

列车车厢空气调控方法、装置、存储介质及程序产品

技术领域

本发明涉及列车环境监测领域，特别是一种列车车厢空气调控方法、装置、存储介质及程序产品。

5 背景技术

随着我国轨道交通行业的不断发展，旅客列车舒适性要求也逐渐被公众所关注。受到空气压力波影响，列车车厢需在高速行驶时保证适当的内外压差，因此高速列车通常采用密封式车体结构，所有车窗均无法打开。在此情况下，车厢内部的空气污染物处理完全依赖于通风系统。因此，通风系统的质量和调节策略将直接影响到乘客舒适性。如何对列车环境进行监测并相应地调节通风系统成为了亟待解决的问题。

现有关于列车车厢环境控制的技术主要涉及以下两方面：

- 1、新型空气质量检测装置及净化装置的安装。如公开号为 CN101885338A 的专利申请提出了列车空调通风系统智能化采样检测及空气净化装置，包括变频旋流捕尘器和高效过滤器等。公开号为 CN105172818A 的专利申请提出了一种列车专用空气净化器，包括上箱体和与上箱体相互配合的下箱体。
- 2、基于大气污染物检测的车厢环境调节方法。公开号为 CN110239577A 的专利申请提出了一种车内污染环境下列车乘员健康防护系统及其方法，包括基础数据获取模块、列车外部空气质量预测模块、列车内部空气质量预测模块和通风策略制定模块。公开号为 CN104608785A 的专利申请提出了一种高速列车空调系统智能化管控方法。

以上方法主要以列车内部的 PM2.5 等大气污染物作为空气质量评估依据，然而，现有技术并未关注空气环境中生物污染对人体健康的危害，现阶段没有相关研究重视列车车厢这一密闭环境的生物性污染物。此外，由于微生物测量机理与 PM2.5 等污染物不同，微生物测量必须通过长时间菌落培养，难以直接进行检测并采取实时调控措施。

25 发明内容

本发明所要解决的技术问题是，针对现有技术不足，提供一种列车车厢空气调控方法、装置、存储介质及程序产品，根据车厢内的微生物分布情况对乘客健康做出最优级别的防护措施。

为解决上述技术问题，本发明所采用的技术方案是：一种列车车厢空气调控方法、系统及存储介质，包括以下步骤：

- 1) 检测列车送风口、排风口和座椅处的 $\text{PM}_{2.5}$ 浓度、 PM_{10} 浓度、CO 浓度、 NO_2 浓度、 SO_2 浓度、 O_3 浓度和细菌菌落总数；
- 2) 根据车厢内各测点的 $\text{PM}_{2.5}$ 浓度、 PM_{10} 浓度、CO 浓度、 NO_2 浓度、 SO_2 浓度、 O_3 浓度和细菌菌落总数，建立每个微小环境单元内细菌菌落总数 D 和大气污染物浓度 d 之间的映射关系；其中，所述微小环境单元即测点；
- 3) 选取时间长度为 N 分钟的实测大气污染物浓度数据集，根据所述映射关系计算细菌菌落总数，将第 i 个座椅处细菌菌落总数时间序列记为 X_N^i 、第 j 个送风口或排风口细菌菌落总数时间序列记为 Y_N^j ，采用格兰杰因果关系检验进行假设检验，判断 X_N^i 与 Y_N^j 是否存在因果关系，进而得到每个座椅检测点与 m 个送风口和 n 个排风口的检验结果集合；
- 4) 根据所述映射关系和检验结果集合，获取所有座椅检测点的非线性描述模型库；
- 5) 将列车所有送风口、排风口的通风速率作为灰狼优化算法的输入，计算在不同通风速率下的送风口/排风口细菌菌落总数拟合结果，将所述拟合结果作为所述非线性描述模型库的输入，得到各座椅处细菌菌落总数的拟合结果，利用所述各座椅处细菌菌落总数的拟合结果确定所有送风口和排风口的通风速率。

