

一种免疫记忆动态克隆策略算法

刘若辰¹, 贾建¹, 赵梦玲², 焦李成¹

(1. 西安电子科技大学 智能信息处理研究所, 陕西 西安 710071; 2. 西安科技大学 基础部, 陕西 西安 710054)

摘要: 基于对克隆选择及免疫记忆动态过程的模拟, 本文提出了一种人工智能算法, 免疫记忆动态克隆策略算法, 该算法模拟免疫系统的自我调节、记忆学习、自适应等机制, 实现全局优化计算与局部优化计算机制的有机的结合, 通过抗体与抗原的亲合度和抗体间亲合度的计算, 促进和抑制抗体的产生, 自适应地调节抗体群和记忆单元的克隆规模. 理论分析证明该算法以概率1收敛, 对多峰函数优化及货郎担问题的仿真试验表明, 算法有效, 而且具有全局搜索能力强, 种群多样性好及收敛速度快等特点.

关键词: 人工免疫系统; 克隆选择理论; 免疫记忆; 货郎担问题

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A

An immune memory dynamic clonal strategy algorithm

LIU Ruo-chen¹, JIA Jian¹, ZHAO Meng-ling², JIAO Li-cheng¹

(1. Institute of intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an Shaanxi 710071, China;

2. Xi'an Science and Technology University, Xi'an Shaanxi 710054, China)

Abstract: Based on the clonal selection theory and immune memory mechanism in the natural immune system, a novel artificial immune system algorithm, immune memory dynamic clonal strategy algorithm(IMDCS) is proposed in this paper. By simulating the mechanisms of natural immune system such as self-adjusting, memory learning and adaptation, the algorithm realizes the global optimal computation combined with the local searching. According to the antibody-antibody affinity and antibody-antigen affinity, the algorithm can also allot adaptively the scales of the immune memory unit and antibody population. The IMDCS is proved theoretically to be convergent with probability 1. In the computer simulations of a 4 multimodal function problem and a two traveling salesman problem, it is shown that IMDCS has strong abilities in preserving high convergence rate, enhancing the diversity of the population and avoiding the premature convergence.

Key words: artificial immune system; clonal selection theory; immune memory; traveling salesman problem

1 引言(Introduction)

人工免疫系统(AIS)是一新的模拟自然免疫系统的人工智能方法,它受生物免疫机制的启发,通过学习外界物质的自然防御机理的学习技术,提供噪声忍耐、自组织、自学习、记忆等进化学习机理,结合了分类器、神经网络和机器推理等的特点.因此具有提供解决问题新颖方法的潜力,其研究成果涉及控制、数据处理、优化学习和故障诊断.目前已成为继神经网络、模糊逻辑和进化计算后人工智能的又一研究热点^[1~3].

克隆选择理论^[4]是免疫学的一个重要的概念,其中心思想是:仅有那些能识别抗原的抗体能够被选择后分化和增殖,进而进行有效的免疫应答.换言之,

当抗原入侵机体时,能与该抗原反应的抗体将进行克隆扩张而导致产生足够多的具有相同特异性抗体,对抗原展开有效的免疫应答并最终清除抗原.其中一部分细胞克隆分化为抗体生成细胞,进行第1次免疫应答,另外一些将成为免疫记忆细胞,以准备第2次免疫应答.抗体克隆选择这一机理已经引起了人工智能研究者的兴趣. De Castro等的克隆选择算法(CSA)^[5,6]强调基于抗体-抗原亲合度的比例选择和克隆,与简单遗传算法迭代中保留单个最优个体不同, CSA通过构造记忆单元,实现了个最优解群体的记忆;另外,通过随机产生新抗体对旧抗体的替代,增加了种群多样性. Kim^[7]等在Hofmeyr的基础上提出了一种动态克隆选择算法,并用于解决连续

变化环境中异常探测的问题. 由于免疫系统的复杂性, 已有的克隆选择算法只是对生物克隆选择机理的简单模拟; 而且相应成果多关注算法的构造, 缺乏对算法的系统深入分析.

本文借鉴免疫学中的克隆选择和免疫记忆机理, 提出一种新的人工免疫系统算法, 免疫记忆动态克隆策略(immune memory dynamic clonal strategy, IMDCS)与以往的克隆选择算法相比, 该算法的特点在于: 1) 评价标准计算是计算亲和度(affinity), 包括抗体-抗原的亲合力以及抗体-抗体亲合度; 反映了真实的免疫系统的多样性; 2) 算法通过促进或抑制抗体的产生, 体现了免疫反应的动态自我调节功能, 即保证了个体的多样性又自适应地调节抗体群的规模; 3) 通过设立记忆单元, 加快抗体亲和力成熟速度; 4) 在进化过程中, 记忆单元与一般抗体单元的变异概率随着抗体-抗原亲合度和抗体-抗体亲合度自适应的调整. 相关实验表明, 与标准进化策略(classical evolutionary strategy, CES)^[8]及免疫克隆策略(immune clonal strategy, ICS)^[9]相比, IMDCS进一步提高了收敛速度, 为更好解决类似多峰函数优化及货郎担(traveling salesman problem, TSP)等复杂问题提供了新方法.

