

多模态函数优化的小生境克隆选择算法

王晓兰, 李恒杰

(兰州理工大学 电气工程与信息工程学院, 甘肃 兰州 730050)

摘要: 分析了传统用于多模态函数优化问题小生境遗传算法的特点和不足, 基于免疫系统的克隆选择原理, 提出一种解决多模态函数优化问题的小生境克隆选择算法(NCSA), 通过3个典型的多模态函数寻优问题的仿真实验, 说明实现了小生境克隆选择算法在解决多模态函数的优化问题时的有效性.

关键词: 多模态函数优化; 小生境技术; 克隆选择算法

中图分类号: TP301.6 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-0366(2006)03-0064-05

Niche Clonal Selection Algorithm for Multi-modal Function Optimization

WANG Xiao-lan, LI Heng-jie

(School of Electrical Engineering and Information Engineering, Lanzhou University of Science and Technology, Lanzhou 730050, China)

Abstract: The characteristics and deficiencies of traditional niche genetic algorithms for multi-modal function optimization are discussed, and a niche clonal selection algorithm (NCSA) for multi-modal function optimization based on clonal selection principle of immune system is proposed. Finally, the algorithm is applied to the optimizations of typical multi-modal functions, and the experiments have revealed its simplicity and effectiveness.

Key words: multi-modal function optimization; niching technology; clonal selection algorithm

在大量的实际优化问题的求解计算中, 不仅要求在可行域内寻找全局最优解, 而且往往需要搜索多个全局最优解和有意义的局部最优解, 从而为决策者提供多种选择或者多方面的信息, 这类问题一般称为多模态函数优化问题或者多峰函数优化问题. 如何构造一种优化算法, 使之能够搜索到全部全局最优解和尽量多的局部最优解, 已成为一个有待研究的问题.

对于多模态函数优化问题, 传统的基于导数或其他启发式信息的搜索算法, 如梯度爬山法, 模拟退火方法等, 均存在着如何避免陷于局部极值点的问题. 遗传算法 GA (Genetic Algorithms, GA) 的特点在于采用群体搜索和遗传算子策略, 具有空间分布式信息继承与重组的特征, 其效果显著好于传统的单点搜索方法和启发引导方式, 其特征是邻域局部性信息继承与逼近^[1]. 但是在 GA 中种群存在向单

一模式收敛的性质, 不易确保多种模式长期并存. 针对应用 GA 发现多个最优解的问题, 提出了各种各样的小生境 GA, 如采用排挤模型的 GA 和基于适应值共享模型的 GA 等. 这些改进的 GA 能够缓解模式收敛程度, 但仍然存在诸如算法复杂、运行参数难以选定等弊端.

免疫系统作为一种分布式自学习系统, 通过进化处理不同抗体, 在有效识别抗原的同时, 能够实现多种抗体并存, 具有良好的优化和多样性保持功能. 我们在分析传统的小生境遗传算法求解多模态函数优化问题的基础上, 借鉴免疫系统中克隆选择原理, 提出一种多模态函数优化的小生境克隆选择算法 NCSA (Niche Clonal Selection Algorithm, NCSA), 并进行了实例计算.

收稿日期: 2005-09-13

基金项目: 甘肃省自然科学基金资助项目 (ZS021-A25-017-G)

1 多模态函数优化的传统共生境 GA

遗传算法的一个重要的研究和应用领域就是函数优化,然而在多模态函数优化中,基本遗传算法的优化结果将使群体集中到最高的一个山峰上.在实际应用中,我们有时需要了解问题空间内其他山峰的情况,显然,基本遗传算法不能满足这一性能要求.为了解决这一问题,在遗传算法中引入共生境技术已被一些实验研究证实是一种有效的尝试.直接或间接的模拟共生境的方法已出现多种,其中最具有代表性的为以下几种.

1.1 基于预选择机制的共生境技术

1970 年, Cavicchio 率先在遗传算法中引入了基于预选择机制的共生境技术^[2,3].在这种预选择机制中,只有在子串的适应度超过其父串的情况下,子串才替换其父串,并进入下一代群体.由于这种方法建立在父子之间的性状遗传的基础上,因而趋向于替换与其本身相似的个体,能够较好的维持群体的分布特性.