本发明通过学习车厢内微生物污染与空气污染物浓度的映射关系，并根据车厢内的微生物分布情况实时做出对乘客健康的最优防护措施。本发明对列车车厢的微生物进行检测和分析处理，根据各测点间微生物分布情况调节通风系统，进而降低乘客所在区域的微生物污染。该方法对铁路列车空气质量调控有着指导作用。

- 步骤 2) 中，建立每个微小环境单元内细菌菌落总数 D 和大气污染物浓度 d 之间的映射关系的具体实现过程包括：

- A、读取 M 个连续历史时刻内当前微小环境单元的空气污染物浓度和细菌菌落总数指标数据集，并将所述数据集划分为训练集和测试集；
- B、采用深度置信网络构建微生物-空气污染物模型，将空气污染物浓度作为深度置信网络的输入，同一时刻的细菌菌落总数作为深度置信网络的输出，训练所述深度置信网络；
- C、将所述测试集作为训练后的深度置信网络的输入，选取在测试集上描述精度最高的一组参数作为该微小环境单元的微生物-空气污染物映射模型；

D、重复上述步骤 A~C，直至遍历完所有的微小环境单元，得到共计 $m+n+p$ 个检

测点内细菌菌落总数和空气污染物的映射关系； m ， n ， p 分别为送风口、排风口和座椅的检测点数。

本发明研究了微生物污染与空气污染物浓度的映射关系，能有效解决微生物检测的

5 实时性问题，确保对列车车厢内微生物污染的实时调控。

步骤 3) 中，检验结果集合 $\phi_i = \{T_{i,1}^{in}, T_{i,2}^{in}, \dots, T_{i,m}^{in}, T_{i,1}^{out}, T_{i,2}^{out}, \dots, T_{i,n}^{out}\}$ ；其中， $T_{i,j}^{in}$ 为送风

口的检验结果， $T_{i,j}^{in} = GCT(X_N^i, Y_N^j)$ ， $T_{i,j}^{out}$ 为排风口的检验结果， $T_{i,j}^{out} = GCT(X_N^i, Y_N^j)$ ；

检验结果 $T_{i,j}^{in/out}$ （即 $T_{i,j}^{in}$ 和 $T_{i,j}^{out}$ ）取值为 0 或 1。

本发明的方法通过对不同测点之间微生物时间序列数据进行因果关系检验，进一步

10 筛选与乘客所在座椅处的密切相关测点用于后续建模，实现测点空间维度的压缩，使所提供的特征应具有较强表征能力。

步骤 4) 的具体实现过程包括：

I) 读取 P 个连续历史时刻的座椅、送风口、排风口 $PM_{2.5}$ 浓度、 PM_{10} 浓度、 CO 浓度、 NO_2 浓度、 SO_2 浓度、 O_3 浓度，根据所述映射关系计算

15 该 P 个连续历史时刻内各检测点的细菌菌落总数；

II) 读取第 i 个座椅检测点的细菌菌落总数 $O_i = [S_i^{seat}]_t$ ，以及与第 i 个座椅检测点存在因果关系的送风口和排风口的细菌菌落总数 $I_i = [S_j^{in/out}, \text{s.t. } T_{i,j}^{in/out} = 1]_t$ ， S_j^{in} 为送风口的细菌菌落总数； S_j^{out} 为排风口的细菌菌落总数； $S_j^{in/out}$ 即 S_j^{in} 或 S_j^{out} ； $T_{i,j}^{in/out}$ 即 $T_{i,j}^{in}$ 或 $T_{i,j}^{out}$ ；

20 III) 将 I_i 作为深度回声状态网络的输入，以 O_i 为深度回声状态网络的输出，学习在不同历史时刻下座椅与送风口/排风口细菌菌落总数的对应关系；

IV) 重复步骤 I) ~ III)，直至遍历完所有的座椅检测点，得到所有座椅检测点的非线性描述模型库；所述非线性描述模型库即所有座椅检测点与送风口/排风口细菌菌落总数的对应关系的集合。