2 克隆选择和免疫记忆(Clonal selection and immune memory)

1958年Burnet等人^[10]提出了著名的克隆选择理论, 其核心思想在于: 抗体是天然产物, 以受体形式存在于细胞表面, 抗原可与之选择性反应. 当抗原入侵机体时, 能够刺激机体产生相应的抗体, 并使之分化和增殖, 而扩张成为具有相同特异性的免疫细胞克隆, 其中某些细胞克隆分化为浆细胞(抗体生成细胞), 进行第一次免疫应答并最终清除抗原, 另一些将成为免疫记忆细胞, 这些记忆细胞将继续在血液, 淋巴及组织中循环, 当此抗原再次侵入时, 免疫细胞将被激活而产生具有更高亲合度的免疫细胞, 展开更为有效的二次免疫应答. 此过程如图1所示.

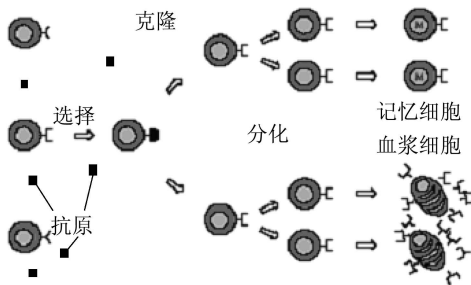


图1 克隆选择原理

Fig. 1 Clonal selection theory

3 免疫记忆动态克隆策略算法(Immune memory dynamic clonal strategy algorithm)

一般的函数优化问题可以描述为

$$\max_{x \in s} f(x) \text{ 或 } \min_{x \in s} f(x),$$

这里 $s \subset \mathbb{R}^n$ 称为搜索空间, $f: s \rightarrow R$ 为目标函数, 在本文中将考虑目标函数的最小化问题.

3.1 亲合度函数的构造(Conformation of affinity function)

取优化目标函数 f 作为抗体-抗原亲合力函数, 新算法同时也考虑到抗体与抗体间的亲和度, 以下式定义抗体间的亲合度:

$$D_{ij} = \|a_i - a_j\| = \sqrt{\sum_{k=1}^L (a_{ik} - a_{jk})^2}, \quad (1)$$

其中 $\|\cdot\|$ 是任意范数, $i, j = 1, 2, \dots, n$. 一般二进制取Hamming距离, 实数编码取欧拉距离, a_i 和 a_j 表示抗体群 $A = (a_1, a_2, \dots, a_n) \in I^n$ 中的两个抗体, I^n 是抗体群空间, n 是种群大小, L 是编码长度, 若是实数编码, L 即为变量个数. 由上面的式子可知, $D = (D_{ij})_{n \times n}$ 是一个对称矩阵, 能够反映抗体群的多样性. 定义下式:

$$\lambda_i = \exp\left(-\sum_{j=1}^L D_{ij}\right). \quad (2)$$

显然, 抗体间亲和度越小(相似程度越小, 反映了抗体间的抑制作用强), λ_i 值越小, 可以借助 λ_i 来动态调节抗体克隆规模和抑制抗体产生, 避免近亲繁殖, 增加抗体多样性.

3.2 免疫记忆动态克隆策略(Immune memory dynamic clonal strategy)

Step 1 $k = 0$, 给定变异概率 p_m 、重组概率 p_c 、克隆规模 N_c ; 随机产生初始抗体群 $A(0) = \{a_1(0), a_2(0), \dots, a_n(0)\} \in I^n$.

Step 2 计算抗体-抗原亲合力 $A(0)$:

$$\{f(A(0))\} = \{f(a_1(0)), f(a_2(0)), \dots, f(a_n(0))\}.$$

Step 3 动态分配抗体群, 即根据抗体-抗原的亲合度大小, 将抗体群 $A(k)$ 由大到小排序, 选择前 t 个抗体作为记忆单元 $A_m(k)$, 其余作为一般抗体单元 $A_r(k)$, t 的大小由抗体间的亲和度决定, 即:

$$A(k) = \{A_m(k), A_r(k)\}, \quad (3)$$

其中: $A_m(k) = (a_1(k), a_2(k), \dots, a_t(k))$, $A_r(k) = (a_{t+1}(k), a_{t+2}(k), \dots, a_n(k))$, $t = \text{fix}[n \times (s_c + \gamma)]$, $\text{fix}[\cdot]$ 为下取整函数, s_c 是为了保证记忆单元基本大小而设置的常量, 其中

$$\gamma = \sqrt{\frac{1}{(n-1) \times n} \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n D_{ij}}. \quad (4)$$

Step 4 调整变异概率, 首先由下式计算每个抗体的变异概率:

$$p_m^i(k) = p_m^c + [1 + \exp(L \frac{f(a_i(k))}{\sum_{j=1}^n f(a_j(k))})]^{-1}, \quad (5)$$

其中 $i = 1, 2, \dots, n$, 并按下式进一步的修正:

$$p_m^i(k) = \begin{cases} p_m^M, & p_m^i(k) > p_m^M, \quad i = 1, 2, \dots, t, \\ p_m^A, & p_m^i(k) < p_m^A, \quad i = t + 1, \dots, n. \end{cases} \quad (6)$$

其中 p_m^M 和 p_m^A 分别为记忆单元和一般抗体单元的概率阈值, 一般地, $p_m^M \ll p_m^A < 1$.

