

文章编号:1674-2974(2016)08-0063-07

## 基于非等距 BFA-GM(1,1)模型的 尾翼疲劳寿命预测\*

杨大炼<sup>1,2</sup>, 刘义伦<sup>1,3†</sup>, 李松柏<sup>1</sup>, 陶洁<sup>1</sup>

(1. 中南大学 机电工程学院, 湖南 长沙 410083; 2. 湖南科技大学 湖南省机械设备健康维护重点实验室, 湖南 湘潭 411201; 3. 中南大学 轻合金研究院, 湖南 长沙 410083)

**摘要:**针对非等距 GM(1,1)模型中背景值系数  $\alpha$  对模型的预测能力影响很大而最优值难以确定的问题,将细菌觅食算法与 GM(1,1)模型相结合,提出了 BFA-GM(1,1)优化模型.以飞机尾翼疲劳寿命预测为实例,分析比较了 BFA-GM(1,1)模型、PSO-GM(1,1)模型和 GA-GM(1,1)模型的性能.从试验的结果来看,本文提出的 BFA-GM(1,1)模型消耗的时间少于其他 2 种模型消耗的时间,而平均预测误差低于其他 2 种模型的平均预测误差,这说明本文提出的 BFA-GM(1,1)模型能够更快速、更准确地找到最优的背景值系数  $\alpha$ ,从而提高了“小样本”“贫信息”条件下的飞机尾翼疲劳寿命预测的精度.

**关键词:**细菌觅食算法;非等距 GM(1,1)模型;疲劳;寿命预测;参数优化

**中图分类号:**TG146.2

**文献标识码:**A

## Empennage Fatigue Life Prediction Based on Non-equidistant BFA-GM (1, 1) Model

YANG Da-lian<sup>1,2</sup>, LIU Yi-lun<sup>1,3†</sup>, LI Song-bai<sup>1</sup>, TAO Jie<sup>1</sup>

(1. School of Mechanical and Electrical Engineering, Central South Univ, Changsha, Hunan 410083, China;

2. Hunan Provincial Key Laboratory of Health Maintenance for Mechanical Equipment,  
Hunan Univ of Science and Technology, Xiangtan, Hunan 411201, China;

3. Light Alloy Research Institute, Central South Univ, Changsha, Hunan 410083, China)

**Abstract:** The background value coefficient  $\alpha$  of the non-equidistant GM (1, 1) model has great influence on the predictive capability, but it is difficult to determine its optimal value. For these problems, the bacterial foraging algorithm and a GM (1, 1) model were combined and the BFA-GM (1, 1) optimization model was proposed. Taking the experiment of empennage fatigue life prediction as an example, the performances of the BFA-GM (1, 1) model, the PSO-GM (1, 1) model and the GA-GM (1, 1) model were analyzed and compared. The results have shown that the BFA-GM (1, 1) model consumes the least time and obtains the lowest average prediction error, and that the BFA-GM (1, 1) model proposed is competent to find the optimal background value coefficient  $\alpha$  quickly and accurately, thereby increasing the empennage fatigue life prediction accuracy under the conditions of “small samples” and “poor information”.

\* 收稿日期:2015-04-02

基金项目:国家自然科学基金资助项目(51375500), National Natural Science Foundation of China(51375500);湖南省教育厅资助项目(2013SK2001);中南大学中央高校基本科研业务费专项资金资助项目(2013ZZTSS037)

作者简介:杨大炼(1984-),男,湖南邵阳人,中南大学博士研究生

† 通讯联系人, E-mail: ylliu@csu.edu.cn

**Key words:** bacterial foraging algorithm (BFA); non-equidistant GM(1,1) model; fatigue; life prediction; parameter optimization

疲劳是航空航天装备运行不可忽视的问题,对结构寿命进行准确预测能有效避免事故的发生.传统的疲劳寿命预测方法大多建立在确定性理论或者概率统计基础之上<sup>[1]</sup>,这需要大量而准确的试验数据,从而增加了试验的成本和周期,限制了其应用范围. GM(1,1)模型<sup>[2]</sup>由于其“小样本”“贫信息”建模的特点被应用于冶金<sup>[3]</sup>、隧道<sup>[4]</sup>、军事<sup>[5]</sup>、疲劳<sup>[6-8]</sup>等领域.非等距 GM(1,1)模型修正了等距 GM(1,1)模型要求数据必须是等间隔的局限,是目前研究和应用最多的一种.然而,在使用非等距 GM(1,1)模型时,其预测精度受背景值系数  $\alpha$  的影响很大<sup>[9]</sup>,而最优  $\alpha$  值难以确定,常凭经验选取,难以保证模型预测能力.为此,王国华等<sup>[10]</sup>、Hsu<sup>[11]</sup>采用遗传算法对模型参数进行选取;刘虹,于丽亚等<sup>[12-13]</sup>采用粒子群算法对模型参数进行选取,但由于遗传算法和粒子群算法本身的局限性,其优化的速度和精度不理想.

