

# RBF ネットワークと免疫的アルゴリズムによる 非線形システムのオンライン同定法

八野 知博\* 松本 雅裕\*\* 高田 等\*

## On-line Identification Method of Nonlinear Systems Using RBF Networks and Immune Algorithm

Tomohiro HACHINO, Masahiro MATSUMOTO and Hitoshi TAKATA

This paper deals with an on-line identification method based on the radial basis function (RBF) network model for continuous-time nonlinear systems. The nonlinear term of the objective system is represented by the RBF network. The immune algorithm (IA) is utilized to track the system parameters and nonlinear term. The objective function for the identification is regarded as the antigen. The candidates of the estimated model are coded into binary bit strings as the antibodies and searched by the IA. Numerical experiments are carried out to demonstrate the effectiveness of the proposed method.

**Keywords:** Identification, On-line, Nonlinear system, Continuous-time system, RBF network, Immune algorithm

### 1. はじめに

ほとんどの実システムは本質的に非線形特性を有しており、時間と共に変化する時変システムである場合も多い。このようなシステムの解析や制御などを行うには、一般にその精度良いモデルが必要であり、そのためのオンライン同定法の開発が望まれる。Radial Basis Function (以下 RBF と記す) ネットワークモデルは、パラメータに関して線形なモデルであり、通常の線形最小二乗法が適用できるなどの理由で非線形システム同定分野でしばしば用いられている<sup>1)~3)</sup>。RBF ネットワークに基づくオンライン同定法もいくつか報告されているが、これらは静的システムあるい

は離散時間システムを対象としている<sup>4)~7)</sup>。一般に離散時間システムのパラメータは物理パラメータと必ずしも一致していないため、連続時間モデルに基づいて同定を行ったほうが、解析や制御設計に好都合な場合が多い。

筆者らは、逐次型最小二乗法と遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; 以下 GA と記す)<sup>8)</sup> をブートストラップ的に組み合わせたオンライン同定法を提案した<sup>9)</sup>。しかし、この手法では、RBF の中心位置のみ更新され、RBF の幅や個数のオンライン更新は考慮されていない。また、GA は初期の段階で集団の多様性が失われる可能性があり、このことは対象とするシステムが時間と共に変化した際の追従速度劣化を招く恐れがある。

本稿では、RBF ネットワークと免疫的アルゴリズム (Immune Algorithm; 以下 IA と記す)<sup>10)~12)</sup> を用いた連続時間非線形システムのオンライン同定法を報

2005 年 8 月 31 日受理

\* 電気電子工学科

\*\* 博士前期課程電気電子工学専攻

告する。IA は生物の免疫システムを工学的に模倣した最適化アルゴリズムの一種であり、抗体間の親和度を導入することにより、抗体産生の促進と抑制機能を有しているため、抗体遺伝子の多様性を維持することが可能である。また、類似の抗原が再現した際に、記憶細胞に確保されている過去に有効であった抗体を素早く対応させる記憶機能も有している。本同定法では、同定のための目的関数（評価関数）を抗原とする。また、RBF の中心位置、幅、個数および線形項のシステムパラメータからなる推定モデルの候補を抗体とみなし、IA によりオンラインで探索する。

本稿は以下のように構成されている。第 2 節では問題の設定を述べ、第 3 節では同定モデルを導出する。第 4 節では、IA によるオンライン同定アルゴリズムについて述べる。第 5 節ではシミュレーション実験結果を示し、第 6 節で結論を述べる。

## 2. 問題の設定

次の入出力連続時間非線形システムを同定の対象とする。

$$\sum_{i=0}^n a_i p^{n-i} x(t) + f(z(t)) = \sum_{j=0}^m b_j p^{m-j} u(t) \quad (1)$$

$(i \neq n_1, n_2, \dots, n_k, \quad j \neq m_1, m_2, \dots, m_l, \\ a_0 = 1, \quad n \geq m)$

$$z(t) = [p^{n-n_1} x(t), p^{n-n_2} x(t), \dots, p^{n-n_k} x(t), \\ p^{m-m_1} u(t), p^{m-m_2} u(t), \dots, p^{m-m_l} u(t)]^T$$

ここで、 $u(t)$  および  $x(t)$  はそれぞれ入出力信号を表し、 $f(\cdot)$  は未知非線形関数を表す。 $p$  は微分演算子である。 $n, n_i (i = 1, 2, \dots, k), m, m_j (j = 1, 2, \dots, l)$  は既知とする。本稿では、入出力データから線形項に含まれるシステムパラメータ  $\{a_i\}, \{b_j\}$  と未知非線形関数  $f(\cdot)$  をオンラインで同定する。