Step 5 多克隆算子操作, 通过克隆、克隆重组和克隆变异获得新的抗体群.

1) 克隆 T_c^c :

$$B(k) = T_c^c(A_m(k), A_r(k)) = [T_c^c(a_1(k)), T_c^c(a_2(k)), \dots, T_c^c(a_n(k))]^T. \quad (7)$$

其中: $T_c^c(a_i(k)) = I_i \times a_i(k)$, I_i 为 q_i 维行向量, 称为抗体 a_i 的 q_i 克隆, 设

$$\beta_i = \lambda_i \times \frac{f(a_i(k))}{\sum_{j=1}^n f(a_j(k))}, \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (8)$$

则定义个体的克隆规模为

$$q_i = \text{Int}(N_c \times \frac{\beta_i}{\sum_{i=1}^n \beta_i}), \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (9)$$

$N_c > n$ 是克隆总规模, $N_c = \sum_{i=1}^n q_i$, $\text{Int}(\cdot)$ 为上取整函数. 由上式可以看出, 反映抗体个体规模的量 q_i 是依赖抗原亲和力 $f(a_i)$ 和 λ_i 并可自适应地调整.

2) 克隆重组 T_c^γ : 采用以下的重组方法: 考虑两个抗体 $a_1 = \{x_1, x_2, \dots, x_L\}$, $a_2 = \{y_1, y_2, \dots, y_L\}$, 随机选择第 j 位作为交叉点,

$$T_c^\gamma(a_1, a_2) = \{x_1, x_2, \dots, x_j, y_1, y_2, \dots, y_k\}, \quad (10)$$

其中 $k + j = L$, 经过克隆重组后, 产生新的抗体种群 $C(k)$, 即: $C(k) = T_c^\gamma(B(k))$.

3) 克隆变异 T_c^m : 这里采用高斯变异, 即对于抗体 a_i 的分量 $a_i(j)$ 可利用下式进行变异:

$$\sigma'_i(j) = \sigma_i(j) \cdot \exp(\lambda_1 N(0, 1) + \lambda_2 N_i(0, 1)), \quad (11)$$

$$a'_i(j) = a_i(j) + \sigma'_i(j) N(0, 1). \quad (12)$$

这里 $a_i(j)$, $a'_i(j)$, $\sigma_i(j)$, $\sigma'_i(j)$ 分别是向量 a_i , a'_i , σ_i , σ'_i 的第 j 个分量, $j = 1, 2, \dots, L$, $i = 1, 2, \dots, n$. $\sigma \subset \mathbb{R}^n$ 是抗体 a_i 的标准方差, $N_i(0, 1)$ 是均值为 0, 方差为 1 的高斯分布. 随机数 λ_1 和 λ_2 是给定常数, 一般设为 $(\sqrt{2\sqrt{n}})^{-1}$ 和 $(\sqrt{2n})^{-1}$. 经过克隆变异后, 产生

新的抗体种群 $D(k)$, 即: $D(k) = T_c^m(C(k))$.

Step 6 计算抗体-抗原亲和力

$$D(k) : \{f(D(k))\}.$$

Step 7 克隆选择 T_c^s : 对于 $\forall i = 1, 2, \dots, n$, 若存在变异后的抗体 b 满足: $b = \{a_{iq_j}(k) | \min f(a_{ij}), q_j = 1, 2, \dots, q_i\}$, 即:

$$f(a_i) > f(b), a_i \in A, \quad (13)$$

则用 b 取代原抗体 a_i , 从而更新了抗体群, 实现信息交换. 克隆选择完成后得到下一代抗体群 $A(k+1)$, 即:

$$A(k+1) = T_c^s(D(k)).$$

一般地, 采用规定最大演化代数结合下面的式子作为算法的终止准则:

$$|f^* - f_{\text{best}}| \leq \varepsilon, \quad (14)$$

式中 ε 是给定的罚值, f^* 表示全局最优解, f_{best} 表示当前演化代最好个体的函数值.

4 算法收敛性分析(Convergence of IMDCS)

定义 1 设 t 时刻的抗体群为 $\vec{X}(t) = (x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t)) \in S^n$, 定义:

$$M = \{\vec{X} | f(\vec{X}) = \max\{f(X_i(t)), i \leq n\}\}, \quad (15)$$

$$M^* = \{\vec{X} | f(\vec{X}) = \max\{f(X), X \in S^n\}\}, \quad (16)$$

M 被称为 X_t 的满意解, M^* 称为抗体群空间 S^n 上的满意解.

定义 2 对任意的初始抗体群 $X(0)$, 均有下式成立:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{\vec{X}(t) \in M^* / \vec{X}(0)\} = 1,$$

即:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{M \subseteq M^*\} = 1, \quad (17)$$

则称是算法收敛的^[11].

该收敛定义表明当算法迭代到足够的次数后, 抗群体以概率 1 包含最优解. 因此, 这种定义即为通常所说的以概率 1 收敛.