细菌觅食算法(Bacterial Foraging Algorithm, BFA)是一种新型仿生类算法,该算法因具有群体智能性、能进行并行搜索、易跳出局部极小值等优点<sup>[14-15]</sup>,在电力系统<sup>[16]</sup>、面部识别<sup>[17]</sup>等领域得到了应用,但目前在非等距 GM(1,1)模型参数优化应用中还没有相关报道.本文将细菌觅食算法与灰色 GM(1,1)模型相结合,并应用到飞机尾翼疲劳寿命预测中,验证方法的有效性,为实现“小样本”“贫信息”条件下的飞机尾翼疲劳寿命预测提供一种较好的方法.

## 1 BFA 算法原理

细菌觅食算法<sup>[18]</sup>是从大肠杆菌的觅食行为中抽象出来的一种仿生智能优化算法.算法的核心由3种基本操作组成:

1) 趋向性操作:该操作模拟了细菌“前进”及“翻转”两种运动方式,通过这两种动作实现细菌个体在局部区域内的觅食过程.设  $\mathbf{P}^i(j, k, l)$  为第  $i$  个细菌第  $j$  次趋向性操作、第  $k$  次复制操作、第  $l$  次迁移操作后的位置,则有:

$$\mathbf{P}^i(j+1, k, l) = \mathbf{P}^i(j, k, l) + \mathbf{C}^i(j, k, l)\mathbf{V}^i(j, k, l). \quad (1)$$

式中:  $\mathbf{C}^i(j, k, l)$  为运动步长向量;  $\mathbf{V}^i(j, k, l)$  为随机产生的方向向量,且有

$$\mathbf{C}^i(j, k, l+1) = \frac{\mathbf{C}^i(j, k, l+1)}{M_1}; \quad (2)$$

$$\mathbf{C}^i(j, k+1, l) = \frac{\max[\mathbf{F}(j, k, l)] - \min[\mathbf{F}(j, k, l)]}{M_2}. \quad (3)$$

式中:  $\mathbf{F}(j, k, l)$  为细菌种群适应度评估函数;  $M_1$  为第  $i$  个细菌执行趋向操作的次数;  $M_2$  为比例缩放因子.若第  $i$  个细菌个体没有发生迁移,则有:

$$\mathbf{C}^i(j+1, k, l) = \mathbf{C}^i(j, k, l). \quad (4)$$

否则有:

$$\mathbf{C}^i(j+1, k, l) = \mathbf{C}^i(j, k+1, l). \quad (5)$$

2) 复制操作:该操作模拟了细菌种群优胜劣汰的行为,实现细菌种群在全局区域内的择优觅食过程.设细菌种群大小为  $N$ ,  $\mathbf{F}^i(j, k, l)$  为第  $i$  个细菌的适应度值,则淘汰掉适应度低的  $N/2$  个细菌,剩余适应度高的  $N/2$  个细菌得到分裂繁殖,维持种群大小不变.

3) 迁移操作(Elimination-dispersal):为了提高算法的全局寻优能力,避免算法陷入局部极值,在细菌种群完成趋向性操作后,种群中部分适应度较低的细菌以一定的概率  $p$  从原来的觅食位置被随机移动到区域内的其他位置.

## 2 非等距 BFA-GM(1,1)模型的构建

### 2.1 非等距 GM(1,1)模型

设  $\mathbf{X}^0 = \{x^0(t_1), x^0(t_2), \dots, x^0(t_n)\}^T$  为已知样本序列,若满足:  $0 < x^0(t_k)$ ,  $t_k < t_{k+1}$ ,  $k = 1, 2, \dots, n-1$ , 则定义:

$$\Delta t_k = \begin{cases} 1, & k = 1; \\ t_k - t_{k-1}, & k = 2, 3, \dots, n. \end{cases} \quad (6)$$

若  $\Delta t_k \neq$  常数,则  $\mathbf{X}^0$  为非等距序列.

$\mathbf{X}^0$  的级比序列定义为:

$$\sigma^0(t_k) = \frac{x^0(t_{k-1})}{x^0(t_k)}, k = 2, 3, \dots, n. \quad (7)$$

若满足  $\sigma^0(t_k) \in (e^{-2/(n+1)}, e^{2/(n+1)})$ , 则该序列适合 GM(1,1)建模. 假设  $X^0$  满足该条件, 则

令  $\mathbf{X}^1 = \{x^1(t_1), x^1(t_2), \dots, x^1(t_n)\}^T$  为序列  $X^0$  的一次正序累加生成序列, 也称(1-GAO)序列, 其中:

$$x^1(t_i) = \sum_{k=1}^i \Delta t_k x^0(t_k), i = 1, 2, \dots, n. \quad (8)$$

定义  $\mathbf{Z}^1 = \{z^1(t_1), z^1(t_2), \dots, z^1(t_n)\}^T$  为  $X^1$  的  $\alpha$  均值生成序列, 其中:

$$z^1(t_k) = 1 - \alpha x^1(t_{k-1}) + \alpha x^1(t_k), k = 2, \dots, n. \quad (9)$$

$\alpha$  为背景值系数, 满足  $0 < \alpha < 1$ .