## 3. 同定モデル

### 3.1 遅延型状態変数フィルタの導入

信号の高次微分を取り扱うために、次の状態変数フィルタ  $F(p)$  を導入する。

$$F(p) = \frac{1}{p^q + \gamma_1 p^{q-1} + \dots + \gamma_q} \quad (q > n) \quad (2)$$

$F(p)$  を (1) 式の両辺に掛けると、

$$\sum_{i=0}^n a_i p^{n-i} x^f(t) + F(p)f(z(t)) = \sum_{j=0}^m b_j p^{m-j} u^f(t) \quad (3)$$

ここで、

$$\begin{cases} x^f(t) = F(p)x(t) \\ u^f(t) = F(p)u(t) \end{cases} \quad (4)$$

である。 $x^f(t), u^f(t)$  およびこれらの高次微分は (4) 式から得られる。

さて、 $F(p)$  として時間遅れ特性を持つ遅延型状態変数フィルタを選べば、フィルタと非線形関数の交換が可能となり<sup>13),14)</sup>、 $F(p)f(z(t)) = f(F(p)z(t)) = f(z^f(t))$  が成立する。したがって、(3) 式は

$$\sum_{i=0}^n a_i p^{n-i} x^f(t) + f(z^f(t)) = \sum_{j=0}^m b_j p^{m-j} u^f(t) \quad (5)$$

となる。一般に、バターワースフィルタは遮断周波数  $\omega_c$  以下ではほぼ時間遅れ特性を有することから、本稿では簡単のため、 $F(p)$  としてバターワースフィルタを用いる。

### 3.2 RBF ネットワークモデルの導出

RBF ネットワークの概要を図-1 に示す。このネットワークにより任意の非線形関数  $f: \mathbb{R}^r \rightarrow \mathbb{R}$  は次のように表現できる。

$$f(\mathbf{x}) \simeq w_0 + \sum_{i=1}^M w_i \phi_i(\mathbf{x} - \mathbf{c}_i) \quad (6)$$

ただし、本稿では RBF として次のガウシアン関数を用いる。

$$\phi_i(\mathbf{x} - \mathbf{c}_i) = \exp\{-\|\mathbf{x} - \mathbf{c}_i\|^2/d_i^2\} \quad (7)$$

ここで、 $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^r$  は  $r$  次元入力ベクトル、 $\mathbf{c}_i \in \mathbb{R}^r$  は  $i$  番目の RBF の中心位置、 $d_i \in \mathbb{R}^+$  は正の実数で RBF の幅、 $M$  は正の整数で RBF の個数、 $\|\cdot\|$  はユークリッドノルム、 $w_i \in \mathbb{R}$  は  $i$  番目の RBF の重みパラメータである。

さて、(6) 式において  $\mathbf{x} = z^f(t)$ 、 $r = k+l$  とおくと、(5) 式の未知非線形関数は RBF ネットワークを用いて

$$f(z^f(t)) = w_0 + \sum_{i=1}^M w_i \phi_i(z^f(t) - \mathbf{c}_i) - \varepsilon(t) \quad (8)$$

と表現される。ただし  $\varepsilon(t)$  は近似誤差である。

(8) 式を (5) 式に代入すると、次の同定モデルが得られる。

$$p^n x^f(t) = \varphi^T(t)\theta + \varepsilon(t) \quad (9)$$

ただし、

$$\begin{aligned} \varphi(t) &= [\psi_1^T(t), -\psi_2^T(t)]^T \\ \psi_1(t) &= [-p^{n-1}x^f(t), \dots, -p^{n-i}x^f(t), \dots, \\ &\quad -x^f(t), p^m u^f(t), \dots, p^{m-j}u^f(t), \dots, u^f(t)]^T \\ &\quad (i \neq n_1, n_2, \dots, n_k, j \neq m_1, m_2, \dots, m_l) \\ \psi_2(t) &= [1, \phi_1(z^f(t) - c_1), \dots, \phi_M(z^f(t) - c_M)]^T \\ \theta &= [\vartheta_1^T, \vartheta_2^T]^T \\ \vartheta_1 &= [a_1, \dots, a_i, \dots, a_n, b_0, \dots, b_j, \dots, b_m]^T \\ &\quad (i \neq n_1, n_2, \dots, n_k, j \neq m_1, m_2, \dots, m_l) \\ \vartheta_2 &= [w_0, w_1, \dots, w_M]^T \end{aligned}$$