定理 1 设 P 是 n 阶可约方阵^[12]

$$P = \begin{bmatrix} C & 0 \\ R & T \end{bmatrix},$$

其中: C 是 m 阶本原方阵, $T, R \neq 0$, 则:

$$P^\infty = \lim_{k \rightarrow \infty} P^k = \lim_{k \rightarrow \infty} \begin{bmatrix} C^k & 0 \\ \sum_{i=0}^{k-1} T^i R C^{k-i} & T^k \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C^\infty & 0 \\ R^\infty & 0 \end{bmatrix} \quad (18)$$

是正的稳定的随机矩阵, 且: $P^\infty = e \cdot p^\infty$, $p^\infty = p^0 \cdot P^\infty$ 是与初始分布 p^0 无关, 并且满足下面的不等式:

$$\begin{cases} p_i^\infty > 0, 1 \leq i \leq m, \\ p_i^\infty = 0, m \leq i \leq n. \end{cases} \quad (19)$$

定理 2 免疫记忆动态克隆策略算法是收敛的.

证 初始抗体群与中间抗体群分别记为 S^n 和 S^N , 种群的状态转移 $\vec{X}(t) \rightarrow \vec{X}(t+1)$ 可以用下式描述:

$$\vec{X}(t+1) = T_c^s \circ T_c^m \circ T_c^r \circ T_c^c(\vec{X}(k)), \quad (20)$$

设 $\vec{X}(t) = i$, $\vec{X}(t+1) = j$, 现在从以下两种情形讨论随机过程 $\{\vec{X}(k)\}$ 的转移概率 p_{ij} .

a) 若 $i \neq j$,

$$p_{ij}(t) = p\{\vec{X}(t+1) = j | \vec{X}(t) = i\} = \begin{cases} 0, & i \in M^*, j \notin M^*, \\ PD, & \text{其他}. \end{cases} \quad (21)$$

其中 $PD = \prod_{k=1}^n p_s^k \left(\sum_{l=1}^{q_i-1} (p_m^l)^{d(i,j)} (1 - p_m^i)^{L-d(i,j)} \right)$.

b) 若 $i = j$,

$$p_{ij}(t) = p\{\vec{X}(t+1) = j | \vec{X}(t) = i\} = \begin{cases} 1, & i \in M^*, j \in M^*, \\ 1 - NPD, & i \notin M^*, j \notin M^*. \end{cases} \quad (22)$$

其中:

$$NPD = \sum_{L \neq j}^{|S^n| - |M|} \prod_{k=1}^n n p_s^k \cdot ND, \\ ND = \sum_{l=1}^{q_k-1} (p_m^l)^{d(i,L)} (1 - p_m^l)^{1-d(i,l)}.$$

综合以上两式得:

$$p_{ij}(t) = \begin{cases} 0, & i \in M^*, j \notin M^*, \\ 1, & i \in M^*, j \in M^*, \\ \geq 0, & i \notin M^*. \end{cases} \quad (23)$$

下面将证明转移概率矩阵 P 是可约的随机矩阵.

在IMDCS中, 种群序列不依赖于进化代数 t , 因此是一个齐次马尔科夫链, 其状态迁移矩阵由四个随机矩阵: 克隆矩阵 C , 克隆重组矩阵 R , 克隆变异矩阵 M 和克隆选择矩阵 S . 下面来确定这4个随机矩阵.

克隆 初始种群 $A(k)$ 中的个体被克隆:

$$T_c^C : S^N \rightarrow S^{NC}, \quad (24)$$

产生一个中间群体 $A^c(K)$, 相应的状态迁移矩阵 C 可以表示为:

$$C^+ = \begin{bmatrix} I & & & \\ & I & & \\ & & \ddots & \\ & & & I \end{bmatrix}, \quad (25)$$

其中 I 是 $2^{L(NC-N)}$ 阶单位阵.

克隆重组 群体 $A^c(k)$ 中的个体经克隆重组:

$$T_c^r : S^{NC} \rightarrow S^{NC} \quad (26)$$

生成中间群体 $A^r(K)$, 由于克隆重组并不作用到初始种群 $A(k)$ 上, 因此可以用下面的矩阵来表示状态迁移矩阵:

$$R^+ = \begin{bmatrix} R & & & \\ & R & & \\ & & \ddots & \\ & & & R \end{bmatrix}. \quad (27)$$

显然 R^+ 是一个非负矩阵, R 是 $2^{L(NC-N)}$ 阶方阵.

克隆变异 中间群体 $A^r(k)$ 的个体经变异:

$$T_c^m : S^{NC} \rightarrow S^{NC}, \quad (28)$$

生成一个中间群体 $A^m(k)$, 其状态迁移矩阵可被定义为

$$M^+ = \begin{bmatrix} M & & & \\ & M & & \\ & & \ddots & \\ & & & M \end{bmatrix}. \quad (29)$$

由于经克隆变异后, 状态 i 迁移到状态 j 的概率被定义为

$$P\{i \rightarrow j\} = p_m^{d(i,j)} (1 - p_m)^{L-d(i,j)} > 0, \\ \forall i, j \in S^{NC}, \quad (30)$$

因此 M^+ 是一个随机正方阵.