基于以上定义, 非等距 GM(1,1)模型如下:

$$x^0(t_k) + \alpha z^1(t_k) = b. \quad (10)$$

式中:  $a$  为发展系数, 反映了  $x^0$  及  $x^1$  的发展事态;  $b$  为灰作用量或者控制系数, 具有灰色信息覆盖作用. 式(10)对应的白化方程为:

$$\frac{dx^1(t)}{dt} + ax^1(t) = b. \quad (11)$$

式(11)的解可以表示为:

$$x^1(t) = \left(x^1(t_1) - \frac{b}{a}\right)e^{-a(t-t_1)} + \frac{b}{a}. \quad (12)$$

式(12)对应的非等距 GM(1,1)模型的时间响应序列和预测值分别为:

$$\hat{x}^1(t_k) = \left(x^1(t_1) - \frac{b}{a}\right)e^{-a(t_k-t_1)} + \frac{b}{a}, \quad k = 1, 2, \dots, n; \quad (13)$$

$$\hat{x}^0(t_{k+1}) = \frac{\hat{x}^1(t_{k+1}) - \hat{x}^1(t_k)}{\Delta t_{k+1}}, \quad k = 1, 2, \dots, n-1. \quad (14)$$

为求得参数  $a, b$ , 令

$$\mathbf{P} = [a, b]^T, \mathbf{B} = \begin{bmatrix} -z^1(t_2) & 1 \\ -z^1(t_3) & 1 \\ \vdots & \vdots \\ -z^1(t_n) & 1 \end{bmatrix},$$

$$\mathbf{Y} = \begin{bmatrix} x^0(t_2) \\ x^0(t_3) \\ \vdots \\ x^0(t_n) \end{bmatrix}.$$

由最小二乘参数估计, 可得:

$$\mathbf{P} = (\mathbf{B}^T \mathbf{B})^{-1} \mathbf{B}^T \mathbf{Y}. \quad (15)$$

由式(9)及式(15)可知, 背景值系数  $\alpha$  决定了参数  $a$  和  $b$ , 其值对 GM(1,1)的预测精度影响很大, 而

最优  $\alpha$  值难以选取, 目前还没有统一的解决方案.

## 2.2 BFA-GM(1,1)优化模型

利用细菌觅食算法良好的寻优能力, 将细菌觅食算法与非等距灰色 GM(1,1)模型相结合, 可有效提高 GM(1,1)模型的预测精度. 图 1 为 BFA-GM(1,1)模型示意图.

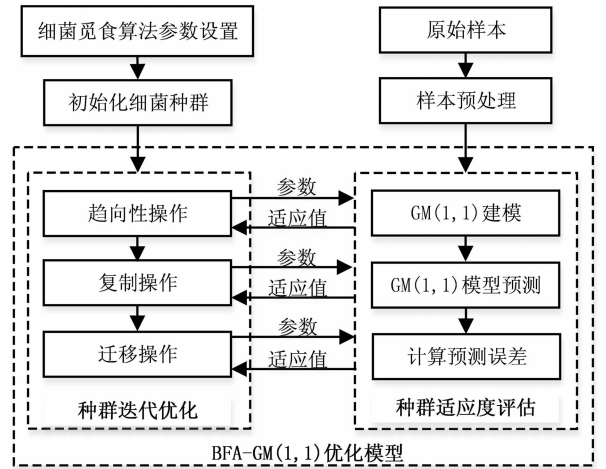


图 1 BFA-GM(1,1)优化模型

Fig. 1 The optimization model of BFA-GM(1,1)

设  $\mathbf{X}^0 = \{x^0(t_1), x^0(t_2), \dots, x^0(t_n)\}^T$  为非等距原始样本序列, 则 BFA-GM(1,1)算法的步骤如下:

1) 由于疲劳寿命范围一般为  $10^2 \sim 10^7$ , 样本值跨度较大, 实验获得的样本数量少且离散度不均匀, 不满足 GM(1,1)建模的级比条件, 因此, 为了提高 GM(1,1)模型的有效性和预测精度, 在建模之前, 对原始样本数据按下式进行预处理:

$$\mathbf{N}_x^0 = \lg(\mathbf{X}^0). \quad (16)$$

2) 读取样本数据  $\mathbf{N}_x^0$ , 设定细菌种群数为  $N$ , 并随机产生  $N$  个  $\alpha$  作为  $N$  个细菌的初始位置, 其中  $\alpha \in (0, 1)$ .

3) 遍历细菌种群, 以每个细菌所在的位置为参数  $\alpha$  的值, 建立 GM(1,1)模型.