である。

以後、 $t = kT$  ( $T$ : サンプル周期) ごとに離散化した信号を  $x^f(k)$ 、 $\varphi(k)$  のように記す。

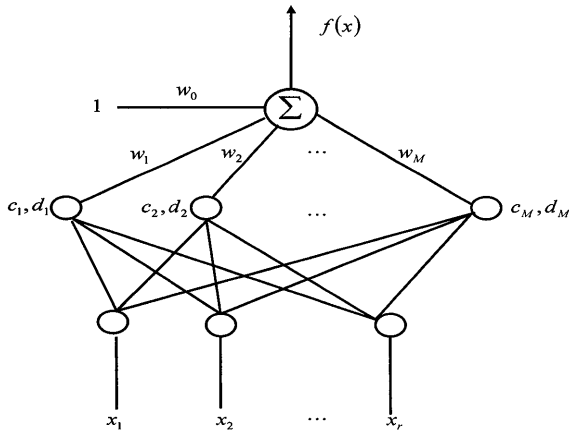


図-1 RBF ネットワーク

## 4. IA によるオンライン同定

### 4.1 コーディングとデコーディング

(9) 式と同定モデルに基づき、IA を用いてオンライン同定を行う。すなわち、 $\Omega = \{M, \{c_i\}, \{d_i\}, \theta\}$  を IA で同定する。同定のための目的関数、すなわち式誤差の二乗平均を抗原とみなし、 $\Omega$  の候補を抗体として二進文字列  $S$  でコーディングする。図-2 に示すよう

に、文字列  $S$  は  $S_1$ 、 $S_2$ 、 $S_3$  ブロックから構成されており、 $S_1$  ブロックは RBF の個数  $M$ 、中心位置  $\{c_i\}$ 、幅  $\{d_i\}$ 、重みパラメータ  $\{w_i\}$  ( $i = 1, 2, \dots, M_{max}$ ) に関するブロック、 $S_2$  ブロックは RBF の定数項の重みパラメータ  $w_0$  に関するブロック、 $S_3$  ブロックは線形項のシステムパラメータ  $\{a_i\}$ 、 $\{b_j\}$  に関するブロックである。

	$S_1$ block	$S_2$ block	$S_3$ block
$S$ :	$M, \{c_i\}, \{w_i\}, \{d_i\}$ ( $i=1, 2, \dots, M_{max}$ )	$w_0$	$\{a_i\}$ ( $i=1, 2, \dots, n$ ) $\{b_j\}$ ( $j=1, 2, \dots, m$ )

図-2 コーディング

[ $S_1$  ブロックについて]

$S_1$  ブロックのコーディング及びデコーディング例を図-3 に示す。 $M_{max}$  個の RBF の中心位置候補が中心位置探索空間上に用意され、 $S_1$  ブロックは対応する  $M_{max}$  個のサブブロックから構成されている。各サブブロックの最初の遺伝子が "1" ならば、対応する中心位置の候補を採用し、その重みパラメータと幅を次のようにデコーディングする。

$$w_i = \frac{w_{max} - w_{min}}{2^{L_1} - 1} W_i + w_{min} \quad (10)$$

$$d_i = \frac{d_{max} - d_{min}}{2^{L_1} - 1} D_i + d_{min} \quad (11)$$

ここで、 $W_i$ 、 $D_i$  は  $S_1$  ブロックの該当する二進文字列を十進数に変換した値、 $L_1$  は該当する二進文字列のビット数、 $[w_{min}, w_{max}]$  及び  $[d_{min}, d_{max}]$  はそれぞれ RBF の重みパラメータと幅の探索範囲である。

[ $S_2$  ブロックについて]

RBF の定数項の重みパラメータ  $w_0$  に関する  $L_2$  ビットの二進文字列であり、そのデコーディングは次式により実行される。

$$w_0 = \frac{w_{max} - w_{min}}{2^{L_2} - 1} W_0 + w_{min} \quad (12)$$

ここで、 $W_0$  は  $S_2$  ブロックの二進文字列を十進数に変換した値である。

[ $S_3$  ブロックについて]

$S_3$  ブロックは線形項のシステムパラメータに関する二進文字列であり、そのデコーディングは次式によ

り実行される。

$$a_i = \frac{a_{max} - a_{min}}{2^{L_3} - 1} A_i + a_{min} \quad (13)$$

$$b_j = \frac{b_{max} - b_{min}}{2^{L_3} - 1} B_j + b_{min} \quad (14)$$

ただし、 $A_i$ 、 $B_j$  は  $S_3$  ブロックの該当する二進文字列を十進数に変換した値、 $L_3$  は該当する二進文字列のビット数、 $[a_{min}, a_{max}]$  及び  $[b_{min}, b_{max}]$  はそれぞれシステムパラメータ  $\{a_i\}$  及び  $\{b_j\}$  の探索範囲である。