25 本发明采用深度神经网络对微生物-空气污染物浓度及座椅-送风口/排风口微生物的非线性映射关系进行描述，保证了其描述精度。

步骤 5) 中, 计算在不同通风速率下的送风口/排风口细菌菌落总数拟合结果的具体实现过程包括:

- i) 等间隔增加通风速率, 并测定相应通风速率下的细菌菌落总数;
- ii) 对第 k 个送风口/排风口的细菌菌落总数进行最小二乘拟合, 得到细菌菌落总数 $\hat{S}_k$ 关于通风速率 v_k 的多项式表达方法;
- iii) 重复步骤 i) 和步骤 ii), 遍历至所有送风口和排风口, 得到所有送风口和排风口的细菌菌落总数随通风速率变化的多项式拟合结果 $\{\hat{S}_k | k=1, 2, 3, \dots, m+n\}$; m, n 分别为送风口、排风口的检测点数。

步骤 5) 中, 设置优化目标为同时最小化各座椅处细菌菌落总数拟合结果, 优化函数为:

$$\min \{\hat{S}_1, \hat{S}_2, \dots, \hat{S}_k, \dots, \hat{S}_{m+n}\}.$$

s.t. $\hat{S}_k = g(v_k), l_k \leq v_k \leq u_k$

本发明采用多目标优化方法最小化各座椅处的细菌菌落总数, 使乘客所在区域的微生物污染达到总体最优, 避免在通风系统调节过程中导致的部分区域二次污染现象。

步骤 5) 中, 选取使评估指标 $E = \sum_{k=1}^{m+n} \hat{S}_k + \text{Var}(\hat{S})$ 达到最小的非支配解 $NS^* = \arg \min E$, 用于确定所有送风口和排风口的通风速率 NS^* ; 其中, $\text{Var}(\hat{S})$ 为测试集中所有座椅处细菌菌落总数的方差; u_k 和 l_k 分别为第 k 个送风口/排风口的通风速率 v_k 的上限和下限。

评估指标为所有座椅处细菌菌落总数的累计拟合结果和方差的结合, 其中所有座椅处细菌菌落总数的累计拟合结果代表通风调控后的微生物污染程度, 而方差代表各个座椅之间微生物污染的离散程度。选取使该评估指标最小的非支配解可确保: (1) 车厢内的微生物污染程度总体最小; (2) 各个座椅之间的微生物污染差异最小, 避免个别区域出现极端污染情况。

本发明还提供了一种计算机装置, 包括存储器、处理器及存储在存储器上的计算机程序; 其特征在于, 所述处理器执行所述计算机程序, 以实现本发明列车车厢空气调控方法的步骤。

作为一个发明构思, 本发明还提供了一种计算机可读存储介质, 其上存储有计算机程序/指令; 所述计算机程序/指令被处理器执行时实现本发明列车车厢空气调控方法的

步骤。

作为一个发明构思，本发明还提供了一种计算机程序产品，包括计算机程序/指令；该计算机程序/指令被处理器执行时实现本发明列车车厢空气调控方法的步骤。

与现有技术相比，本发明所具有的有益效果为：

- 5 1) 本发明对列车车厢的微生物进行检测和分析处理。根据各测点间微生物扩散情况调节通风系统，进而降低乘客所在区域的微生物污染指标。该方法对铁路列车空气质量调控有着指导作用。
- 2) 本发明研究了微生物污染与大气污染物浓度的映射关系，能有效解决微生物检测的实时性问题，确保对列车车厢内微生物污染的实时调控。
- 10 3) 本发明采用送风口、排风口和座椅多测点综合检测的方式，能有效描述车厢内部环境的大气污染物和微生物分布情况，确保检测结果对实际空间分布情况的刻画真实性。
- 4) 本发明的方法通过对不同测点之间微生物时间序列数据进行因果关系检验，进一步筛选与乘客所在座椅处的密切相关测点用于后续建模，实现测点空间维度的压缩，
- 15 使所提供的数据特征应具有较强表征能力。
- 5) 本发明采用深度神经网络对微生物-大气污染物浓度及座椅-送风口/排风口微生物的非线性映射关系进行描述，保证了其描述精度。
- 6) 本发明采用多目标优化方法最小化各座椅处的细菌菌落总数，使乘客所在区域的微生物污染达到总体最优，避免在通风系统调节过程中导致的部分区域二次污染现象。