1.2 基于排挤机制的共生境技术

1975 年, De Jong 一般化了 Cavicchio 的预选择机制,提出了一种称作排挤(crowding)机制的共生境技术^[4,5].这种技术基于排挤模型进行遗传选择操作,新的子串仅仅替代与之相似的父代个体.然而,实验表明采用排挤模型的 GA 发现 2 个以上最优解的可能性极小^[5,6].为此,在原有的基本操作方式的基础上,引入了概率排挤模型,使之更加适合于多模态函数的 GA 求解.但是,仍然存在着已搜索到的最优解容易丢失的问题,而且排挤因子的选择与具体问题有关,很难事先确定合适的取值.

1.3 基于适应值共享机制的共生境技术

1987 年, Goldberg 和 Richardson 提出了一种基于适应值共享机制的共生境技术^[7],通过定义群体中个体的共享度,采用适应值非线性标度变换调整个体的适应值,使得群体同时保持多个高阶模式.设 $sh(d_{ij})$ 表示个体 i 和个体 j 之间的共享函数,其常用形式为

$$sh(d_{ij}) = \begin{cases} 1 - \left[\frac{d_{ij}}{\alpha_{share}} \right]^\alpha, & \text{if } d_{ij} < \alpha_{share} \\ 0, & \text{else} \end{cases} \quad (1)$$

其中 α_{share} 为共享半径, d_{ij} 为个体之间的距离测度(欧氏距离或者海明距离), α 用于调整共享函数的形状, Beasley 建议采用 $\alpha=2$. 当群体规模为 n 时,个体 i 在群体中的共享度

$$m_i = \sum_{j=1}^n sh(d_{ij}), i=1, 2, \dots, n \quad (2)$$

那么,基于个体共享度的适应值非线性标度变换方法为

$$f'(a_i) = \frac{f(a_i)}{m_i}, i=1, 2, \dots, n \quad (3)$$

该机制限制了群体内某一特殊物种的无限制的增长,其中共享半径 α_{share} 取值是影响 GA 搜索性能的关键因素.可见,为了维持大量的共生境,需要规模比较大的群体,计算的复杂度为 $O(n^2)$,而且其中很大一部分共生境可能是无用的,同时也存在着复杂的参数选择问题.

2 实数编码共生境克隆选择算法

2.1 克隆选择原理^[8~10]

在自然界中,免疫功能是指机体对感染具有抵抗能力而不患疾病或传染病的功能.它是机体内部细胞相互作用的结果.克隆选择原理是目前描述免疫系统作用机制的 2 个主要理论之一.

任何能够被免疫系统识别的分子都被称为抗原(Ag).当机体首次接触某种抗原时,它的骨髓产生的 B 细胞的某个子部分会做出反应,产生抗体(Ab),其作用就是识别并绑定特定的抗原.特定类型的抗体是针对一类相对特定的抗原的.克隆选择原理(见图 1)的基本思想是只有那些能够识别抗原的细胞才进行扩增,只有这些细胞才能被选择并保留下来,而那些不能识别抗原的细胞则不选择,也不进行扩增.骨髓中微小的“休眠”的 B 细胞每一个都载有一个不同的抗体类型.这些细胞载有对于抗原特异的受体,扩增分化成浆细胞和记忆细胞.

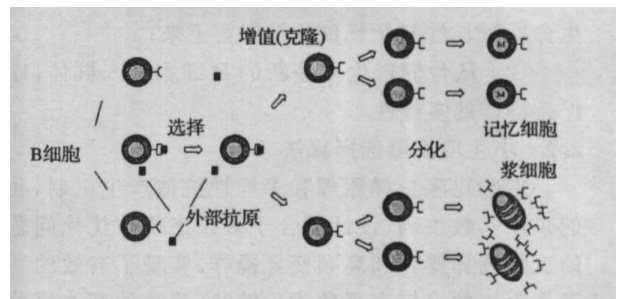


图 1 克隆选择原理

与达尔文的生物进化原理相似,免疫系统中也存在着进化现象.免疫系统中每个 B 细胞受体的形状可用一个 n 维实向量描述,因此可表示为 n 维欧几里德空间中一点,称此空间为欧几里德形状空间. 2 个 B 细胞的受体形状越相似,它们在形状空间中

距离越近.当抗原侵入机体时,B细胞受体与抗原形状互补程度越大,二者间亲和力越高,从而更易结合.B细胞群体通过如下进化过程产生抗体:

(1) 选出与入侵抗原亲和力高的B细胞.