4) 利用步骤 3) 建立好的 GM(1,1)模型对  $\mathbf{N}_x^0$  进行预测, 得到预测值  $\hat{\mathbf{N}}_x^0$ , 计算预测误差  $E_{\text{ror}}$ , 并以  $E_{\text{ror}}$  值作为细菌的适应度  $F$ , 即

$$F = E_{\text{ror}} = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n |n_x^0(t_k) - \hat{n}_x^0(t_k)|. \quad (17)$$

5) 依次执行趋向性操作、复制操作、迁移操作, 每次细菌的位置发生变化时, 按步骤 4) 对细菌重新进行适应度评价.

6) 计算细菌种群的运动步长,若满足  $C^i(j, k+1, l) < \epsilon$ , 迭代停止, 否则, 继续执行步骤 5), 即

$$\frac{\max [F(j, k, l)] - \min [F(j, k, l)]}{M_2} < \epsilon. \quad (18)$$

其中:  $M_2$  为比例缩放因子;  $\epsilon$  为给定的收敛常数.

### 3 飞机尾翼疲劳寿命预测分析

#### 3.1 疲劳数据与预处理

试验数据来源于文献[7], 试验采用某型飞机尾翼结构, 在疲劳寿命专用试验平台上进行长期试验获得. 其原始疲劳数据如表 1 所示.

表 1 某型飞机尾翼疲劳试验数据

Tab. 1 Fatigue data of a certain type of empennage

级数	应力/MPa	寿命/次
1	375.3	702 960
2	488.9	235 430
3	564.9	135 940
4	716.7	53 300
5	826.5	26 250
6	894.9	16 450
7	1 164.1	9 440
8	1 323.2	3 020

由表 1 可知, 疲劳试验数据跨度较宽且离散度较大. 按式(7)计算得到级比序列为:

$$\sigma^0 = (2.9859, 1.7319, 2.5505, 2.0305, 1.5957, 1.7426, 3.1258).$$

对于所有的  $\sigma_k^0, k = 2, 3, \dots, 8$ , 不满足级比条件  $\sigma_k^0 \in (0.8007, 1.2488)$ , 原序列不适合 GM(1, 1) 建模. 故按式(16)对原始疲劳数据进行预处理, 处理后的级比序列为:

$$\sigma^0 = (1.0884, 1.0465, 1.0860, 1.0696, 1.0481, 1.0607, 1.1422).$$

满足  $\sigma_k^0 \in (0.8007, 1.2488), k = 2, 3, \dots, 8$ , 说明处理后的数据适合 GM(1, 1) 建模. 处理后的数据样本如表 2 所示.

#### 3.2 BFA-GM(1,1)建模与优化分析

为了验证本文方法的有效性, 共进行了 4 组试验, 编号分别为: T1, T2, T3, T4. 前 3 组试验从表 2 中随机选取 6 组不同编号的样本作为建模样本, 剩余 2 组数据作为测试样本, 测试样本的选取分别位于试验数据序列的不同位置, 以便说明模型的有效性, T4 试验中将全部样本作为建模样本和测试样本. 试验方案如表 3 所示.

表 2 预处理后的试验数据样本  
Tab. 2 The pretreated data for experiments

样本	T	$N_x^0$
1#	375.3	5.8469
2#	488.9	5.3719
3#	564.9	5.1333
4#	716.7	4.7267
5#	826.5	4.4191
6#	894.9	4.2162
7#	1 164.1	3.9750
8#	1 323.2	3.4800

表 3 试验样本分配方案  
Tab. 3 Test sample allocation scheme

试验编号	建模样本	测试样本	级比序列	级比条件
T1	1#	3#	1.0884	满足
	2#		1.1365	
	4#		1.0696	
	5#		1.0481	
	6#		1.0607	
	7#			
T2	1#	3#	1.0884	满足
	2#		1.1365	
	4#		1.0696	
	5#		1.0481	
	6#		1.2115	
	8#			
T3	1#	7#	1.0884	满足
	2#		1.0465	
	3#		1.0860	
	4#		1.0696	
	5#		1.0481	
	6#			
T4	1#	1#	1.0884	满足
	2#	2#	1.0465	
	3#	3#	1.0860	
	4#	4#	1.0696	
	5#	5#	1.0481	
	6#	6#	1.0607	
	7#	7#	1.1422	
	8#	8#		

在细菌觅食算法参数选取上, 设定细菌总数  $N=60$ , 复制操作的最大次数  $R_{\text{num}}=5$ , 趋向性操作的最大次数  $E_{\text{num}}=5$ , 迁移操作的概率  $P=0.5$ , 收敛阈值  $\epsilon=10^{-10}$ , 优化区间为  $(0, 1)$ . 图 2 显示了 T1 试验的 BFA-GM(1, 1) 模型部分迭代过程中的细菌种群分布状态.

