成分分

析 (PCA) 被广泛的应用在故障特征提取中^[1]。使用 K-L 变换首先需要定义合适的散布矩阵, 但在多类模式的特征提取时, 类别数目越多, 类别可分性就越差, 要找出一个统一的散布矩阵作为提取类别可分性的依据也就变得十分困难。同时, 采用 K-L 变换, 还需

* 收稿日期: 2005-11-18 修订日期: 2006-04-17。

作者简介: 侯胜利 (1977—), 男, 博士, 研究领域为航空发动机智能故障诊断。E-mail: houjashua@163.com

要通过足够数量的模式样本来估计随机矢量的散布矩阵,如果所提供的样本数量不足,这些矩阵的估计值便变得十分粗略,K-L变换的优越性也就不能充分显示出来。

近年来,随着人们对生物免疫系统认识的不断深入,在国际上引发了人工免疫系统(Artificial Immune System,简称AIS)的研究热潮,提出了各种基于免疫系统机制的免疫算法^[2-3],并用其解决工程实际问题^[4]。本文基于人工免疫理论中的克隆选择原理,并结合聚类分析,提出了基于免疫聚类分析的特征提取方法,给出了免疫聚类分析^[5]在故障特征提取中的具体应用,最后以发动机气路部件故障诊断为实例对该方法进行了应用,结果验证了该方法能够满足航空发动机故障诊断的要求,具有较好的工程应用前景。

2 基于克隆选择原理的聚类方法

传统的聚类分析方法在每一次划分类别时,都要对样本中的每一个个体进行试探性的选择、计算和对比,根据成本函数判断其是否能够作为新的代表对象来替换原来的代表对象,这种方法增加了计算的复杂性,而且寻找出的新的代表对象不一定是此聚类的最佳中心代表,这样聚类的收敛速度也变得缓慢。如果在寻找新的代表对象时,可以引入启发式的搜索方法,这样就可以比较快地寻找到最佳聚类中心,完成聚类分析工作。遗传算法作为一种启发式的搜索算法具有较强的全局搜索能力,然而遗传算法的不足之处也是显而易见的,由于遗传算法在进化过程中可能会产生退化现象,引起进化后期的波动,导致迭代次数过长以及聚类准确率不太高,这些不足阻碍了遗传算法的应用和推广。

免疫系统是一种高级的信息处理系统,它的许多机制可提供新颖的解决复杂问题方法的潜力。免疫系统主要由B细胞组成,B细胞可以分泌抗体(Ab),其中有识别能力的抗体可以锁定和捕获它所识别的抗原(Ag),然后杀死抗原,保护人体不受病毒或细菌的伤害,而没有识别能力或识别能力较差的抗体则被抑制或清除。在免疫系统中,抗体对抗原的识别是通过它们之间的结合实现的,结合的强度称为亲合度(Affinity),其值越大,表示抗体捕获并杀死抗原的能力就越强,抗体就越优。免疫学说中的克隆选择原理描述了获得性免疫的基本特性,基于克隆选择原理,De Castro^[6]提出了一种克隆选择算法。对比遗传

算法,克隆选择算法在编码机制和评价函数的构造上基本一致,但搜索的策略和步骤有所不同。克隆的实质是在一代进化中,在候选解的附近,根据亲合度的大小,产生一个变异解的群体,从而扩大了搜索范围,可以增加抗体群的多样性,有助于防止进化早熟和搜索陷于局部极小值;进一步可以认为,克隆是将一个低维空间的问题转化到更高维的空间中解决,然后将结果投影到低维空间中。

在基于克隆选择算法的聚类分析中,把要分类的数据对象视为抗原,把聚类中心看作是免疫系统中的抗体,数据对象的聚类过程就是经过克隆选择不断地产生抗体,识别抗体,最后产生出可以捕获抗原的最佳抗体过程。其具体实现如下:

(1)输入 n 个抗原。在算法中假定把 n 个数据对象作为 n 个被捕获的抗原输入。随机地抽取 e 个数据作为初始抗体。

(2)抗原捕获。免疫系统识别抗原的侵入,按抗体与抗原的亲合力分组。当选择欧几里德距离为抗体与抗原的亲合力指标时,抗原的分组判断函数可定义为

$$J = \sum_{i=1}^e J_i = \sum_{i=1}^e \sum_{j=1}^n \|X_j - C_i\|^2$$

根据上式抗体识别并捕获抗原, n 个抗原均被 e 个抗体所捕获。

(3)抗体优化。根据克隆选择算法,对每一个 C_i ($i=1, 2, \dots, e$),在本分组内利用所有的抗体,根据式 $C = C - \alpha(C - X)$ 进行有向搜索,产生(克隆并进化) C_i ,然后按照亲合力的大小,选择该组新的最佳抗体(聚类中心)。其中 C 代表抗体, X 代表抗原, α 是成活率,确定搜索抗原的方向。