(2) 该B细胞分裂为若干子B细胞,称为克隆扩增.子B细胞受体形状在母细胞的基础上发生微小变异,即超突变.B细胞通过克隆扩增和高频变异在形态空间中的小邻域内产生若干子B细胞,以在局部范围内搜索亲和力更高的B细胞.

(3) 在克隆扩增生亲和力更高的子B细胞的同时,也产生了亲和力低的子B细胞.一些亲和力低的子B细胞删除其受体并生成新受体,称为受体编辑.受体编辑使得子B细胞可能突变为形状空间中离其较远的点,以避免在寻求高亲和力B细胞的过程中陷入局部最优.

(4) 一些亲和力低的子B细胞死亡,同时骨髓产生一些新的B细胞加入群体,以保持群体的多样性.经过若干世代的选择、克隆扩增、受体编辑和骨髓产生新B细胞的过程,最终产生了亲和力很高的B细胞.这些B细胞分化为记忆细胞或浆细胞,产生与受体形状相同的抗体以消灭抗原,发生适应性免疫应答.

主要用到的克隆选择原理的特征:

(1) 只有那些能够识别抗原的细胞才进行扩增,而那些不能识别抗原的细胞则不被选择,也不进行扩增;

(2) B细胞通过克隆扩增和高频变异在形态空间中的小邻域内产生若干子B细胞,以在局部范围内搜索亲和力更高的B细胞;

(3) 一些具有高亲和力的B细胞能够分化成为生命期较长的B记忆细胞被保留下来;

(4) 从骨髓产生一些新的B细胞加入群体,以保持群体的多样性.

2.2 小生境克隆选择算法

借鉴克隆选择原理和多样性抗体产生机制,我们采用实数编码,设计适合于多模态函数优化问题的克隆选择操作和高频变异操作,实现了有效的基于小生境的多模态函数优化算法.算法的基本思路是:随机产生 N 个抗体组成初始抗体群,对每一个抗体进行克隆扩增和高斯变异,从而形成 N 个子抗体群.由于在变异操作中对其搜索范围进行了限制,所以每一个子群中的抗体具有相似的基因特征,即形成了 N 个小生境.再从每一个子群中选出一个最优抗体组成新一代抗体群 A_{bn} ;此外,为了在整个搜

索区域内探索新的解空间,我们随机生成 d 个新的抗体,替换新的抗体群 A_{bn} 中 d 个具有低适应度值的抗体.

由于小生境克隆选择算法NCSA的选择操作只在具有相似基因特征的子抗体群中进行,而不是在所有抗体中进行,从而不会像GA那样最终收敛于一个最优解.和基于适应度共享机制的小生境遗传算法相比,NCSA不需要计算个体之间的共享度,从而使得算法大为简化.另外,NCSA的运行参数易于选取,而基于适应度共享机制的小生境遗传算法在实现过程中要想得到较好的运行结果,选取合适的参数往往需要大量的精力.

小生境克隆选择算法的实现步骤如下:

(1) 算法初始化:随机产生具有 N 个采用实数编码的抗体组成初始抗体群 Ab .

(2) 克隆扩增操作:对抗体群 Ab 中的个体进行克隆扩增操作,得到扩增后的抗体群 C ; Ab 中的每个抗体经过克隆扩增后形成 k 个和原先完全相同的抗体.

(3) 高频变异操作:对抗体群 C 中的个体进行高频变异,得到 C^* .

我们采用体细胞高频变异来实现局部搜索,即对每一个抗体都进行变异.具体操作为任选抗体的一个基因位(在采用实数编码时即对应一个自变量),进行如式(4)所示的高斯变异操作.

$$x_i' = x_i + \text{mutOpt} \cdot (x_i^{\max} - x_i^{\min}) \cdot \text{randn}, \quad (4)$$

式中 x_i, x_i' 分别表示变异前后的基因位值; x_i^{\max}, x_i^{\min} 分别表示该基因位所表示的自变量可取的最大和最小值; randn 表示服从标准正态分布的随机数.我们用变异参数 mutOpt 来控制子群中个体进行局部搜索的范围,其大小根据种群中的个体数量 N 选取,通常取 $\frac{1}{2N}$ 即可.