克隆选择 N 经克隆选择后, N 个个体将被选择而生存下来成为下一代 $A(k+1)$, 克隆选择算子被定义为

$$T_c^s : S^{NC} \rightarrow S^N. \quad (31)$$

设 $b_i = \max\{f(a'_{ij}) | j = 1, 2, \dots, q_i - 1\}$, 若对于 $\forall i = 1, 2, \dots, n$, $\exists i$, s.t. $f(b_i) > f(a_i)$, 则 $S_{ij} = 1$, 否则 $S_{ii} = 1$, 其迁移矩阵被表示为

$$S^+ = \begin{bmatrix} S_{11} & & & \\ S_{21} & S_{22} & & \\ \vdots & & \ddots & \\ S_{2LN,1} & S_{2LN,2} & \dots & S_{2LN,2LN} \end{bmatrix}. \quad (32)$$

因为 S_{11} 包含了全局最优值, 所以它是单位矩阵,

S_{ii} ($i \leq 2$) 是对角矩阵, 其对角线的元素是1或0. 综上所述, 克隆策略的状态转移矩阵 P 可用下式表示:

$$P = C \cdot R^+ \cdot M^+ \cdot S^+ = \begin{bmatrix} RMS_{11} & & & \\ RMS_{21} & RMS_{12} & & \\ \vdots & & \ddots & \\ RMS_{2LN,1} & RMS_{2LN,2} & \cdots & RMS_{2LN,2LN} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} M & 0 \\ R & T \end{bmatrix}, \quad (33)$$

其中:

$$M = RMC_{11} > 0, \\ R = \begin{bmatrix} RMS_{21} \\ RMS_{31} \\ \vdots \\ RMS_{2LN,1} \end{bmatrix} \neq 0, \\ T = \begin{bmatrix} RMS_{22} & & \\ \vdots & \ddots & \\ RMS_{2LN,2} & \cdots & RMS_{2LN,2LN} \end{bmatrix} \neq 0.$$

T 是低阶三角矩阵.

到目前为止, 已证明了矩阵 P 是可约矩阵, 根据定理1, 当 $k \rightarrow \infty$, 种群序列将收敛于状态 S_{11} , 即:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{M \subseteq M^*\} = 1.$$

所以算法是以概率1收敛的.

5 实验(Experiments)

5.1 函数优化问题(Function optimization problems)

为了测试算法的性能, 以下的函数优化问题为例, 来考察IMDCS 优化多峰函数的能力. 表1给出这些测试函数的基本性质, 这些函数都有多个局部极值点, 有的甚至有无穷的局部极值点.

$$f_1(x, y) = -\left(\frac{3}{0.05 + (x^2 + y^2)}\right)^2 - (x^2 + y^2)^2, \quad (34)$$

$$f_2(x, y) = -0.5 + \frac{\sin^2 \sqrt{x^2 + y^2} - 0.5}{1 + 0.001 \times (x^2 + y^2)^2}, \quad (35)$$

$$f_3(x) = \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1, \quad (36)$$

$$f_4(x) = -\sum_{i=1}^n x_i \sin(\sqrt{|x_i|}). \quad (37)$$

为了测试本文提出的免疫记忆动态策略(IMD

CS)对函数优化时的性能, 将该算法与标准进化策略算法(CES)和免疫克隆策略算法(ICS)进行了比较, 表2和表3分别给出了不同条件下的测试结果.

CES的初始种群为50, $p_c = 0.5$, IMDCS和ICS初始抗体种群为25, 克隆规模为50, $p_c = 0.5$, 对于二维函数, CES和ICS的变异概率满足: 对于二维函数 $p_m = 0.1$, 对于高维函数 $p_m = 1/N$, N 表示函数维数, 而对于IMDCS, $p_c = 0.5, p_m^c = 0.5, p_m^M = 1/N$, $p_m^A = 0.1, S_c = 0.1$. CES, ICS和IMDCS都独立运行的20次.

对于二维函数和高维函数, 分别设定最大进化代数500和1000, 表2记录了各算法最终达到的平均最优值及其均方差. 可以看出, 无论是对于二维测试函数还是高维测试函数, IMDCS的求解精度和求解稳定性明显优于CES和ICS, 而ICS的性能要优于CES.

另外, 也发现IMDCS的局部寻优能力要比前两者好, 这一点, 可以从图3看出. 图3给出了取种群规模 $n = 100$ 时ICS与IMDCS对测试函数的仿真结果, 从上图中可以更直观地看出以上二维函数的几何特征以及ICS和IMDCS优化性能的差异, 首先这些测试函数都是多峰函数, 都有多个局部最优值有的甚至有无穷多的局部最优值, 从图中发现这两种算法都能搜索到函数的全局最优值, 而ICS一般只能搜索大部分的局部最优值, 这一点上, IMDCS要比ICS好, 它几乎可以找到所有的局部最优值, 而且这些局部最优值均匀地分布在搜索空间上, 以 f_4 为例, 此函数有一个全局最优值 $f(0, 0) = 1$, 却有无穷多个局部最优值, 因为局部最优值与全局最优值只相差 10^{-3} , 所以要搜索到全局最优值很困难, 传统的进化策略CES常常陷入局部最优值, ICS与IMDCS都能找到全局最优值, ICS能搜索到大部分的局部最优值, 而IMDCS几乎搜索到所有的局部最优值且这些值能均匀地分布在图上(如图2(d)).