(4)抗体抑制。产生新的抗体时,根据抗体抑制原理,除保留每一组的最佳抗体之外,清除其余的所有抗体。

重复上面的抗原捕获、抗体优化和抗体抑制过程,直到 J 满足预先设定的条件 $\min J$ 或 $\max J$ 的进化代数,迭代过程结束,求出聚类分析结果。

3 基于免疫聚类的故障特征提取方法

本文将用免疫聚类来实现特征提取问题。这里直接调用免疫聚类算法,对算法及其具体实现参见文献[5]。

提出的特征提取方法包括两个步骤:一是类内处理,用来删除对分类无关的特征;二是类间处理,采用

免疫聚类算法压缩类间相关特征。

3.1 类内处理

设有 s 个故障模式, 每个模式有 n 个训练样本

$$\mathbf{x}_i^{(k)} \in R^p, (i = 1, 2, \dots, n; k = 1, 2, \dots, s)$$

式中 p 为特征维数。

对于每类故障的 n 个训练样本而言, 只有类内相似的特征对分类才有利, 愈不相似的特征, 对分类愈不利。因此, 类内处理首先要计算每维特征上的方差 $\sigma_i^{(k)} (j = 1, 2, \dots, p)$ 。

对每类样本的 p 个特征, 给定一个阈值 $T^{(k)}$, 记录超过该阈值的特征序列号

$$I^{(k)} = \{j \mid \sigma_j^{(k)} \geq T^{(k)}\}$$

一般情况下阈值可按式选取^[5]

$$T^{(k)} = \min_{j=1}^p \{\sigma_j^{(k)}\} + \gamma (\max_{j=1}^p \{\sigma_j^{(k)}\} - \min_{j=1}^p \{\sigma_j^{(k)}\}) \quad (1)$$

式中 $\gamma \in [0, 1]$, 实际应用中一般取为 0.9 左右。

在保证各类模式的特征集中删除相同的特征项后, 特征数目变成 t 维, 则训练样本成为 t 维空间中的矢量集 $\{\mathbf{x}_i^{(k)} \in R^t \mid i = 1, 2, \dots, n; k = 1, 2, \dots, s\}$ 。

3.2 类间处理

经过类内处理后, 每类故障的 n 个训练样本的每维特征都聚集在各自均值附近很小的区域, 其均值矢量可很好的表征其类模式原型, 因此, 在以下的操作中, 用均值矢量表征类模式, 有

$$\mathbf{m}^{(k)} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i^{(k)}, \mathbf{m}^{(k)} \in R^t, k = 1, 2, \dots, s$$

为了进行类间操作, 压缩类间的相关特征, 首先需要用每类样本的均值矢量构造类间特征集 $\{\mathbf{y}_j \mid j = 1, 2, \dots, t\}$, 其中

$$\mathbf{y}_j = (\mathbf{m}_j^{(1)}, \mathbf{m}_j^{(2)}, \dots, \mathbf{m}_j^{(s)}) \in R^s, j = 1, 2, \dots, t$$

为了便于下一步的操作, 还需要对类间特征矢量 $\mathbf{y}_j$ 作归一化处理, 于是, 类间相关性强的矢量变为相似的矢量, 则可以借助聚类技术来压缩类间相似矢量, 把 t 个样本划分到 q 个子集中, 相似的矢量被划分到同一子集中, 并得到样本的隶属函数

$$U = [\mu_i(\mathbf{y}_j')]_{q \times t} :$$

$$\mu_i(\mathbf{y}_j') = \text{ICM}(\{\mathbf{y}_j' \mid j = 1, 2, \dots, t\}), \\ i = 1, 2, \dots, q$$