此外, 为了验证模型的有效性, 选取常用的粒子群算法 (Particle Swarm Optimization, PSO)<sup>[19]</sup> 和遗传算法 (Genetic Algorithm, GA)<sup>[20]</sup> 分别在相同条件下对 GM(1, 1) 模型背景值系数  $\alpha$  进行优化. 粒子群算法中, 粒子数量为 60, 加速因子  $C_1=1.5, C_2$

$=1.7$ , 惯性权值  $W=1$ ; 遗传算法中, 种群大小为 60, 交叉概率为 0.4, 变异概率为 0.01. 在 Window 7 平台上采用 Matlab 编程运行. 为了让程序不陷入死循环并最终获得优化解, 同时确保程序快速获得优

化解, 设定算法终止条件为  $\epsilon < 10^{-10} \parallel N_{iter} > 100$ , 其中:  $\epsilon$  为收敛残差(式(18)),  $N_{iter}$  为最大迭代次数. 表 4 为 4 组试验和 3 种模型的优化参数及性能.

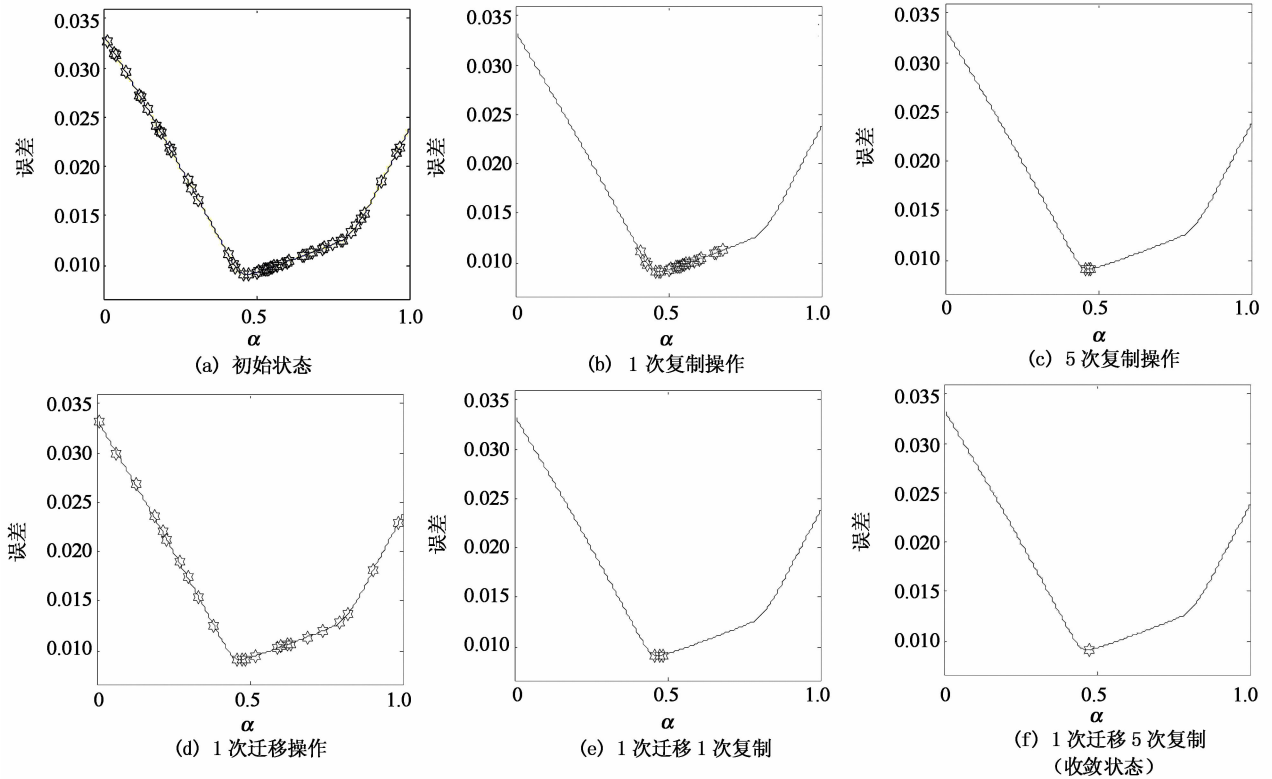


图 2 试验 T1-BFA-GM(1,1)模型参数优化过程中细菌种群分布

Fig. 2 Experiment T1-bacterial population distribution of the T1-BFA-GM (1, 1) model parameters optimization process