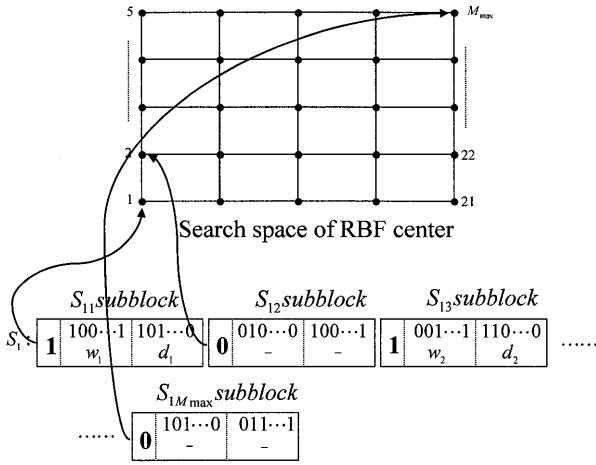


図-3  $S_1$  ブロックのコーディング・デコーディング例

## 4.2 同定アルゴリズム

### step 1：初期候補集団発生

時間ステップ  $k = 0$ 、IA の世代  $g = 0$  とする。二進文字列から構成される初期抗体  $\Omega_v^a(k)$  ( $v = 1, 2, \dots, Q$ ) 及び記憶細胞  $\Omega_v^m(k)$  ( $v = 1, 2, \dots, R$ ) をランダムに発生させる。

### step 2：デコーディング

前節の方法によりデコーディングを行い、抗体の表現型  $\tilde{\Omega}_v^a$  及び記憶細胞の表現型  $\tilde{\Omega}_v^m$  を求める。

### step 3：フィルタリング

入出力データに対し状態変数フィルタを用いてフィルタリング操作を施し、 $x^f(k)$ 、 $u^f(k)$  およびそれらの高次微分を求める。

### step 4：適応度計算

$\tilde{\Omega}_v^a(k)$ 、 $\tilde{\Omega}_v^m(k)$  を用いて各抗体及び各記憶細胞の目的関数（抗原）

$$J_v^a(\tilde{\Omega}_v^a(k)) = \frac{1}{W} \sum_{j=0}^{W-1} \rho^j(k) \left\{ p^n x^f(k-j) - \varphi^T(k-j) \tilde{\theta}_v^a(k) \right\}^2 \quad (v = 1, 2, \dots, Q) \quad (15)$$

$$J_v^m(\tilde{\Omega}_v^m(k)) = \frac{1}{W} \sum_{j=0}^{W-1} \rho^j(k) \left\{ p^n x^f(k-j) - \varphi^T(k-j) \tilde{\theta}_v^m(k) \right\}^2 \quad (v = 1, 2, \dots, R) \quad (16)$$

を求める。ここで、 $W$  は時間ウィンドウ長、 $\rho(k)$  は忘却係数である。

次に (15)、(16) 式の  $J_v^a$  及び  $J_v^m$  を用いて、抗原と抗体  $\Omega_v^a(k)$  の親和度（適応度）

$$F_v^a = \frac{1}{1 + J_v^a} \quad (v = 1, 2, \dots, Q) \quad (17)$$

及び抗原と記憶細胞  $\Omega_v^m(k)$  の親和度（適応度）

$$F_v^m = \frac{1}{1 + J_v^m} \quad (v = 1, 2, \dots, R) \quad (18)$$

を計算する。

### step 5：推定モデルの決定

抗体集団及び記憶細胞集団内で最も適応度が高かった抗体あるいは細胞  $\Omega_{best}(k)$  から構成されるモデルを時間ステップ  $k$  における推定モデルとする。

### step 6：抗体の集団における濃度計算

抗体  $\Omega_v^a(k)$  と抗体  $\Omega_w^a(k)$  の親和度  $ay_{v,w}$  を次式により計算する。

$$ay_{v,w} = \frac{1}{1 + H_{v,w}} \quad (19)$$

ただし、 $H_{v,w}$  は両抗体間の平均ハミング距離である。

抗体  $\Omega_v^a(k)$  の抗体集団における濃度  $C_v^a$  は

$$C_v^a = \frac{1}{Q} \sum_{w=1}^Q ac_{v,w} \quad (20)$$

$$ac_{v,w} = \begin{cases} 1 & ay_{v,w} \geq T_{ac1} \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (21)$$

により計算する。ただし、 $T_{ac1}$  は濃度計算における閾値である。

### step 7：記憶細胞への分化

$\Omega_{best}(k)$  と各記憶細胞との親和度の最大値が閾値  $T_{ac2}$  以下ならば、 $\Omega_{best}(k)$  を記憶細胞へ分化させ、ランダムに選ばれた記憶細胞と入れ替える。

### step 8：抗体産生の促進と抑制

抗体の次世代に残る期待値  $E_v^a$  を次式により計算する。

$$E_v^a = \frac{F_v^a}{C_v^a} \quad (v = 1, 2, \dots, Q) \quad (22)$$

次に、期待値  $E_g$  に比例した選択確率で各抗体を複製する。ただし、期待値が低い下位 30% の抗体を消滅させ、消滅させた抗体に代わる新しい抗体をランダムに産生する。