20 附图说明

图 1 为本发明方法流程图。

具体实施方式

如图 1 所示，本发明实施例的具体实现过程如下：

步骤 1：污染数据多测点采集

- 25 列车车厢内部包括 $PM_{2.5}$ 、 PM_{10} 、CO、 NO_2 、 SO_2 和 O_3 六种大气污染物以及细菌、真菌、病毒等微生物污染。微生物与空气质量状况密切相关，一般情况下空气中的细菌菌落总数与致病性微生物（细菌、真菌、病毒）的存在概率呈正相关，因此本专利以细菌菌落总数指标来衡量微生物的致病性。于列车车厢的多个送风口、排风口和座椅处布置 TS WES-C 空气污染物检测器（测量 $PM_{2.5}$ 浓度、 PM_{10} 浓度、CO 浓度、 NO_2 浓度、
- 30 SO_2 浓度、 O_3 浓度，实时检测）以及安德生撞击式空气微生物采样器（测量细菌菌落总

数,需经过 48h 微生物培养)。

所得数据包括送风口、排风口和座椅处的 $PM_{2.5}$ 浓度、 PM_{10} 浓度、CO 浓度、 NO_2 浓度、 SO_2 浓度、 O_3 浓度和细菌菌落总数,可表示为 $d(i) =$

$$5 \quad [C(i)_1^{in}, C(i)_2^{in}, \dots, C(i)_m^{in}, C(i)_1^{out}, C(i)_2^{out}, \dots, C(i)_n^{out}, C(i)_1^{seat}, C(i)_2^{seat}, \dots, C(i)_p^{seat}]_T \quad \text{和}$$

$$D = [S_1^{in}, S_2^{in}, \dots, S_m^{in}, S_1^{out}, S_2^{out}, \dots, S_n^{out}, S_1^{seat}, S_2^{seat}, \dots, S_p^{seat}]_T, \quad \text{式中 } C(i)_m^{in} \text{ 代表第 } m \text{ 个送}$$

风口的大气污染物浓度, $C(i)_n^{out}$ 代表第 n 个排风口的大气污染物浓度, $C(i)_p^{seat}$ 代表第 p 个

座椅处的大气污染物浓度, 式中 S_m^{in} 代表第 m 个送风口的细菌菌落总数, S_n^{out} 代表第 n 个

排风口的细菌菌落总数, S_p^{seat} 代表第 p 个座椅处的细菌菌落总数, i 代表 $PM_{2.5}$ 、 PM_{10} 、

- 10 CO、 NO_2 、 SO_2 和 O_3 六种大气污染物, m , n , p 分别为送风口、排风口和座椅的测点数。将每个检测点视为微小环境单元, 检测数据与车厢编号进行对应, 并记录检测数据的时间戳, 相邻数据间隔为 5 分钟。采集数据通过 4G 方式传输至数据存储平台。

步骤 2: 微生物-大气污染物映射学习

- 15 根据车厢测点历史污染数据, 建立模型学习每个微小环境单元内细菌菌落总数 D 和大气污染物浓度 d 之间的映射关系。具体建模过程如下:

A1: 选定微小环境单元, 读取 200 个连续历史时刻内该微小环境单元的大气污染物浓度和细菌菌落总数指标数据集。

A2: 数据集划分。上述数据集包含 200 个连续历史时刻, 将 1~160 时刻的数据作为训练集, 161~200 时刻的数据作为测试集。

- 20 A3: 采用深度置信网络构建微生物-大气污染物模型, 将大气污染物浓度作为深度置信网络的输入, 同一时刻的细菌菌落总数作为深度置信网络的输出。深度置信网络的层数采用 5 折交叉验证确定, 选取范围为 $[1, 2, 3, 4, 5]$ 。