在给定精度为 10^{-3} 下, 表3给出了CES, ICS和IMDCS达到优化精度时, CES, ICS和IMDCS所需的最大、最小及平均代数($N_2/N_3/N_4$)及获得最优值的次数(N_1). 可以看出, IMDCS的结果要明显优于ICS和CES, 搜索到最优解所需的平均进化代数要明显比后两者少, 20次测试中, CES并未次次搜索到最优解, 即出现了早熟现象, 而IMDCS次次搜索到最优解. 表中结果只是对未陷入局部最优值的情况进行统计的.

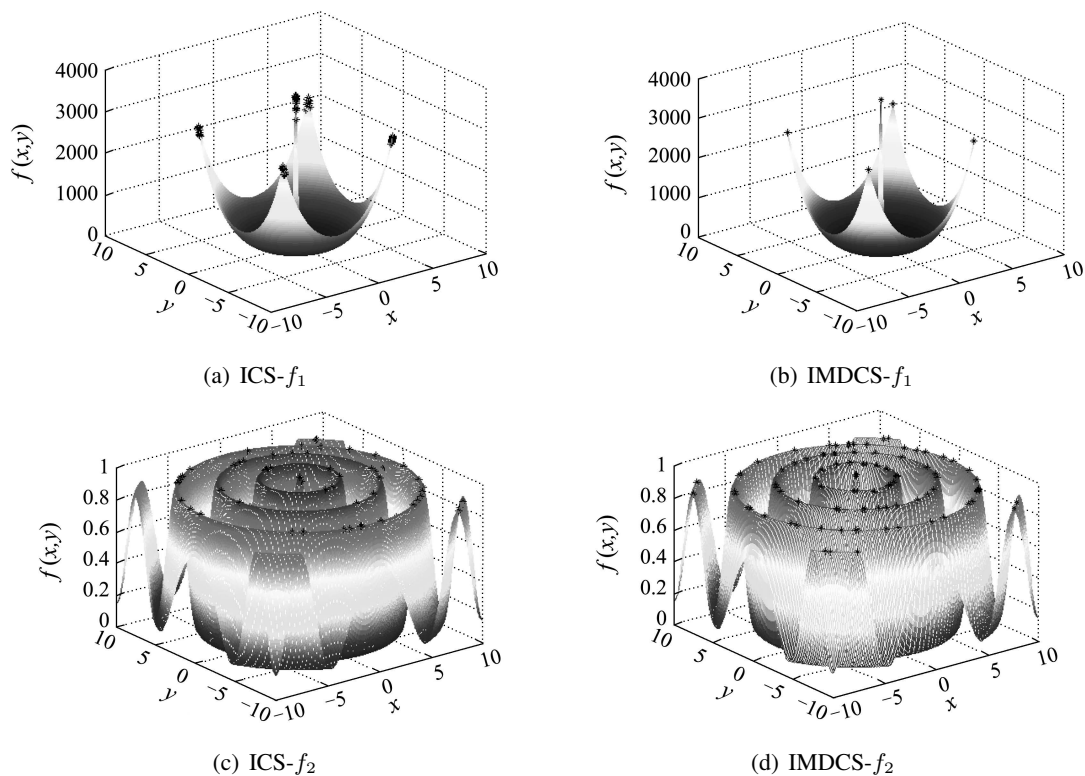


图2 ICS与IMDCS的仿真结果

Fig. 2 Simulation results of ICS and IMDCS

表1 测试函数的基本性质

Table 1 Basic characteristics of the test function

函数	f_1	f_2	f_3	f_4
全局最优值	3600	1	0	-12569.5
全局最优值点	(0,0)	(0,0)	(0,0,...,0)	(420.968,...,420.968)
自变量范围	[5.12,5.12]	[-10,10]	[-600,600] ^N	[-500,500] ^N
全局(局部)最优值个数	1(4)	1	(NA)	NA

表2 算法性能比较

Table 2 Performance comparison among CES, ICS and IMDCS

函数	CES		ICS		IMDCS	
	平均最优值	均方差	平均最优值	均方差	平均最优值	均方差
f_1	3.0903×10^3	653.7180	3.6000×10^3	0.0335	3.6000×10^3	2.741×10^{-4}
f_2	0.9702	1.3362×10^{-4}	1.0000	1.1260×10^{-1}	1.0000	3.2998×10^{-15}
f_3	0.1499	3.964×10^{-2}	3.2887×10^{-5}	7.9369×10^{-5}	0	0
f_4	-7.9956×10^3	2.7516×10^3	-12500.3732	21.63	-12569.2449	2.701×10^{-2}

表3 算法性能比较

Table 3 Performance comparison among CES, ICS and IMDCS

函数	CES		ICS		IMDCS	
	N1	N2/N3/N4	N1	N2/N3/N4	N1	N2/N3/N4
f_1	5	328/56/173	20	145/23/81	20	125/40/71
f_2	9	95/1/29	17	32/1/11	19	11/2/6
f_3	18	559/93/457	20	345/60/271	20	218/59/120
f_4	17	2030/155/740	20	1375/40/603	20	1053/31/330

5.2 TSP问题(Traveling salesman problem)

TSP是另一类典型的组合优化问题,可描述为:已知 n 个城市之间的距离,现有一货郎必须遍访这 n 个城市,而且每个城市只能访问一次,最后又必须返回出发城市,如何安排访问这些城市的次序,可使其经历的路线为最短?