**step 9：交叉**

ランダムに抗体のペアを  $Q/2$  組選択し、交叉確率  $P_c$  に基づき交叉を行う。すなわち、ランダムに選ばれた交叉点の前後で二進文字列を入れ替える。

**step 10：突然変異**

突然変異確率  $P_m$  に基づき、抗体の各遺伝子を反転させる。

**step 11：繰り返し**

時間ステップ  $k = k + 1$ 、IA の世代  $g = g + 1$  として step 2 に戻る。

## 5. シミュレーション実験

### 5.1 実験その1

次のシステムを同定対象とする。

$$\dot{x}(t) + f(z(t)) = b_0 u(t) \quad (23)$$

ただし、線形項パラメータと非線形関数は、表-1 のようにステップ状に変化するものとする。

表-1 線形項パラメータと非線形関数

$t[s]$	$b_0$	$f(z(t))$
[0, 40)	2.0	$(0.8 + 0.2x^2(t))\dot{x}(t) + 4.0x(t)$
[40, 70)	1.0	$(0.5 + 0.3x^2(t))\dot{x}(t) + 3.5x(t)$
[70, 100]	2.0	$(0.8 + 0.2x^2(t))\dot{x}(t) + 4.0x(t)$

入力信号  $u(t)$  として帯域幅 5[rad/s] のランダム信号を用いた。サンプリング周期  $T = 0.01[s]$  とし、 $t = 10 \sim 100[s]$  で同定を実行した。遅延型状態変数フィルタとして 3 次のバターワースフィルタ（遮断周波数  $\omega_c = 5.0[rad/s]$ ）を用いた。RBF の最大個数  $M_{max} = 25$  とした。(15)、(16) 式の時間ウィンドウ長は  $W = 200$  とし、忘却係数は

$$\rho(k) = 0.99\rho(k-1) + 0.01$$

$$(\rho(0) = 0.95 \quad \text{if } \rho(k) \geq 0.97 \text{ then } \rho(k) = 0.97)$$

と設定した。

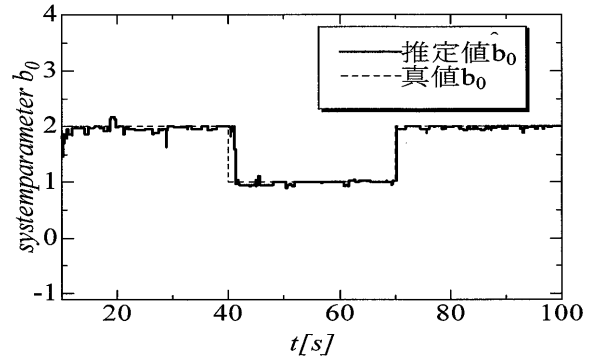
IA の設定パラメータは、以下の通りである。

- ・抗体数  $Q = 70$
- ・記憶細胞数  $R = 30$

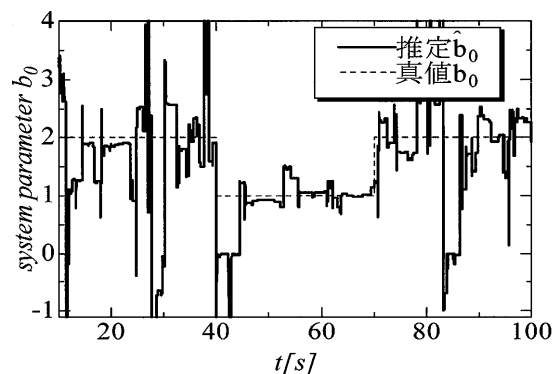
- ・交叉確率  $P_c = 0.8$
- ・突然変異確率  $P_m = 0.03$
- ・閾値  $T_{ac1} = 0.70$
- ・閾値  $T_{ac2} = 0.95$

以下に同定シミュレーションの結果を示す。比較対象として、IA の代わりに GA を用いた場合の同定結果も併せて示す。なお、GA では個体数を 100 とし、その他の設定パラメータ等は IA と同じにした。

図-4 に線形項のシステムパラメータの推定結果を表す。図中、(a) が提案法、(b) が GA による同定法の結果である。GA による同定法では推定値が激しく振動し、同定に失敗しているのに対し、提案法では推定値が真値によく追従していることがわかる。特に図-4(a) において  $t = 40[s]$  でシステムが変化した場合でも推定値が真値に追従できているが、これは IA の多様性維持機構がうまく働いているためと考えられる。また、 $t = 70[s]$  で  $t = 40[s]$  以前のシステムが再現した際、推定値は真値に素早く追従していることが確認できる。これは、 $t = 40[s]$  以前に有効であった抗体、すなわち推定モデルが記憶細胞集団内に保存され、