A4: 将训练完备的深度置信网络在测试集上进行模型检验, 选取在测试集上描述精度最高的一组参数作为该微小环境单元的微生物-大气污染物映射模型。

- 25 A5: 将 A1~A4 遍历至所有微小环境单元 (即检测点), 得到所有共计 $m+n+p$ 个检测点内细菌菌落总数和大气污染物的映射关系 $\{D=f(d) | i=1, 2, 3, \dots, m+n+p\}$, 其中 f 代表该映射关系。

步骤 3: 基于微生物扩散机理的测点因果关系检验

微生物在车厢中的空间分布及扩散情况受空气运动影响,各测点之间的细菌菌落总数存在数据层面的因果关系。针对每个车厢,分析座椅处与各送风口、排风口细菌菌落总数时间序列的因果关系。

- 5 选取时间长度为 N 分钟的实测大气污染物浓度数据集,根据步骤 2 所得映射关系计算细菌菌落总数。将第 i 个座椅处细菌菌落总数时间序列记为 X_N^i 、第 j 个送风口或排风口细菌菌落总数时间序列记为 Y_N^j ,采用格兰杰因果关系检验 (Granger causality test, GCT),进行假设检验从而判断 X_N^i 与 Y_N^j 是否存在因果关系。检验结果 $T_{i,j}^{in/out}$ 输出为 0 或 1,其中 0 代表座椅处细菌菌落总数时间序列 X_N^i 与送风口/排风口细菌菌落总数时间序列 Y_N^j 不存在因果关系,反之 1 代表存在因果关系:

$$T_{i,j}^{in/out} = GCT(X_N^i, Y_N^j)$$

$GCT()$ 代表格兰杰因果关系检验。得到每个座椅检测点与 m 个送风口和 n 个排风口的检验结果集合:

$$\phi_i = \{T_{i,1}^{in}, T_{i,2}^{in}, \dots, T_{i,m}^{in}, T_{i,1}^{out}, T_{i,2}^{out}, \dots, T_{i,n}^{out}\}$$

15 **步骤 4:** 因果关联测点非线性描述建模

针对每个座椅检测点建立其相关送风口/排风口的非线性描述模型,具体建模过程如下:

- B1: 读取 100 个连续历史时刻的座椅、送风口、排风口 PM2.5 浓度、PM10 浓度、CO 浓度、NO2 浓度、SO2 浓度、O3 浓度,根据步骤 2 所得映射关系计算 100 个连续历史时刻内各测点的细菌菌落总数。

B2: 数据集划分。上述数据集包含 100 个连续历史时刻,将 1~60 时刻的数据作为训练集,61~80 时刻的数据作为验证集,81~100 时刻的数据作为测试集。

- B3: 读取第 i 个座椅检测点的细菌菌落总数 $O_i = [S_i^{seat}]_t$,以及与第 i 个座椅检测点存在因果关系的送风口和排风口的细菌菌落总数 $I_i = [S_j^{in/out}, \text{ s.t. } T_{i,j}^{in/out} = 1]_t$; S_j^{in} 为送风口的细菌菌落总数; S_j^{out} 为排风口的细菌菌落总数; $S_j^{in/out}$ 即 S_j^{in} 或 S_j^{out} ; $T_{i,j}^{in/out}$ 即 $T_{i,j}^{in}$ 或

$T_{i,j}^{out}$ 。

B4: 采用深度回声状态网络构建非线性描述模型, 模型输入为 I_i , 模型输出为 O_i , 以学习在不同历史时刻下座椅与送风口/排风口细菌菌落总数的对应关系。将深度回声状态网络的储蓄池节点数设置为 10, 储蓄池层数和在每一层储蓄池矩阵谱半径采用 5 折交叉验证确定, 上述两个参数的选取范围分别为 $[1, 2, 3, \dots, 10]$ 和 $[0.1, 0.3, 0.5, 0.7, 0.9]$, 选取在验证集上描述精度最高的一组参数得到训练完备后的非线性描述模型 $h(I_i)$ 。

