

文章编号: 1000-8152(2009)12-1449-03

周期变异概率的免疫克隆算法

何钦象¹, 柯芬蓉², 杨智春¹

(1. 西北工业大学 航空学院, 陕西 西安 710072; 2. 西安理工大学 理学院, 陕西 西安 710054)

摘要: 在传统免疫克隆算法的基础上提出了一种新的基于周期变异概率的免疫克隆算法, 该算法进一步提高了收敛速度, 有效地克服了早熟现象, 很好地解决了类似高维函数优化等复杂问题。通过对比计算实验表明: 种群的初始分布对该算法的性能影响很小, 且对待寻优空间的全局搜索能力和局部搜索能力以及算法的稳定性与计算速率都要强于简单免疫克隆算法和自适应遗传算法等优化算法。

关键词: 人工免疫; 克隆; 进化算法; 周期变异

中图分类号: O229 文献标识码: A

An immune clonal algorithm based on the probability of cyclic mutation

HE Qin-xiang¹, KE Fen-rong², YANG Zhi-chun¹

(1. School of Aeronautics, Northwestern Polytechnical University, Xi'an Shaanxi 710072, China;
2. School of Sciences, Xi'an University of Technology, Xi'an Shaanxi 710054, China)

Abstract: Based on the traditional immune clonal algorithm, we suggest a new immune clonal algorithm with cycle mutation. This algorithm can enhance the convergence speed, effectively overcome the premature convergence, and well resolve similar complex problems of multidimensional function optimization. Its performances exhibit little effect from the initial distribution of population. In comparison with the simple clone algorithm and the self-adapting genetic algorithm, this algorithm shows a higher speed in computation and a superior ability and stability in the global and local search for optimal solutions in space.

Key words: artificial immune; clone; evolutionary algorithm; cyclic mutation

1 引言(Introduction)

人工免疫算法借鉴于生物免疫系统遭到抗原侵入其机体内时免疫系统能够将其识别和消灭的原理进行种群优选, 该算法是优化智能算法中的一个新兴的研究热点^[1~4]。

一般认为免疫系统的抗体变异概率是一个恒定的小概率值, 但如果考察地球上生物进化的历程就会发现: 其过程的变异概率似乎存在着周期性的规律, 而非一个恒定的值。化石表明地球上的生物曾经出现过5次生物大灭绝, 出现的周期基本在6200~6500万年之间, 并且地球上的生物还存在着生物大爆发现象, 每次生物大爆发总是在很短的时间内涌现出大量的新物种, 但在随后很长时间内几乎不会再出现新的物种^[5]。基于上述的自然进化现象, 假定免疫抗原的进化过程中变异的概率是非恒定的、且

存在着周期性的规律, 并在此基础上提出一种基于周期变异概率的免疫克隆算法, 该算法进一步提高了收敛速度, 能有效地克服早熟现象, 可以很好地解决类似高维函数优化等复杂问题。

2 算法定义(Algorithm definition)

不失一般性, 记抗体种群空间为: $AG^m = \{C, C = (C_1, C_2, \dots, C_m), C_i \in AG, 1 \leq i \leq n\}$, 整数 m 称为抗体种群规模, 抗体种群 $C = \{C_1, C_2, \dots, C_m\}$ 为抗体 C 的 m 元组, 可将其视为抗体种群空间 AG^m 的一个点。

克隆选择 TC^s 。抗体被克隆的几率的高低取决于其亲合度的大小, 即

$$p(TC^s(C_i)) = f(\Xi(C_i)) / \max_{j \in [1, m]} f(\Xi^{-1}(C_j)). \quad (1)$$

收稿日期: 2007-12-29; 收修改稿日期: 2009-10-20。

基金项目: 教育部新世纪优秀人才支持计划项目(NCET-04-0965); 高等学校博士学科点专项科研基金资助课题(20060699001)。

克隆 Θ 定义为 $\Theta(C) = [\Theta(C_1) \ \Theta(C_2) \ \dots \ \Theta(C_m)]^T$, 其中 $\Theta(C_i) = I_k \times C_i$. 克隆后, C 种群包括两部分群体集合记为 C^Θ .

克隆重组 TC^a . 克隆后对 C^Θ 集合中的抗体做重组操作, 对于每个参数 x_i 对应的编码, 按照一定的概率 p^a , 做重组操作.

$$\begin{cases} C'_i = TC^a(C_i^\Theta) = \\ \{c_v, c_{v+1}, \dots, c_n, c_1, c_2, \dots, c_{v-1}\}, \\ \forall v = 1, 2, \dots, n; C'_i \in C'^\Theta. \end{cases} \quad (2)$$

克隆重组后的抗体集合记为 C'^Θ .