(a) 提案法 (IA)



(b) GA による同定法

図-4 システムパラメータ  $b_0$  の推定結果

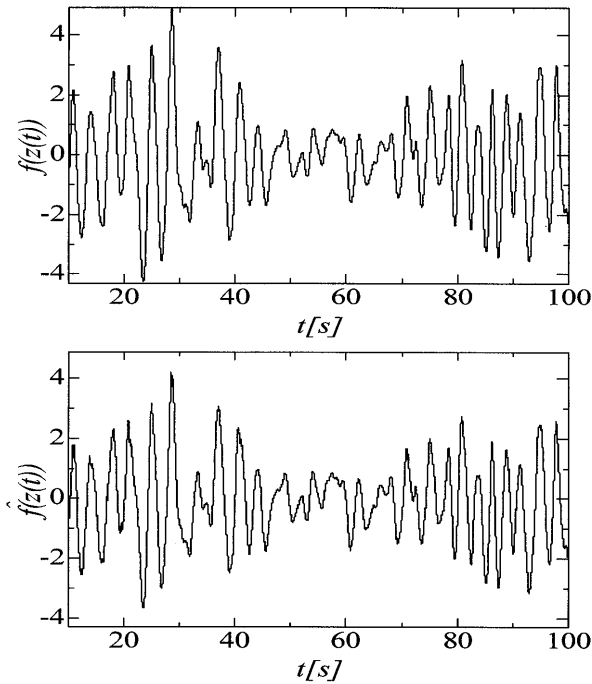


図-5 非線形関数値の推定結果 (提案法 (IA))

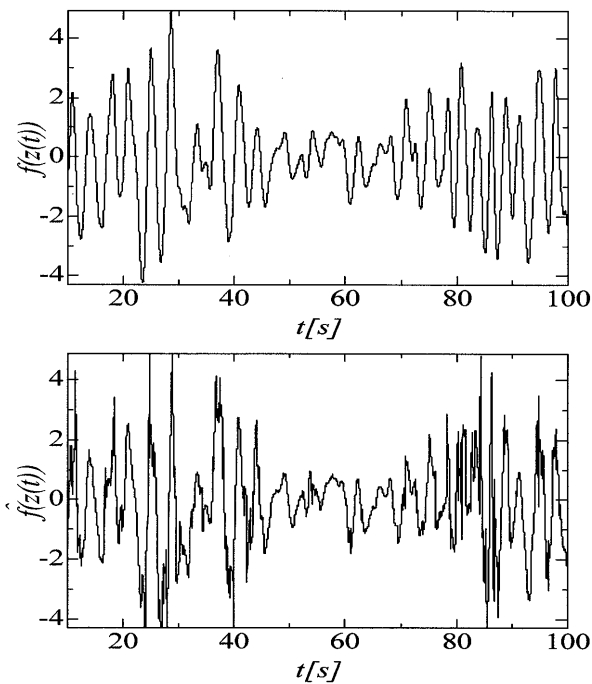


図-6 非線形関数値の推定結果 (GA による同定法)

$t = 70[s]$  で再度同じシステムが出現した際、この記憶細胞が推定モデルとして直ちに採用されたためと考えられる。図-5 及び図-6 に、提案法および GA による同定法を用いた場合の推定非線形関数値  $\hat{f}(z(t))$  を示す。

図より GA による同定法では推定非線形関数値は真値に対してかなりの誤差があるが、提案法では推定非線形関数値は真値に極めて近い結果が得られている。

以上より、IA を導入した提案法が時変の非線形システム同定に有効であることが確認できる。

## 5.2 実験その 2

図-7 のような倒立振り子の運動方程式の一部

$$\ddot{x}(t) = \frac{1}{m_p + m_c - m_p \cos^2 \theta(t)} \times \left\{ -m_p g \sin \theta(t) \cos \theta(t) + l_p m_p \dot{\theta}(t)^2 \sin \theta(t) + \frac{k_m k_g}{rR} u(t) - \frac{k_m^2 k_g^2}{r^2 R} \dot{x}(t) \right\} \quad (24)$$

を考える。 $x(t)$  は台車の位置、 $\theta(t)$  は振り子の角度で垂直上向きを 0、 $u(t)$  はモータへの入力電圧である。ここで、簡単のため、振り子を垂直下向き付近で動作させて同定を行う。したがって、(24) 式において  $\cos^2 \theta(t) \approx 1$  と近似した次式を改めて同定対象とする。

$$\ddot{x}(t) = \frac{1}{m_c} \left\{ -m_p g \sin \theta(t) \cos \theta(t) + l_p m_p \dot{\theta}(t)^2 \sin \theta(t) + \frac{k_m k_g}{rR} u(t) - \frac{k_m^2 k_g^2}{r^2 R} \dot{x}(t) \right\} \quad (25)$$