B5: 将 A1~A4 遍历至所有座椅检测点, 得到所有座椅检测点的非线性描述模型库 $\{h(I_i) | i = 1, 2, 3, \dots, p\}$ 。

步骤 5: 基于多目标优化的车厢通风调节策略

10 C1: 测算所有送风口/排风口处细菌菌落总数随通风速率的变化关系。按以下步骤进行:

1) 等间隔增加通风速率, 并测定相应通风速率下的细菌菌落总数, 以时间戳-通风速率-细菌菌落总数的数据格式记录于数据存储平台中。

2) 针对第 k 个送风口/排风口, 进行最小二乘拟合, 得到细菌菌落总数 $\hat{S}_k$ 关于通风速率 v_k 的多项式表达方法:

$$\hat{S}_k = g(v_k)$$

3) 重复以上步骤, 遍历至所有送风口和排风口, 得到所有送风口和排风口的细菌菌落总数随通风速率变化的多项式拟合结果 $\{\hat{S}_k | k = 1, 2, 3, \dots, m+n\}$ 。

C2: 建立多目标优化模型, 具体实施细节如下:

20 1) 选取优化算法并设定初始超参数: 采用多目标灰狼优化, 并嵌入领导者选择机制和存档储存机制来提高收敛能力 (MIRJALILI S, SAREMI S, MIRJALILI S M, et al. Multi-objective grey wolf optimizer [J]. Expert Systems With Applications, 2016, 47: 106-19.)。多目标灰狼优化的搜索种群数, 最大迭代次数, 存档大小分别设置为 200, 100 和 50。

25 2) 优化变量为所有送风口和排风口的通风速率 v , 变量的搜索范围满足下式:

$$l_k \leq v_k \leq u_k$$

其中 u_k 和 l_k 分别为第 k 个送风口/排风口的通风速率上下限。

3) 根据 C1 所得送风口和排风口的细菌菌落总数随通风速率变化的多项式拟合方法, 计算在不同通风速率下的送风口/排风口细菌菌落总数拟合结果。将所得细菌菌落总数输入 B5 所得座椅检测点的非线性描述模型库, 输出各座椅处细菌菌落总数的拟合结果。

- 5 设置优化目标为同时最小化各座椅处细菌菌落总数拟合结果, 优化函数为:

$$\begin{aligned} \min \quad & \{\hat{S}_1, \hat{S}_2, \dots, \hat{S}_k, \dots, \hat{S}_{m+n}\} \\ \text{s.t.} \quad & \hat{S}_k = g(v_k), l_k \leq v_k \leq u_k \end{aligned}$$

4) 执行多目标优化 (MIRJALILI S, SAREMI S, MIRJALILI S M, et al. Multi-objective grey wolf optimizer [J]. Expert Systems With Applications, 2016, 47: 106-19.), 并记录迭代次数 $l_{tr} = 1$ 。计算所有搜索结果的优化函数值, 并选取非支配解存入档案中。

- 10 5) 更新搜索路径, 生成新的通风速率搜索结果。

6) 搜索次数 $l_t = l_t + 1$, 若更新后的 l_t 小于最大迭代次数, 则返回步骤 4); 否则多目标优化算法结束, 输出最终存档中的非支配解集 NS 。

7) 评估非支配解在测试集上的表现性能, 评估指标为座椅处细菌菌落总数将所有座椅细菌菌落总数的累计拟合结果和方差 (Var) 的结合:

$$15 \quad E = \sum_{k=1}^{m+n} \hat{S}_k + Var(\hat{S})$$

选取使评估指标达到最小的非支配解 $NS^* = \arg \min E$, 用于确定所有送风口和排风口的通风速率。

步骤 6: 根据所得通风速率完成列车车厢通风调节后, 各检测点对细菌菌落总数进行检测并持续检测并将数据传输至数据存储平台。

- 20 **步骤 7:** 在第一次通风调节完成后的一段时间内不需再次进行模型训练, 只需根据后续检测数据进行计算并输出最优通风调节策略。由于不同人群行为导致的空气微生物分布状况会发生改变, 所述因果关系检验、非线性描述和多目标优化模型均需要定期进行重新训练、更新参数以保证模型的有效性, 可以将重新训练的时间间隔设定为 3 小时。