式中 ICM 即为免疫聚类算法, 这里 $e = q$ 。免疫聚类压缩了类间的相似特征, 从而把原先的 p 维特征缩减为 q 维。通过下式即可获得最终的特征样本集

$$\{\mathbf{z}_i^{(k)} \in R^q \mid i = 1, 2, \dots, n; k = 1, 2, \dots, s\}$$

$$\mathbf{z}_{ij}^{(k)} = \frac{\sum_{l=1}^t \mu_j^m(\mathbf{y}_l') \cdot \mathbf{x}_{il}^{(k)}}{\sum_{l=1}^t \mu_j^m(\mathbf{y}_l')}, j = 1, 2, \dots, q \quad (2)$$

这样原先 $s \times n$ 个 p 维的原始训练样本集通过类和类间处理后, 完成特征维数的压缩操作, 得到 $s \times n$ 个 q 维的特征样本集。

3.3 自动确定特征数目

在实际应用中, 事先并不清楚最优特征的准确数目, 因此必须构造一种特征数目自动确定方法, 以实现降维操作的自动化。

首先用类间特征之间的距离定义其相似性:

$$S(\mathbf{y}_i', \mathbf{y}_j') = \frac{1}{D^2(\mathbf{y}_i', \mathbf{y}_j') + 1}, S(\mathbf{y}_i', \mathbf{y}_j') \in (0, 1]$$

其中, $D(\cdot)$ 可以是欧氏距离, 也可以是其它距离。可见两个矢量间距离越小, 其相似性越大。假如取一门限 S_T , 当相似性大于 S_T , 则需要压缩, 否则保留, 那么就可以自动确定特征数目。具体步骤是:

(1) 首先取 $q = t/2$, 计算每个聚类的类内均方误差

$$\varepsilon(\mathbf{y}', \beta_i) = \sum_{j=1}^n \mu_{ij}^m \cdot D^2(\mathbf{y}_j', \beta_i), i = 1, 2, \dots, q$$

其中, β_i 为每个聚类的原型模式。

(2) 得到每个聚类的类内均方误差后, 判断 $\max\{\varepsilon(\mathbf{y}', \beta_i)\}$ 是否小于 $1/S_T - 1$, 不满足则增大 q 再用聚类分析, 满足则减少 q 再作聚类分析, 直到达临界点为止。即

$$\max_{i=1}^q \{\varepsilon(\mathbf{y}', \beta_i)\} \leq \frac{1 - S_T}{S_T} \leq \max_{i=1}^{q-1} \{\varepsilon(\mathbf{y}', \beta_i)\}$$

此时得到的 q 即为符合条件的特征数目。

4 应用实例

航空发动机气路部件故障往往是潜在且难以判断的, 主要通过各种类型的传感器来获取信息, 这些信息往往是杂乱无章的, 其特征不明显、不直观, 很难加以判断。因此在故障诊断之前, 需要获取最敏感、最有用的特征信息, 下面以航空发动机气路故障诊断为例来进行说明。

发动机气路部件故障模式包括: (1) 风扇故障; (2) 压气机故障; (3) 燃烧室故障; (4) 高压涡轮故障; (5) 低压涡轮故障; (6) 中介机匣故障; (7) 引气系统故障; (8) 外涵道故障; (9) 混合器故障; (10) 调节系统故障。故障样本的维数为 18 维, 为某涡扇发动机地面测量参数值与其基准值的偏差。通常, 在实验数

据中很难包括所有的故障模式和获得足够多的样本,而根据发动机数学模型,可以建立发动机故障仿真器,模拟不同状态和调节规律下所有的故障模式。因此,可通过发动机故障仿真器^[7]来获取故障样本。发动机工作状态取为地面最大工作状态,这是因为一般发动机的地面最大状态就是设计状态,此时设计参数可以作为基准值。这里以风扇效率下降的故障模式为例。考虑发动机气路部件故障的典型性,选取风扇效率下降 2%,发动机模型计算出的测量参数值与基准值的偏差值作为风扇故障模式的特征样本。同理,可以获得其它 9 种故障模式的特征样本,每种故障模式有 10 个特征样本,共有 100 个样本。

4.1 可分性分析

为了证明本文提出的基于免疫聚类分析的特征提取方法的有效性,对几种特征提取方法进行了比较实验,对 18 维数据进行特征压缩,在保留相同数目特征条件下,比较 K-L 变换和免疫聚类方法所得到的特征样本集可分性的优劣。

首先定义参数

$$\rho = \frac{1}{s(s+1)} \sum_{i=1}^{s-1} \sum_{j=i+1}^s \left(1 - \exp\left\{ -\frac{d_{ij}}{r_i + r_j} \right\} \right)$$