表 4 3 种模型的优化参数及性能

Tab. 4 The optimization parameters and performance of the three models

试验编号	模型	终止条件		耗时/s	$\alpha^*$	$a/10^{-4}$	$\hat{b}$	平均误差/%
		$\epsilon < 10^{-10}$	$N_{iter} > 100$					
T1	BFA-GM(1,1)	$\epsilon < 10^{-10}$		1.72	0.472 047	5.108 5	12.489 592	8.901 6
	PSO-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	1.84	0.468 811	5.108 9	12.484 565	8.914 1
	GA-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	3.01	0.478 006	5.108 3	12.491 976	8.929 6
T2	BFA-GM(1,1)	$\epsilon < 10^{-10}$		1.81	0.761 492	5.970 8	0.963 433	12.868 4
	PSO-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	1.95	0.767 403	5.964 5	0.963 694	12.945 5
	GA-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	2.99	0.771 264	5.603 0	0.963 862	13.069 9
T3	BFA-GM(1,1)	$\epsilon < 10^{-10}$		1.80	0.496 579	5.781 8	0.950 842	9.974 9
	PSO-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	1.98	0.494 485	5.787 8	0.951 474	10.057 7
	GA-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	3.27	0.503 499	5.785 9	0.951 286	10.034 1
T4	BFA-GM(1,1)	$\epsilon < 10^{-10}$		1.75	0.502 502	5.295 8	0.942 474	8.745 3
	PSO-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	1.91	0.511 033	5.293 3	0.942 843	8.755 2
	GA-GM(1,1)		$N_{iter}=100$	4.63	0.499 511	5.296 7	0.942 344	8.750 2

比较表 4 中的 4 组试验的结果, 从终止条件来分析, 本文提出的 BFA-GM(1,1) 模型迭代次数均没有达到设定的最大次数  $N_{iter}=100$  就使种群满足  $\epsilon < 10^{-10}$ , 而其他 2 种模型迭代停止时达到了设定

的最大迭代次数, 这说明 BFA-GM(1,1) 模型的收敛速度比后 2 种模型的收敛速度快. BFA-GM(1,1) 模型所需要的时间少于其他 2 种方法, 依次为 T1: 1.72 s; T2: 1.81 s; T3: 1.80 s; T4: 1.75 s; PSO-GM

(1,1)模型消耗的时间次之,而 GA-GM(1,1)模型消耗的时间最多,4组试验中最少也需要 2.99 s. 原因在于粒子群算法中粒子的运动特性受多个参数的共同控制,在实际应用过程中难以对粒子的寻优能力进行最优控制. 遗传算法一方面需要对解进行编码及解码操作,而编码的长度直接影响算法的速度和解的精度,编码越长,精度越高,但计算时间就越长,编码短,则精度又无法保证;另一方面,遗传算法需要进行交叉、变异等操作,需要消耗很多的时间,影响了迭代的速度. 从表 4 中的预测误差可以看出,本文提出的 BFA-GM(1,1)模型的预测精度比其他 2 种方法高,依次为 8.901 6%, 12.868 4%, 9.974 9%, 8.745 3%, 这表明本文提出的 BFA-GM(1,1)模型具有优越性.

### 3.3 尾翼寿命预测结果分析

为了说明参数  $\alpha$  对预测结果的影响,试验选取  $\alpha = \alpha^*$ ,  $\alpha = \text{rand}()$  和  $\alpha \neq \alpha^*$  时对测试样本及建模样本同时进行预测. 表 5 为 BFA-GM(1,1)模型对所有数据样本进行预测并根据式(16)还原为尾翼寿命的预测结果,其中标星号的数据为对应的测试样本的预测结果,其余为建模样本的预测结果.

表 5 BFA-GM(1,1)模型预测结果  
Tab. 5 The prediction results of BFA-GM(1, 1) model

级数	应力 /MPa	真实寿命 /次	T1				T2			
			$\alpha^* = 0.472\ 047$		$\alpha = 0.147\ 748$		$\alpha^* = 0.761\ 492$		$\alpha = 0.372\ 319$	
			预测寿命 /次	相对误差 /%	预测寿命 /次	相对误差 /%	预测寿命 /次	相对误差 /%	预测寿命 /次	相对误差 /%
1	375.3	702 960	702 960	0	702 960	0	702 960	0	702 960	0
2	488.9	235 430	184 872	21.46	140 366	40.38	272 609	17.79	201 380	14.46
3	564.9	135 940	104 110*	23.42*	80 449*	40.82*	136 317*	2.22*	99 481*	26.82*
4	716.7	53 300	54 296	1.87	42 788	19.72	62 623	20.02	45 188	15.22
5	826.5	26 250	26 804	2.11	21 571	17.82	27 169	5.94	19 417	26.03
6	894.9	16 450	17 015	3.43	13 876	15.65	15 954	0.61	11 350	31.00
7	1 164.1	9 440	7 658	18.88	6 390	32.31	6 339*	31.07*	4 491*	52.43*
8	1 323.2	3 020	3 019*	0.033*	2 585*	14.40*	2 195	25.30	1 554	48.54
平均误差/%			8.901 6		22.638 4		12.868 4		26.813 1	
级数	应力 /MPa	真实寿命 /次	T3				T4			
			$\alpha^* = 0.496\ 579$		$\alpha = 0.158\ 129$		$\alpha^* = 0.502\ 502$		$\alpha = 0.936\ 519$	
			预测寿命 /次	相对误差 /%	预测寿命 /次	相对误差 /%	预测寿命 /次	相对误差 /%	预测寿命 /次	相对误差 /%
1	375.3	702 960	702 960	0	702 960	0	702 960	0	702 960	0
2	488.9	235 430	238 561	1.33	183 543	22.04	221 354	5.99	279 544	18.74
3	564.9	135 940	123 108	9.44	98 485	27.55	121 044	10.96	153 935	13.24
4	716.7	53 300	58 483	9.72	48 797	8.45	61 147	14.72	78 281	46.87
5	826.5	26 250	26 252	0.01	22 874	12.86	29 206	11.26	37 610	43.28
6	894.9	16 450	15 734	4.35	14 077	14.43	18 167	10.44	23 464	42.69
7	1 164.1	9 440	6 460*	31.57*	6 035*	36.07*	7 910	16.21	10 247	8.55
8	1 323.2	3 020	2 314*	23.38*	2 263*	25.07*	3 008	0.4	3 901	29.17
平均误差/%			9.974 9		18.307 9		8.745 3		25.309 9	