权利要求

1、一种列车车厢空气调控方法，其特征在于，包括以下步骤：

- 1) 检测列车送风口、排风口和座椅处的 $PM_{2.5}$ 浓度、 PM_{10} 浓度、CO 浓度、 NO_2 浓度、 SO_2 浓度、 O_3 浓度和细菌菌落总数；
- 2) 根据车厢内各测点的 $PM_{2.5}$ 浓度、 PM_{10} 浓度、CO 浓度、 NO_2 浓度、 SO_2 浓度、 O_3 浓度和细菌菌落总数，建立每个微小环境单元内细菌菌落总数 D 和大气污染物浓度 d 之间的映射关系；其中，所述微小环境单元即测点；
- 3) 选取时间长度为 N 分钟的实测大气污染物浓度数据集，根据所述映射关系计算细菌菌落总数，将第 i 个座椅处细菌菌落总数时间序列记为 X_N^i 、第 j 个送风口或排风口细菌菌落总数时间序列记为 Y_N^j ，判断 X_N^i 与 Y_N^j 是否存在因果关系，进而得到每个座椅检测点、 m 个送风口和 n 个排风口的检验结果集合；
- 4) 根据所述映射关系和检验结果集合，获取所有座椅检测点的非线性描述模型库；
- 5) 将列车所有送风口、排风口的通风速率作为灰狼优化算法的输入，计算在不同通风速率下的送风口/排风口细菌菌落总数拟合结果，将所述拟合结果作为所述非线性描述模型库的输入，得到各座椅处细菌菌落总数的拟合结果，利用所述各座椅处细菌菌落总数的拟合结果确定所有送风口和排风口的通风速率。

2、根据权利要求 1 所述的列车车厢空气调控方法，其特征在于，步骤 2) 中，建立每个微小环境单元内细菌菌落总数 D 和大气污染物浓度 d 之间的映射关系的具体实现过程包括：

- A、 读取 M 个连续历史时刻内当前微小环境单元的空气污染物浓度和细菌菌落总数指标数据集，并将所述指标数据集划分为训练集和测试集；
- B、 采用深度置信网络构建微生物-空气污染物模型，将空气污染物浓度作为深度置信网络的输入，同一时刻的细菌菌落总数作为深度置信网络的输出，训练所述深度置信网络；
- C、 将所述测试集作为训练后的深度置信网络的输入，选取在测试集上描述精度最高的一组参数作为该微小环境单元的微生物-空气污染物映射模型；
- D、 重复上述步骤 A~C，直至遍历完所有的微小环境单元，得到共计 $m+n+p$ 个检测点内细菌菌落总数和空气污染物的映射关系； m ， n ， p 分别为送风口、排风口和座椅的检测点数。