为平均类间可分性参数^[8],用来度量给定特征样本集的可分性大小。式中 s 为模式类别数; d_{ij} 为第 i 类模式与第 j 类模式间的类间距离; r_i 、 r_j 分别为第 i 、 j 类模式中样本距模式中心的最大距离,即为容纳本类样本的最小球体的半径。

首先通过类内处理,删除对分类无关的 3 个特征,保留了比较典型的 15 个特征,包括:低压换算转速偏差、高压换算转速偏差、风扇内涵出口总压偏差、风扇内涵出口总温偏差、风扇外涵出口静压偏差、风扇外涵出口总压偏差、风扇外涵出口总温偏差、压气机出口总压偏差、压气机出口总温偏差、低压涡轮出口总压偏差、高压涡轮出口总压偏差、低压涡轮出口总温偏差、高压涡轮出口总温偏差、涡轮排气温度偏差、燃油总管压力偏差。

类内处理删除了分类无关特征,选取了 15 个典型特征,保证了类内特征的相似性。为了增大类间差异性,提高类别可分性,还需要进行类间处理,选取最优分类特征,否则大量的类间相关特征的存在将严重影响分类性能。

图 1 为在给定相似性阈值条件下,最优分类特征数目自动确定的实验。首先根据给定的一系列相似性阈值 S_T , 计算出相应的最大聚类类内均方误差 $\sigma =$

$1/S_T - 1$, 然后用聚类有效性准则确定最优特征数目。图中给出了不同相似性阈值对应的最优特征数目。给定一个 S_T , 即可从图中查得此条件下的特征维数 q , 实现特征提取的自动化。

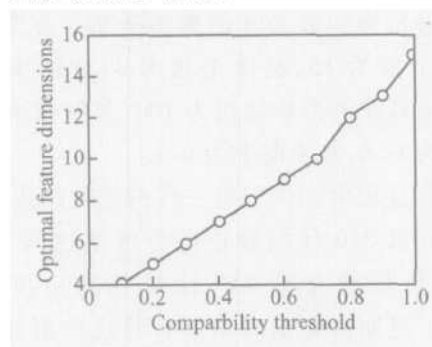


Fig 1 Optimal feature dimensions vs comparability threshold

从图 1 可以看出,随着相似性阈值 S_T 的增加,最优特征维数相应增加。 S_T 需要事先给定,一般取为 0.5,此时最优特征维数为 8。采用免疫聚类算法压缩相似特征,把 15 个原始特征划分到 8 个特征子集中,使相似的特征被划分到同一子集中,并得到隶属函数 $U = [\mu_i(y'_j)]_{8 \times 15}$, 然后利用式 (2) 即可得到 8 个新的特征,它们就是所求的最优分类特征。

图 2 为基于免疫聚类的特征提取方法与 K-L 变换的对比实验,可以看出 K-L 变换尽管在降维的同时也较好地保留了类别可分性信息,但其效果和性能没有基于免疫聚类的方法好,尤其在维数低于 14 维时,基于免疫聚类的特征提取方法更能体现出优越性。

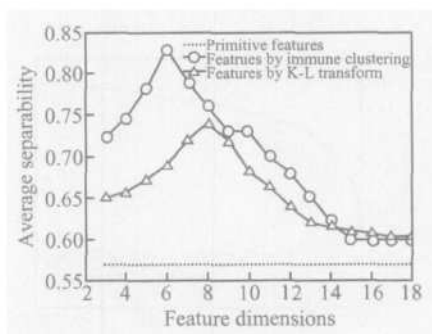


Fig 2 Comparison of separability between immune clustering and K-L transformation

4.2 算法性能分析

聚类是通过优化聚类目标函数来完成的,同样遗传算法也采用克隆选择算法中的分组判断函数 J 作为聚类的目标函数,适应度函数定义为

$$f_k = \frac{1}{1 + J(k)}$$

式中 k 为进化代数, $J(k)$ 为第 k 代的适应度。

采用克隆选择算法和标准遗传算法分别对 15 维原始特征进行类别数为 8 的聚类分析。克隆选择算法的抗原个数为 15 抗体个数为 8 成活率 α 取为 0.01。遗传算法的群体规模为 100 复制概率为 0.1 交叉概率为 0.8 变异概率为 0.1。