(4) 选择操作:根据 C^* 中个体的适应度对其进行选择操作,得到抗体群 A_{bn} .

这一步是实现小生境技术从而获得更多地的全局最优解和局部最优解的关键.在该算法中,从每一个子群中选出一个最优抗体组成新的抗体群,而不是在所有抗体中进行选择.

(5) 替换操作:随机生成 d 个新的抗体,替换 A_{bn} 中 d 个具有低适应度的抗体.

(6) 判断终止条件到否,若否令 $Ab = A_{bn}$ 转至步骤(2).

(7) 如果达到终止条件,则程序结束.

3 仿真分析

在仿真中我们选取如表 1 所示的 3 个典型的多

表 1 测试函数

模态函数	测试函数	变量取值范围
$F1$	$f_1(x) = \sin^6(5\pi x)$	$x \in [0, 1]$
$F2$	$f_2(x) = 2(-2(x-0.1)^{0.9})^2 \sin^6(5\pi x)$	$x \in [0, 2]$
$F3$	$f_3(x_1, x_2) = x \cdot \sin(4\pi x) - y \cdot \sin(4\pi y + \pi^2 + 1)$	$x_i \in [-1, 2]$

模态函数. 其中 $F1$ 为一个等峰、单变量、多极值点函数, 在其定义域内具有多个极值点, 用来测试优化算法是否能够搜寻到函数的全部最优解. $F2$ 为一个变峰、单变量、多极值点函数, 能否在找到全局最优解的同时得到局部最优解的信息, 是多模态函数优化算法的主要任务, $F2$ 可用来测试诸方面的性能. 函数 $F3$ 的局部最优解分布较密, 函数值相差较大,

常规的多模态优化算法不易获得全部的局部最优解. 如果某种算法能够快速准确地找出 $F3$ 所有的全局和局部最优解, 则说明该算法稳定可靠, 具有很好的多模态函数优化性能.

首先分别采用标准遗传算法 SGA (Standard Genetic Algorithms, SGA)、基于适应度共享机制的小生境遗传算法和我们的生境克隆选择算法 NCSA 求函数 $F1$ 的最优值. SGA 的参数为: 种群规模 50, 进化代数 50; 标准几何选择, 选择概率取 0.08; 单点交叉, 交叉概率取 0.3; 二进制变异, 变异概率取 0.01. 基于适应度共享机制的小生境遗传算法的运行参数为: $\alpha = 1$; $\alpha_{share} = 4$ 其他参数和 SGA 的参数相同. NCSA 的运行参数选为: 种群规模 $N = 50$; $d = 2$, $k = 5$, 算法终止代数为 50, 采用所述的高斯变异, 变异参数取 $\frac{1}{2N}$, 其结果见图 2.