- 3、根据权利要求 1 或 2 所述的列车车厢空气调控方法，其特征在于，步骤 3) 中，
检验结果集合 $\phi_i = \{T_{i,1}^{in}, T_{i,2}^{in}, \dots, T_{i,m}^{in}, T_{i,1}^{out}, T_{i,2}^{out}, \dots, T_{i,n}^{out}\}$ ；其中， $T_{i,j}^{in}$ 为送风口的检验结果， $T_{i,j}^{in} = GCT(X_N^i, Y_N^j)$ ， $T_{i,j}^{out}$ 为排风口的检验结果， $T_{i,j}^{out} = GCT(X_N^i, Y_N^j)$ ；
检验结果 $T_{i,j}^{in}$ 和 $T_{i,j}^{out}$ 取值为 0 或 1； $GCT(\)$ 代表格兰杰因果关系检验。
- 4、根据权利要求 3 所述的列车车厢空气调控方法，其特征在于，步骤 4) 的具体实现过程包括：
- I) 读取 P 个连续历史时刻座椅、送风口、排风口的 PM2.5 浓度、PM10 浓度、CO 浓度、NO2 浓度、SO2 浓度、O3 浓度，根据所述映射关系计算该 P 个连续历史时刻内各检测点的细菌菌落总数；
 - II) 读取第 i 个座椅检测点的细菌菌落总数 $O_i = [S_i^{seat}]_t$ ，以及与第 i 个座椅检测点存在因果关系的送风口和排风口的细菌菌落总数 $I_i = [S_j^{in/out}, \text{s.t. } T_{i,j}^{in/out} = 1]_t$ ； S_j^{in} 为送风口的细菌菌落总数； S_j^{out} 为排风口的细菌菌落总数； $S_j^{in/out}$ 即 S_j^{in} 或 S_j^{out} ； $T_{i,j}^{in/out}$ 即 $T_{i,j}^{in}$ 或 $T_{i,j}^{out}$ ；
 - III) 将 I_i 作为深度回声状态网络的输入，以 O_i 为深度回声状态网络的输出，获取在不同历史时刻下座椅与送风口/排风口细菌菌落总数的对应关系；
 - IV) 重复步骤 I) ~ III)，直至遍历完所有的座椅检测点，得到所有座椅检测点的非线性描述模型库；所述非线性描述模型库即所有座椅检测点与送风口/排风口细菌菌落总数的对应关系的集合。
- 5、根据权利要求 2~4 之一所述的列车车厢空气调控方法，其特征在于，步骤 5) 中，计算在不同通风速率下的送风口/排风口细菌菌落总数拟合结果的具体实现过程包括：
- i) 等间隔增加通风速率，并测定相应通风速率下的细菌菌落总数；
 - ii) 对第 k 个送风口/排风口的细菌菌落总数进行最小二乘拟合，得到细菌菌落总数 $\hat{S}_k$ 关于通风速率 v_k 的多项式 $g(v_k)$ 表达方法；
 - iii) 重复步骤 i) 和步骤 ii)，遍历所有送风口和排风口，得到所有送风口和排风口的细菌菌落总数随通风速率变化的多项式拟合结果 $\{\hat{S}_k | k = 1, 2, 3, \dots, m+n\}$ ；m, n 分别为送风口、排风口的检测点数。

- 6、根据权利要求 5 所述的列车车厢空气调控方法，其特征在于，步骤 5) 中，设置优化目标为同时最小化各座椅处细菌菌落总数拟合结果，优化函数为：

$$\min \left\{ \hat{S}_1, \hat{S}_2, \dots, \hat{S}_k, \dots, \hat{S}_{m+n} \right\}; u_k \text{ 和 } l_k \text{ 分别为第 } k \text{ 个送风口/排风口的通风速率 } v_k$$

$$\text{s.t. } \hat{S}_k = g(v_k), l_k \leq v_k \leq u_k$$

的上限和下限。

- 7、根据权利要求 6 所述的列车车厢空气调控方法，其特征在于，步骤 5) 中，选

$$\text{取使评估指标 } E = \sum_{k=1}^{m+n} \hat{S}_k + \text{Var}(\hat{S}) \text{ 达到最小的非支配解 } NS^* = \arg \min E, \text{ 用于确}$$

定所有送风口和排风口的通风速率 NS^* ；其中， $\text{Var}(\hat{S})$ 为测试集中所有座椅处细菌菌落总数的方差。

- 8、一种计算机装置，包括存储器、处理器及存储在存储器上的计算机程序；其特征在于，所述处理器执行所述计算机程序，以实现权利要求 1~7 之一所述方法的步骤。

- 9、一种计算机可读存储介质，其上存储有计算机程序/指令；其特征在于，所述计算机程序/指令被处理器执行时实现权利要求 1~7 之一所述方法的步骤。

- 10、一种计算机程序产品，包括计算机程序/指令；其特征在于，该计算机程序/指令被处理器执行时实现权利要求 1~7 之一所述方法的步骤。