在计算过程中记录下每一代的进化结果, 则克隆选择算法在第 250 代的最佳适应度就达到了 0.95 而标准遗传算法在第 450 代最佳适应度才达到 0.95。为了更加清楚地表示两种算法中群体的整体进化程度, 分别将它们的子代群体中的最佳适应度值和相应的平均适应度值随进化过程的变化情况绘于图 3 和图 4 从图中可看出克隆选择算法提高了算法的搜索效率, 对消除标准遗传算法在后期的振荡现象具有明显的效果, 并在很大程度上加快了标准遗传算法的收敛速度。

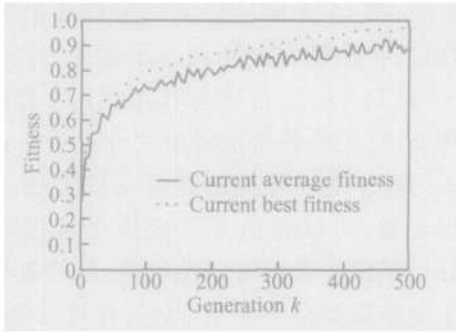


Fig 3 Evolutionary fitness curve based on standard genetic algorithm

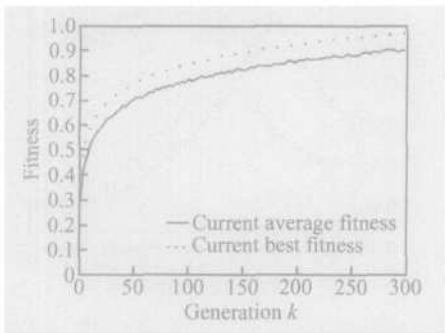


Fig 4 Evolutionary fitness curve based on clonal selection algorithm

4 3 分类性能分析

特征维数的压缩必须在不影响分类识别正确率的条件下进行, 因此下面进行分类实验, 以验证分类有效性。分类器采用一对多支持向量机分类器^[9],

其中核函数选用径向基函数, 参数采用 5 层 Cross-Validation 方法进行优化选取, 得到的参数优选值为: $C = 1\ 000\ \sigma = 0.25$ 。

由于训练和测试样本数较少, 为了更准确地估计分类器的分类性能, 这里采用交叉检验的方法对分类正确率进行估计。首先将 100 个样本分成若干组, 每组 n 个样本, 每次只取其中的一组样本作测试, 其余各组均作训练用, 当这次训练和测试完后用另一组样本作测试, 而其余组样本用于训练。反复进行直到每一组都用作测试过。如果每次测试中有 m_i 个样本被判正确, 则正确率估计为

$$\hat{P} = \frac{n}{100} \sum_{i=1}^{100/n} \frac{m_i}{n} \tag{3}$$

下面通过支持向量机分类实验来分析特征提取对分类器性能的影响, 这里 $n = 20$ 。两种特征提取方法的分类正确率见表 1。

Table 1 Comparison of classification success between two methods

Feature dimensions	Based on K-L transform		Based on immune clustering	
	Train	Test	Train	Test
	success %	success %	success %	success %
6	72	64	84	78
7	80	73	87	82
8	87	82	95	93
9	92	85	96	93
10	96	92	98	98

从表 1 的对比可以看出, 采用基于免疫聚类方法提取的特征的分类效果远远优于基于 K-L 变换的方法。因此, 从支持向量机的分类正确率来看, 使用基于免疫聚类方法提取的 8 维特征就能达到满意的分类识别效果, 有效地实现了特征维数的压缩。

5 结 论

本文提出了一种基于免疫聚类分析的特征提取方法, 并应用于发动机气路故障诊断中。得到以下几个主要结论

- (1) 基于免疫聚类的特征提取方法可以使整个样本集的可分性变大。
- (2) 免疫聚类分析中采用的克隆选择算法, 对比于遗传算法, 减轻了进化后期的波动现象, 提高了聚类的收敛速度。

(下转第 567 页)

于维持稳定的燃烧。

(2) 在五种凹腔燃烧室结构中, 当 H_2 横向射流压力 $p_{jet} = 0.6 \text{ MPa}$ 喷孔直径 $d = 1 \text{ mm}$ 和喷孔间距 $\delta = 7 \text{ mm}$ 时具有更好的混合性能。

(3) 在研究条件下的“凹腔流”驻留时间 τ_r 分析表明长深比 $L/D_u = 7.8$ 凹腔满足自点火条件;