对于TSP问题,IMDCS种群中抗体采用整数编码对应候选路径,抗原对应目标函数,抗体与抗原地亲合度采用相应路径距离表示.与前面测试中的变异策略不同,针对此问题,不同之处主要集中在采用了倒位操作及位点变异,而且倒位操作的概率为1(即对所有的克隆抗体都要进行倒位操作),以及对于抗体 a_i 的 q_i 克隆,需要保证每个克隆个体的倒位位置不同(即保证进行倒位操作后,克隆抗体不同).针对倒位后的抗体,采用概率较小的位点变异,并且算法不交叉操作.

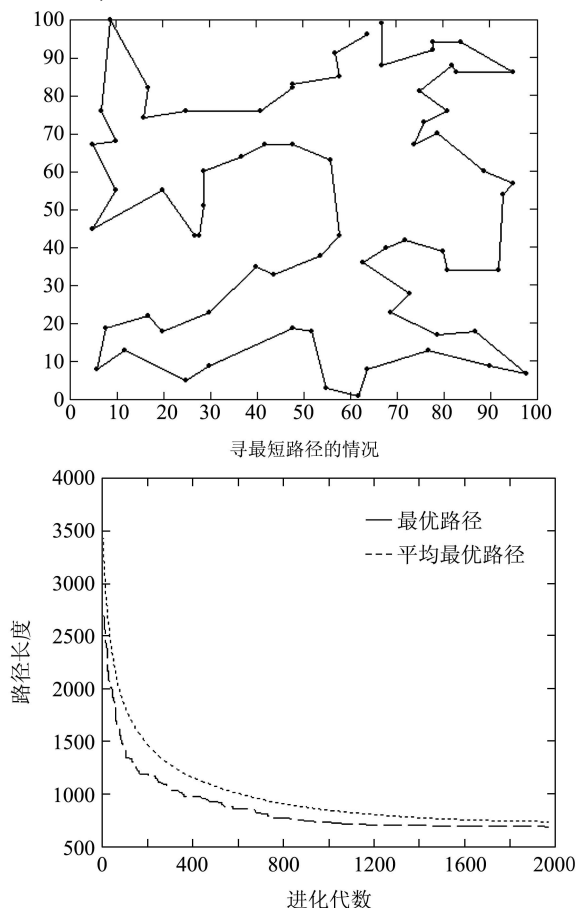


图3 IMDCS对TSP的仿真结果

Fig. 3 The simulation results of TSP of IMDCS

下面以70个城市的TSP为例,来测试IMDCS的性能. IMDCS的抗体规模为100,克隆规模为200,最大终止代数5000,其余参数设置与函数优化的相同. 10次实验中,IMDCS次次获得的结果比文献[13]中所采用的基本遗传算法所得的结

果678.5975要好,实验的平均最短路径为677.3217,得到最优解的平均进化代数数为2156.图3给出了10次实验的结果,从此结果中,可以看出IMDCS的性能要比进化算法好.尤其是在求解大规模的TSP问题时,克隆算子所提供的多种变异策略,能有效加快算法的收敛速度.

6 结论(Conclusions)

为了模拟生物免疫系统的自我调节及记忆机理,并且借助这些机理来有效改善人工仿生算法,本文提出了免疫记忆动态克隆策略(IMDCS).值得一提的是,IMDCS和进化算法虽然都是对生物智能的模拟,但二者所基于的机理及算子设计完全不同,前者模拟生物进化过程,而且相应算子偏重于重组操作,而后者则是对生物免疫系统模拟,其主要操作为变异算子,而且IMDCS不但强调抗体群的适应度的改变,也关心抗体间的相互作用而导致的多样性的改变,因而IMDCS并非是对进化计算的改进.理论分析和仿真实验表明,IMDCS算法具有较强的全局优化能力和较快的收敛速度,并且具有解决复杂问题诸如函数优化、背包问题及货郎担问题的能力,具有很强的实用价值.

进一步的研究将基于智能综合集成的思想,利用先验知识指导进化的方向,加速初始抗体的获得,实现样本空间的降维,从而改善人工免疫系统算法的性能.

参考文献(References):