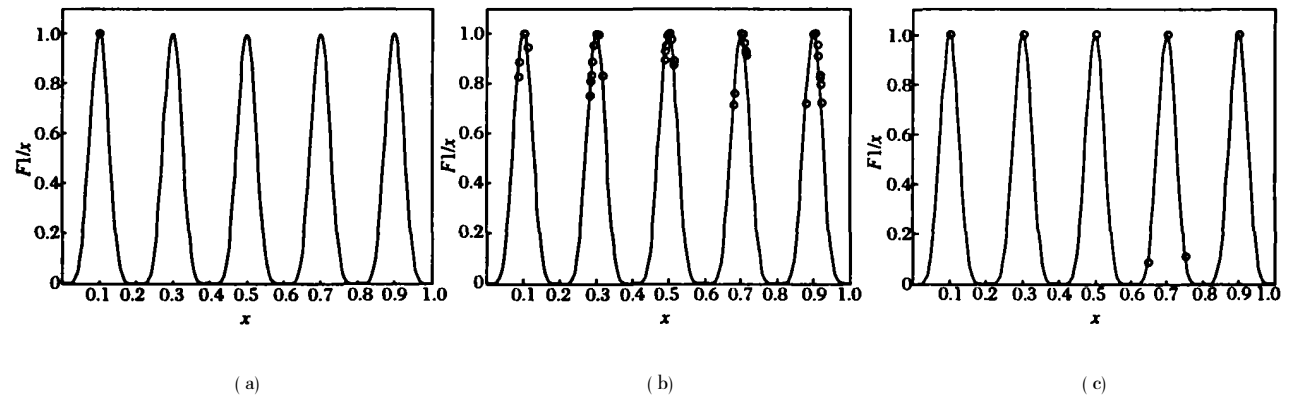


图 2 采用 3 种不同算法优化函数 $F1$ 所得结果

图 2 中 (a)、(b)、(c) 分别为采用标准遗传算法 (SGA)、基于适应度共享机制的小生境遗传算法和我们的克隆选择算法 (NCSA) 对函数 $F1$ 寻优的结果. 用 SGA 时, 算法最终将收敛于某一个最优解处, 而无法得到更多的最优解, 因而 SGA 不适于用来求解多模态函数优化问题. 而基于适应度共享机制的小生境遗传算法在实现过程中要想得到较好的运行

结果, 选取合适的参数并非一件轻松的事, 图 2(b) 中所示的运行结果是经过多次调整参数才得到的. 从图 2(c) 中可看出, 小生境克隆选择算法 (NCSA) 的优化结果明显好于前 2 种方法. 其算法简单、参数易于选取, 能很好的同时收敛于多个最优解.

为了说明我们所述 NCSA 的寻优能力, 表 2 记录了分别用 SGA 和 NCSA 对 $F1$ 寻优时, 独立运行

表 2 SGA 和 NCSA 优化 $F1$ 时所得最优解的分布

运行次数	SGA 得到的最优解的分布	NCSA 得到的最优解的分布
1	(0.3001 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3000 1.0000) ,(0.5000 1.0000) ,(0.7001 1.0000) ,(0.9000 1.0000)
2	(0.7000 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3000 1.0000) ,(0.5000 1.0000) ,(0.7000 1.0000) ,(0.9000 1.0000)
3	(0.9003 0.9999)	(0.1001 1.0000) ,(0.2999 1.0000) ,(0.5000 1.0000) ,(0.7000 1.0000) ,(0.9000 1.0000)
4	(0.5000 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3001 1.0000) ,(0.5000 1.0000) ,(0.7001 1.0000) ,(0.9000 1.0000)
5	(0.5000 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3000 1.0000) ,(0.5001 1.0000) ,(0.7001 1.0000) ,(0.9000 1.0000)
6	(0.8999 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3001 1.0000) ,(0.4999 1.0000) ,(0.7000 1.0000) ,(0.9001 1.0000)
7	(0.2999 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3000 1.0000) ,(0.5000 1.0000) ,(0.6999 1.0000) ,(0.9000 1.0000)
8	(0.5001 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3000 1.0000) ,(0.5000 1.0000) ,(0.7000 1.0000) ,(0.9001 1.0000)
9	(0.3000 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3000 1.0000) ,(0.5000 1.0000) ,(0.7001 1.0000) ,(0.9000 1.0000)
10	(0.5000 1.0000)	(0.1000 1.0000) ,(0.3000 1.0000) ,(0.4999 1.0000) ,(0.7000 1.0000) ,(0.9001 1.0000)

10次得到的结果. 每一个括号中的数据代表一个极值点, 例如: $(0.100\ 0\ 1.000\ 0)$ 表示所求得的最优解的坐标为: $x=0.100\ 0, f_1(x)=1.000\ 0$.

函数 $F1$ 在其取值范围内共有 5 个极值点: $(0.100\ 0\ 1.000\ 0)$ 、 $(0.300\ 0\ 1.000\ 0)$ 、 $(0.500\ 0\ 1.000\ 0)$ 、 $(0.700\ 0\ 1.000\ 0)$ 、 $(0.900\ 0\ 1.000\ 0)$. 结果表明 NCSA 能搜索到该问题的全部最优解.

再用 NCSA 算法, 选用和对函数 $F1$ 寻优时完全相同的运行参数, 分别对函数 $F2$ 和函数 $F3$ 进行寻优仿真, 运行结果分别如图 3、图 4 所示. 该结果充分说明了 NCSA 的运行参数选取对具体的优化目标并不敏感, 同时可以看出, NCSA 算法不仅能够搜索到多模态函数的全局最优解, 而且能够搜索到更多的局部最优解.