(4) 与直通道燃烧室相比, 凹腔燃烧室尽管总压损失较大, 但表现出较好的混合和燃烧性能。

参考文献:

- [1] Adela B Y, Ronald K H. Cavity flame-holders for ignition and flame stabilization in scram jets An overview [J]. *J. of Propulsion and Power*, 2001, 17 (4).
- [2] Roudakov A S, Schiklmann Y, Semenov V, et al. Flight testing an axisymmetric scram jet-russian recent advances [R]. *IAF Paper*, S. 4 485, 1993
- [3] Vinogradov V, Kobigsky S A, Petrov M D. Experimental investigation of kerosene fuel combustion in supersonic flow [J]. *J. of Propulsion and Power*, 1995, 11 (4).
- [4] Orweth P, Mathur A, Vinogradov V, et al. Experimental and numerical investigation of hydrogen and ethylene com-

bustion in a Mach 3-5 channel with a single injector [R]. *AAIA* 96-3245

- [5] Owens M G, Tehranian S, Segal C, et al. Flame-holding configurations for kerosene combustion in a mach 1.8 air flow [J]. *J. of Propulsion and Power*, 1998, 14 (4).
- [6] ZHANG X in-yu, et al. Development of a facility for model scram jet testing [R]. *AAIA* 2001-1857.
- [7] 陈方, 张新宇. 壁面凹腔强化 H_2 超声速燃烧的数值模拟 [C]. 中国力学学术大会 2005 (CCTAM 2005).
- [8] Davis D L, Browersox R D W. Computational fluid dynamics analysis of cavity flame holders for scram jets [R]. *AAIA* 97-3270
- [9] Huber P, Schexnayder C, McClinton C. Criteria for self ignition of supersonic hydrogen-air mixtures [R]. *NASA Technical Paper*, 1979, 1457.
- [10] Rogers R C, Chinitz W. Using a global hydrogen-air combustion model in turbulent reacting flow calculations [J]. *AAIA J.*, 1983, 21 (4).

(编辑: 梅 瑛)

(上接第 558 页)

(3) 免疫聚类的特征提取方法在有效降低描述问题所需特征数目的同时, 提高了分类正确率。

免疫聚类分析中参数的选取比较困难, 一般是根据经验和试验效果来确定, 因此今后需要研究其参数的优选方法。由于人工免疫原理本身还处于研究和发展阶段, 随着研究的不断深入, 免疫聚类算法的性能会不断提高。免疫系统的许多其它机制, 如免疫网络、免疫学习等对故障诊断方法的研究会有启发作用, 免疫系统的许多机制的综合应用, 可望开发出更高效、更实用的故障诊断方法。

参考文献:

- [1] 孙即祥. 现代模式识别 [M]. 长沙: 国防科技大学出版社, 2001
- [2] De Castro L N, Von Zuben F J. The clonal selection algorithm with engineering applications [C]. *Workshop Proceedings of the GECCO*, 2000
- [3] Dasgupta D, Forrest S. Artificial immune systems in industrial applications [C]. *Proceeding of IPMM International Conference, Albuquerque NM*, 1999
- [4] 胡伟, 张振鹏. 免疫算法在火箭发动机静态特性研究

中的应用 [J]. 推进技术, 2005, 26 (3). (HU Wei ZHANG Zhen-peng Application of immunity strategy for the study of the static characteristics of a rocket engine [J]. *Journal of Propulsion Technology*, 2005, 26 (3).)

- [5] De Castro Fernando J. An evolutionary immune network for data clustering [C]. *In: Proc IEEE SBRN*, 2000-11.
- [6] De Castro L N, Von Zuben F J. Clonal selection algorithm with engineering applications [C]. *Proc GECCO'00 Las Vegas Nevada, USA*, 2000
- [7] 孙斌, 张津, 张绍基. 涡扇发动机气路故障定量诊断的 BP 网络研究 [J]. 推进技术, 1999, 20 (4). (SUN Bin ZHANG Jin ZHANG Shao-ji Fault quantitative diagnosis of turbofan gas path component by BPN [J]. *Journal of Propulsion Technology*, 1999, 20 (4).)
- [8] Bezdek J C, Pal N R. Some new index of cluster validity [J]. *IEEE Trans SMC*, 1998, 28 (3).
- [9] Hsu Ch W, Lin Ch J. A comparison of methods for multi-class support vector machines [J]. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 2002, 13 (3).

(编辑: 刘 蓓 威)