- [1] DASGUPTA D, FORREST S. Artificial immune systems in industrial applications[C]//*Proc of the 2nd Int Conf on Intelligent Processing and Manufacturing of Materials (IPMM '99)*. Piscataway, NJ, USA: IEEE Press, 1999, 1: 257 – 267.
- [2] GASPER A, COLLARD P. From GAs to artificial immune systems: improving adaptation in time dependent optimization[C]//*Proc of the Congress on Evolutionary Computation (CEC 99)*. Piscataway, NJ, USA: IEEE Press, 1999, 3: 1859 – 1866.
- [3] 杜海峰, 刘若辰, 焦李成, 等. 求解多维0-1背包问题的人工免疫抗体修正克隆算法[J]. 控制理论与应用, 2005, 22(3): 348 – 352. (DU Haifeng, LIU Ruochen, JIAO Licheng, et al. Artificial immune antibody adjusting clonal algorithm for the 0-1 knapsack problem[J]. *Control Theory & Applications*, 2005, 22(3): 348 – 352.)
- [4] De CASTRO L N, VON ZUBEN F J. Artificial Immune System[J/OL]. part I- Basic Theory and Application. <http://www.dca.fee.unicamp.br/~Inunes/immunes.html>.
- [5] De CASTRO L N, VON ZUBEN F J. An evolutionary immune network for data clustering[C]//*Proc of the Sixth Brazilian Symposium on Neural Networks*. Los Alamitos, CA, USA: IEEE Computer Society, 2000: 84 – 89.
- [6] KIM J W, BENTLEY P J. Towards an artificial immune system for network intrusion detection: an investigation of clonal selection with a negative selection operator[C]//*Proc of the 2001 Congress on Evolutionary Computation*. Piscataway, NJ, USA: IEEE Press, 2001, 2: 1244 – 1252.

- [7] BÄCK T, SCHWEFEL H P. An overview of evolutionary algorithms for parameter optimization[J]. *Evol Comput*, 1993, 1(1): 1 – 23.
- [8] DU H F, LIU R C, JIAO L C. L Immunity clonal strategies[C]// *Proc of the 5th Int Conf on Computation Intelligence and Multimedia Application (ICCIMA'03)*. Xi'an, China: IEEE Computer Society Publisher, 2003: 290 – 295.
- [9] BURNET F M. *Clonal Selection and After*[M]// BELL G I, PERELSON A S, PIMBLEY G H. *Theoretical Immunology*. New York, NJ: Marcel Dekker Inc, 1978.
- [10] 张文修, 梁怡. 遗传算法的数学基础[M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2000.
(ZHANG Wenxiu, LIANG Yi. *Mathematical Foundation of Genetic Algorithms*[M]. Xi'an: Xi'an Jiaotong University Press, 2000.)
- [11] 潘正君, 康力山, 陈毓屏. 进化计算[M]. 北京: 清华大学出版社, 1998.
(PAN Zhenjun, KANG Lishan, CHEN Yuping, *Evolutionary Computation*[M]. Beijing: Tsinghua University Press, 1998.)
- [12] FISCHETTI M, MARTELLO S. A hybrid algorithm for finding the k th smallest of n elements in $O(n)$ time[J]. *Ann Operation Research*, 1998, 13: 401 – 419.
- [13] SRINIVAS M, PATNAIK L M. Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms[J]. *IEEE Trans on System, Man and Cybernetics*, 1994, 24(4): 656 – 667.

作者简介:

刘若辰 (1974—), 女, 西安电子科技大学副教授, 主要研究领域为免疫计算、人工免疫网络等, E-mail: ruocheenliu@yahoo.com.cn;

贾建 (1977—), 男, 博士研究生, 讲师, 目前研究方向为模式识别、图像处理、计算机图形学等方面, E-mail:jiajianbb@126.com;

赵梦玲 (1974—), 女, 助教, 目前研究方向为矿山应急救援系统技术;

焦李成 (1959—), 男, 西安电子科技大学教授, 博士生导师, IEEE高级会员, 现主要从事智能信息处理方面的研究。

《信息融合滤波理论及其应用》书讯

邓自立教授的新著《信息融合滤波理论及其应用》已于2007年9月由哈尔滨工业大学出版社出版. 这是邓自立教授继专著《最优滤波理论及其应用—现代时间序列分析方法》(2000年)、《卡尔曼滤波与维纳滤波—现代时间序列分析方法》(2001年)、《自校正滤波理论及其应用—现代时间序列分析方法》(2003年)和《最优估计理论及其应用—建模、滤波、信息融合估计》(2005年)之后又一部专著. 它们构成了现代时间序列分析方法的完整的理论体系. 该书用邓自立教授独创的现代时间序列分析方法和经典Kalman滤波方法提出了信息融合滤波新理论、新方法和新算法, 并给出在目标跟踪系统中的仿真应用.

全书共分8章, 包括模型参数和噪声方差估计、经典Kalman滤波、现代时间序列分析方法及其应用、自校正滤波理论及其应用、基于经典Kalman滤波的分布式信息融合滤波理论、基于经典Kalman滤波的全局最优观测融合滤波理论及其应用、基于现代时间序列分析方法的信息融合滤波理论、自校正信息融合滤波理论. 内容新颖、理论严谨, 并含有大量仿真例子.

该书可作为高等学校控制科学与技术、电子科学与技术、通信与信息系统等专业的研究生和高年级本科生教材, 且对信号处理、控制、通信、航天、导航、制导、目标跟踪、石油地震勘探、故障诊断、卫星测控、GPS定位、检测与估计、多传感器信息融合、机器人等领域研究人员和工程技术人员也有重要参考价值.

该书16开本, 71.7万字, 每册定价48.00元. 欲购者请与哈尔滨工业大学出版社联系.

联系人: 尹继荣

通讯地址: (150006)哈尔滨市南岗区复华四道街10号 哈尔滨工业大学出版社

电话: 0451-86414349 手机: 13946097515 传真: 0451-86414049