从表 5 中 4 组试验的预测结果可以知道,一方面,背景值系数  $\alpha$  对 GM(1,1)模型的预测结果影响很大,以 T1 为例,当  $\alpha$  取优化解  $\alpha^* = 0.472\ 047$  时,平均误差为 8.901 6%,远小于非优化值  $\alpha = 0.147\ 748$  时的预测平均误差 22.638 4%,这说明对  $\alpha$  的值进行优化选取是十分必要的,通过对参数  $\alpha$  进行优化选取,能大大降低预测误差;另一方面,对于不同的 GM(1,1)模型,其最优背景值  $\alpha^*$  是不一样的,如果通过随机选取或凭经验选取,无法保证模型的预测精度.

从 4 组试验的优化预测结果来看,T4 的平均误差最小,其次是 T1,误差最大为 T2,这说明建模样本及预测样本的数量和分布对 BFA-GM(1,1)模型的性能有一定的影响. 一方面,GM(1,1)模型的性能受建模数据的光滑程度的影响,若建模数据中存在跳跃点,模型的性能会下降;另一方面,样本间距的不均匀性也对模型的性能有一定的影响,从而导致试验中部分点的预测误差偏大,这是今后需要继续深入研究的. 但总体来看,平均预测误差分别为 8.901 6%, 12.868 4%, 9.974 9%, 8.745 3% 是完全可以接受的.

## 4 结 论

论文将细菌觅食算法与非等距 GM(1,1)模型相结合,提出了非等距 BFA-GM(1,1)模型,并以飞机尾翼疲劳寿命预测为实例,比较分析了 BFA-GM(1,1)、PSO-GM(1,1)和 GA-GM(1,1) 3种模型的性能,得出以下结论:

1)在对非等距 GM(1,1)模型背景值系数  $\alpha$  进行优化时,细菌觅食算法比粒子群算法和遗传算法更适合,前者能够提高优化的速度和模型预测精度。

2)BFA-GM(1,1)优化模型适合对飞机尾翼疲劳寿命进行建模及预测,为寿命预测提供了一种快速、有效的方法。

## 参考文献

[1] 孙玉兰,王茂廷.基于灰色模型 GM(1,1)的疲劳寿命预测[J].科学技术与工程,2011,11(3):560-562.  
SUN Yu-lan, WANG Mao-ting. Prediction for fatigue life based on grey model GM(1,1)[J]. Science Technology and Engineering, 2011, 11(3): 560-562. (In Chinese)

[2] CHEN C I, HUANG S J. The necessary and sufficient condition for GM(1,1) grey prediction model[J]. Applied Mathematics and Computation, 2013, 219(11): 6152-6162.

[3] 伍铁斌,阳春华,孙备,等.灰色模糊 LSSVM 预测模型在锌净化除钴中的应用[J].中国有色金属学报,2012,22(8):2382-2386.  
WU Tie-bin, YANG Chun-hua, SUN Bei, et al. Grey fuzzy-LSSVM forecasting model and its application in cobalt removal from zinc electrolyte[J]. The Chinese Journal of Nonferrous Metals, 2012, 22(8): 2382-2386. (In Chinese)

[4] 郭云开,谢刚,程刚,等.非等时距灰色预测模型在连拱隧道监测中的应用[J].现代隧道技术,2013,50(1):73-79.  
GUO Yun-kai, XIE Teng, CHENG Gang, et al. Application of unequal time-interval grey predicting model to multiple-arch tunnel monitoring [J]. Modern Tunneling Technology, 2013, 50(1): 73-79. (In Chinese)

[5] TONG R, SHEN M X, KANG J S, et al. Gray-markov GM(1,1) prediction model optimal allocation of equipment maintenance personnel based on difference method[J]. Applied Mechanics and Materials, 2014, 484: 847-852.