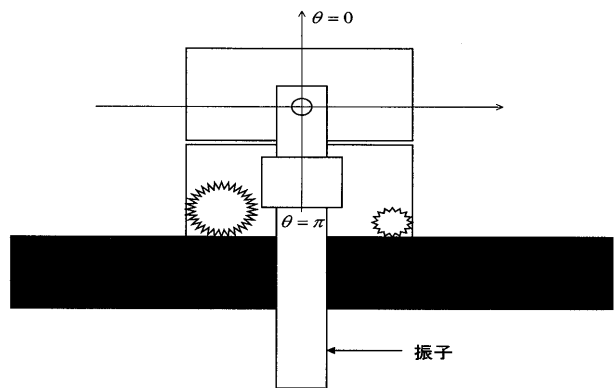


図-7 倒立振り子

Quanser 社製直動型自立倒立振り子の各値

- ・ 振り子の質量  $m_p = 0.231$
- ・ 振り子の長さ/2  $l_p = 0.3140625$
- ・ 台車の質量  $m_c = 0.911$
- ・ 重力加速度  $g = 9.8$
- ・ 逆起電力定数  $k_m = 0.00767$
- ・ ギア比  $k_g = 3.7$

・モータギア半径  $r = 0.0254/4$

・モータ直流抵抗  $R = 2.6$

を用いれば、対象システム (25) 式は (1) 式の形式で

$$\ddot{x}(t) = f(z(t)) + b_0 u(t) + a \dot{x}(t) \quad (26)$$

ただし、

$$a = -8.4325, \quad b_0 = 1.8868$$

$$f(z(t)) = -0.2536 \sin \theta(t) \cos \theta(t) + 0.0796 \dot{\theta}(t)^2 \sin \theta(t)$$

となる。

IA の設定等は実験その 1 と同じである。図-8 に線形項のシステムパラメータ  $a$ 、図-9 に線形項のシステムパラメータ  $b_0$  の推定結果を示す。推定値が真値によく追従していることが確認できる。図-10 に推定非線形関数値  $\hat{f}(z(t))$  を示す。推定非線形関数値は真値に極めて近い結果が得られていることがわかる。以上より、本手法は倒立振子をモデルとしたオンライン同定にも適用可能であることが示された。