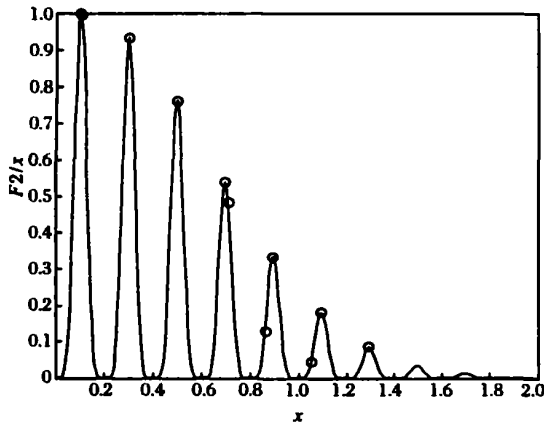


图 3 用 NCSA 优化函数 $F2$ 所得结果

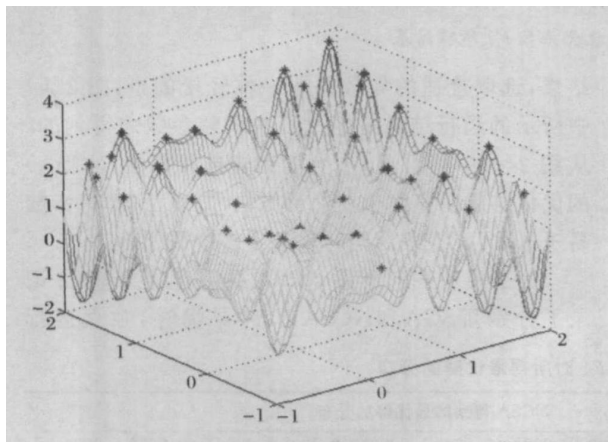


图 4 用 NCSA 优化函数 $F3$ 所得结果

4 结论

针对多模态函数的优化问题, 分析了传统的小生境 GA 方法解决此类问题的不足, 提出了一种基于克隆选择原理的小生境克隆选择算法, 该算法具有参数易于选择、适应性强等特点, 非常适应于求解同时具有多个最优解或需要搜寻更多局部最优解的多模态函数优化问题. 实例仿真计算表明了我們提出的 NCSA 算法在求解该类函数优化问题时的有效性.

参考文献:

- [1] 李敏强, 寇纪淞. 多模态函数优化的协同多群体遗传算法[J]. 自动化学报, 2002, 28(4): 497-504.
- [2] Cavicchio D J. Adaptive Search Using Simulated Evolution: Doctoral Dissertation[R]. University of Michigan Ann Arbor, 1970.
- [3] Cavicchio D J. Reproductive Adaptive Plans[A]. In: Proceedings of the ACM 1972 Annual Conference[C]. 1972. 1-11.
- [4] De Jong K A. Genetic Algorithms: A 25 Year Perspective [A]. In: Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms[C]. Los Altos: Morgan Kaufmann Publishers, 1993.
- [5] Mahfoud S W. Crowding and Pre-selection Revisited[A]. In: Manner R M. Parallel Problem Solving from Nature[C]. Berlin: Springer, 1992. 67-76.
- [6] Mengshoel O J, Goldberg D E. Probabilistic Crowding: Deterministic Crowding with Probabilistic Replacement [A]. In: Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference 1999 (GECCO 299) [C]. San Francisco: Morgan Kaufmann, 1999. 173-179.
- [7] Goldberg D E, Richardson J. Genetic Algorithms with Sharing for Multimodal Optimization [A]. In: Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms [C]. Lawrence Erlbaum Associates, 1987. 69-76.
- [8] Burnet F M. The Clonal Selection Theory of Acquired Immunity[M]. Cambridge University Press, 1959.
- [9] Leandro Nunes de Castro, Fernando J Von Zuben. The Clonal Selection Algorithm with Engineering Applications [R]. 2000.
- [10] Leandro N de Castro, Fernando J Von Zuben. Learning and Optimization Using the Clonal Selection Principle [J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2002, 6(3): 239-251.

作者简介:

王晓兰, (1963-) 女, 甘肃省天水人, 1989年毕业于甘肃工业大学电信系控制理论与控制工程专业, 获工学硕士学位, 现任兰州理工大学电气工程与信息工程学院教授, 主要从事智能控制、综合自动化的研究.