[6] NI C C. Prediction of fatigue crack growth of 2024-t351 by grey GM(1,1) model with rolling check [J]. Advanced Materials Research, 2013, 690: 1779-1783.

[7] 崔建国,巩俊杰,董世良,等.基于灰色理论的飞机结构疲劳寿命预测[J].沈阳航空航天大学学报,2011,28(1):23-27.  
CUI Jian-guo, GONG Jun-jie, DONG Shi-liang, et al. Fatigue life prediction of aeroplane structures based on grey theory[J]. Journal of Shenyang Aerospace University, 2011, 28(1): 23-27. (In Chinese)

[8] 李晓钢,王亚辉.利用非等距灰色理论方法判定失效机理一致性[J].北京航空航天大学学报,2014,40(7):899-904.  
LI Xiao-gang, WANG Ya-hui. Identification method of failure mechanism consistency by non-equidistance grey theory model [J]. Journal of Beijing University of Aeronautics and Astronautics, 2014, 40(7): 899-904. (In Chinese)

[9] 肖新平,毛树华.灰色预测与决策方法[M].北京:科学出版社,2013:202-214.  
XIAO Xin-ping, MAO Shu-hua. Grey forecasting and decision-making methods[M]. Beijing: Science Press, 2013: 202-214. (In Chinese)

[10] 王国华,辛江涛,辛敏洁,等.基于遗传算法的 GM(1,1, $\lambda$ )改进模型[J].电子设计工程,2014,22(10):38-41.  
WANG Guo-hua, XIN Jiang-tao, XIN Min-jie, et al. Improved grey model based on genetic algorithm [J]. Electronic Design Engineering, 2014, 22(10): 38-41. (In Chinese)

[11] HSU L C. Forecasting the output of integrated circuit industry using genetic algorithm based multivariable grey optimization models[J]. Expert Systems with Applications, 2009, 36(4): 7898-7903.

[12] 刘虹,张岐山.基于微粒群算法的 GM(1,1, $\lambda$ )模型的机械产品寿命预测[J].机械设计,2007,24(10):4-5.  
LIU Hong, ZHANG Qi-shan. Life-span prediction on mechanical products of GM(1,1, $\lambda$ ) model based on particle swarm algorithm [J]. Journal of Machine Design, 2007, 24(10): 4-5. (In Chinese)

[13] 于丽亚,王丰效.基于粒子群算法的非等距 GOM(1,1)模型[J].纯粹数学与应用数学,2011,27(4):472-476.  
YU Li-ya, WANG Feng-xiao. Non-equidistant GOM(1,1) model based on particle swarm optimization algorithm [J]. Pure and Applied Mathematics, 2011, 27(4): 472-476. (In Chinese)

[14] BLUM J, DING M, THAELE A, et al. Handbook of combinatorial optimization[M]. New York: Kluwer Academic Publishers, 2004: 329-369.

[15] KEVIN M P. Biomimicry of bacterial foraging for distributed optimization and control[J]. IEEE Control Systems Magazine, 2002, 22(3): 52-67.

[16] DEVABALAJI K R, RAVI K, KOTHARI D P. Optimal location and sizing of capacitor placement in radial distribution system using bacterial foraging optimization algorithm [J]. International Journal of Electrical Power & Energy Systems, 2015, 71: 383-390.

[17] PANDA R, NAIK M K. A novel adaptive crossover bacterial foraging optimization algorithm for linear discriminant analysis based face recognition [J]. Applied Soft Computing, 2015, 30: 722-736.

[18] 杨大炼,刘义伦,李学军,等.基于细菌觅食优化决策的齿轮箱故障诊断[J].中南大学学报:自然科学版,2015,46(4):1224-1230.  
YANG Da-lian, LIU Yi-lun, LI Xue-jun, et al. Gearbox fault diagnosis based on bacterial foraging algorithm optimization decisions [J]. Journal of Central South University: Science and Technology, 2015, 46(4): 1224-1230. (In Chinese)

[19] 曹一家,曹丽华,李勇,等.改进的自适应多目标粒子群算法[J].湖南大学学报:自然科学版,2014,41(10):84-90.  
CAO Yi-jia, CAO Li-hua, LI Yong, et al. Improved adaptive multiobjective particle swarm algorithm [J]. Journal of Hunan University: Natural Sciences, 2014, 41(10): 84-90. (In Chinese)

[20] 邓元望,王兵杰,张上安,等.基于混沌遗传算法的 PHEV 能量管理策略优化[J].湖南大学学报:自然科学版,2013,40(4):42-48.  
DENG Yuan-wang, WANG Bing-jie, ZHANG Shang-an, et al. Optimization of energy management strategy of PHEV based on chaos-genetic algorithm [J]. Journal of Hunan University: Natural Sciences, 2013, 40(4): 42-48. (In Chinese)