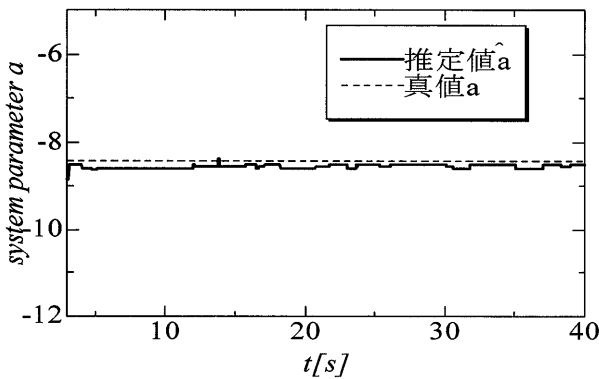


図-8 システムパラメータ  $a$  の推定結果

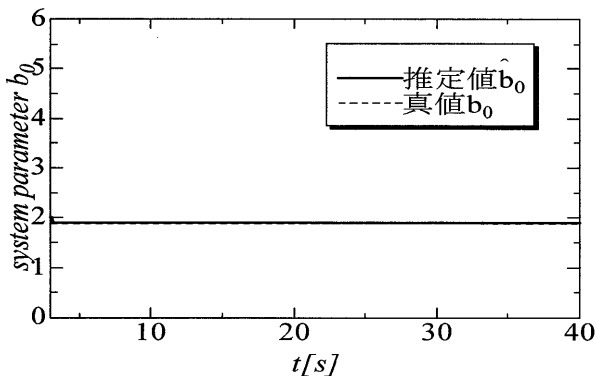


図-9 システムパラメータ  $b_0$  の推定結果

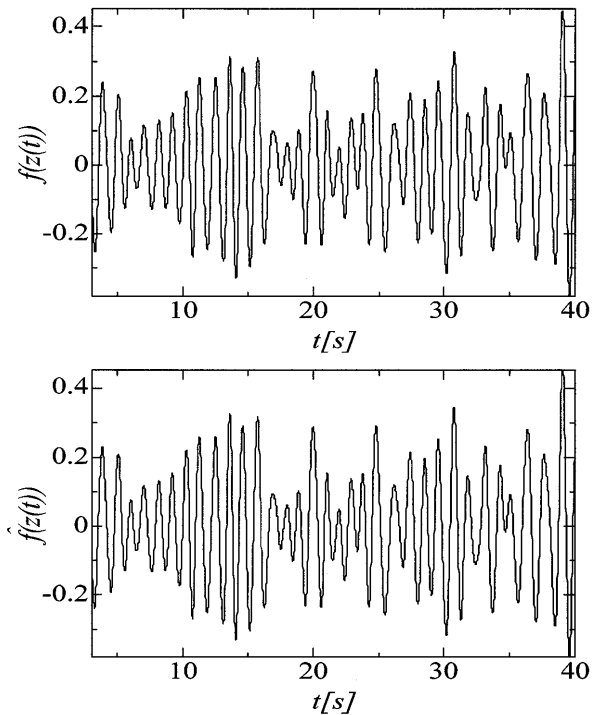


図-10 非線形関数値の推定結果

## 6. おわりに

本稿では、RBF ネットワークモデルと IA を用いた連続時間非線形システムのオンライン同定法を提案した。IA の多様性維持機構と記憶機構により、対象システムが時間と共に変化する時変システムのオンライン同定にも対応できると考えられる。シミュレーション実験により、対象システムがステップ状に変化する非線形システムであっても、本同定法が有効であることが確認された。また、倒立振子系など実システムのオンライン同定にも適用可能であることが示された。忘却係数や時間ウィンドウ長の選定、観測雑音が存在する場合の同定、計算速度の改善等が今後に残された課題である。

なお、本研究の一部は文部科学省の科研費 (15760302) の助成を受けて行われた。

## 参考文献

- 1) S. Chen, S. A. Billings, C. F. N. Cowan, and P. M. Grant, "Practical Identification of NAR-MAX Models Using Radial Basis Functions",

- Int. J. Control*, vol.52, no.6, pp.1327–1350, 1990.
- 2) G. P. Liu and V. Kadiramanathan, "Multiobjective Criteria for Neural Network Structure Selection and Identification of Nonlinear Systems Using Genetic Algorithms", *IEE Proc.-Control Theory Appl.*, vol.146, no.5, pp.373–382, 1999.
  - 3) T. Hachino, I. Karube, Y. Minari, and H. Takata, "Continuous-time Identification of Nonlinear Systems Using Radial Basis Function Network Model and Genetic Algorithm", *12th IFAC Symposium on System Identification*, pp.787–792, 2000.
  - 4) J. Platt, "A Resource-allocating Network for Function Interpolation", *Neural Computation*, vol.3, pp. 213–225, 1991.
  - 5) V. Kadiramanathan, and M. Niranjana, "A Function Estimation Approach to Sequential Learning with Neural Networks", *Neural Computation*, vol.5, pp.954–975, 1993.
  - 6) L. Yingwei, N. Sundararajan, and P. Saratchandran, "Identification of Time-varying Nonlinear Systems Using Minimal Radial Basis Function Neural Networks", *IEE Proc.-Control Theory Appl.*, vol.144, no.2, pp.202–208, 1997.
  - 7) S. Chen, S. A. Billings, and P. M. Grant, "Recursive Hybrid Algorithm for Non-linear System Identification Using Radial Basis Function Networks", *Int. J. Control*, vol.55, no.5, pp.1051–1070, 1992.
  - 8) D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989.
  - 9) T. Hachino and H. Takata, "On-line Identification Method of Continuous-time Nonlinear Systems Using Radial Basis Function Network Model Adjusted by Genetic Algorithm", *IEICE Trans. on Fundamentals of Electronics, Communications and Computer Sciences*, vol.E87-A, no.9, pp.2372–2378, 2004.
  - 10) J. D. Farmer, N. H. Packard, and A. S. Perelson, "The Immune System, Adaptation, and Machine Learning", *Physica 22D*, pp.187–204, 1986.
  - 11) 石田好輝、平山博史、藤田博之、石黒章夫、森一之：免疫型システムとその応用－免疫系に学んだ知能システム－、コロナ社、1998.
  - 12) 森一之、築山誠、福田豊生：多様性をもつ免疫的アルゴリズムの提案と負荷割当て問題への応用、電気学会論文誌 C、 vol.113-C, no.10, pp.872–878, 1993.
  - 13) R. H. Kohr, "A Method for the Determination of a Differential Equation Model for Simple Nonlinear Systems", *IEEE Trans. on Electronic Computers*, vol.12, no.4, pp.394–400, 1963.
  - 14) K. M. Tsang and S. A. Billings, "Identification of Continuous Time Nonlinear Systems Using Delayed State Variable Filters", *Int. J. Control*, vol.60, no.2, pp.159–180, 1994.