克隆变异 TC^m . 与一般变异不同, 克隆变异只对 C'^Θ 中的基因变异, 并不直接作用于抗体原始种群的信息. 克隆变异记为:

$$p(TC^m(C_i) = C'_i) = \begin{cases} f_c(t), C_i \in C'^\Theta, \\ 0, \text{ 其他.} \end{cases} \quad (3)$$

式中 $f_c(t)$ 为周期变异概率函数, 可以选为如下的函数形式:

$$f_c(t) = \frac{\alpha[t - (k + 0.5)T_c]^2}{T_c^2}. \quad (4)$$

式中: t 为进化代数, T_c 为变化周期, α 为概率调整系数, k 为周期数.

克隆替代 TC^r . 如果克隆进化后的群体中最大亲合度的个体优于克隆母体的亲合度, 用该克隆进化的个体代替母体, 即:

$$\begin{cases} TC^r(C'_i) = \\ \max(C'_i), \text{ 如果 } f_{\max}(\Xi^{-1}(C'_i)) > f(\Xi^{-1}(C_i)), \\ 0, \text{ 其他,} \end{cases} \quad (5)$$

$$C'_i \in C'^\Theta \text{ 且 } C_i \in C.$$

3 周期变异免疫克隆算法流程(Process of immune clonal algorithm with cycle mutation)

周期变异免疫克隆算法的流程为:

步骤1 初始化抗体种群, 置当前抗体号 $i = 1$, 进化代数 $t = 0$;

步骤2 判断是否满足停止规则, 如果是, 则跳转到步骤5;

步骤3 判断当前抗体号 i 是否大于群体总数 n , 如果是, 则跳转到步骤4;

步骤3.1 选择 C_i 为当前的进化抗体, 按照式(1)计算该抗体克隆选择概率 p_s , 随机产生符合

高斯分布的比较概率 p_r , 如果 $p_s < p_r$, 则跳转到步骤3.5;

步骤3.2 对 C_i 在 k 维规模上做克隆, 并在该 k 维克隆集合中做克隆重组操作;

步骤3.3 根据进化代数 t , 按照式(4)计算克隆变异概率, 对重组后的集合做克隆变异操作;

步骤3.4 计算亲合度, 按照 TC^r 规则做克隆替代;

步骤3.5 修改当前抗体号 $i : i = i + 1$, 返回步骤3;

步骤4 修改当前进化代数 $t : t = t + 1$, 返回步骤2;

步骤5 输出优化结果.

4 计算实验结果与分析(Calculation and analysis of experimental results)

算法性能对比测试. 为了测试周期变异免疫克隆算法(CMIA算法)的性能, 选取了自适应遗传算法(AGA)^[6] 和简单免疫克隆算法(SIA)^[7] 进行计算实验对比测试. 3种算法共测试6个典型函数(函数与停止条件见附录1), 在测试中, 各算法寻优最多迭代1000次, 否则认为未能寻找到目标, 每个函数测试1000次, 并统计每种算法发现目标次数、平均迭代次数、迭代次数的均方差分布和平均消耗时间. 上述3种算法的具体参数如下:

算法1(M1) 简单免疫克隆算法(SIA), 种群规模50, 克隆数目为5;

算法2(M2) 自适应遗传算法(AGA), 编码采用二进制编码方式, 长度为20, 种群规模50, 最优种群保存数目10, $P_s = 0.7$;

算法3(M3) 周期性变异免疫克隆算法(CMIA), 种群规模50, $P_s = 0.7$.

测试结果如表1所示. 通过测试结果可以看出本文所提出CMIA算法的综合性能最优, 在6个测试函数中, 除测试函数F6发现最优解的概率为76.2%外, 其余测试函数发现最优解的概率都在95%以上. 对于测试函数F3、F4、F5与F6而言, SIA算法基本无法发现其最优解, 而AGA发现最优解的概率也仅为11.5%, 但是CMIA对上述4个测试函数发现最优解的概率分别为100%、97.4%、100%和76.2%. 通过对表1中的均方差、平均迭代次数和平均消耗时间, 可以发现CMIA上述3个指标的值在6个函数的测试数据也是非常好的(其中不包括发现最优解次数小于500次的情况).

表1 算法的对比测试结果
Table 1 Comparative test results of algorithm

	发现目标次数/次			均方差/次			平均迭代次数/次			平均消耗时间/ms		
	M1	M2	M3	M1	M2	M3	M1	M1	M2	M1	M2	M3
F1	66	10	1000	37.04	52.86	0.70	415.29	728.60	43.19	2.84	0.57	0.50
F2	551	90	992	12.64	28.28	5.01	333.05	457.24	206.02	2.63	0.55	0.50
F3	0	5	1000	—	0	0.47	—	18.00	36.34	—	0.51	0.53
F4	0	0	974	—	—	5.14	—	—	159.22	—	—	0.53
F5	0	3	1000	—	0	0.20	—	6.00	29.09	—	0.64	0.69
F6	8	115	762	115.89	32.46	9.15	324.63	235.26	378.44	2.91	0.37	0.53

M1: 简单免疫克隆算法; M2: 自适应遗传算法; M3: 周期性变异免疫克隆算法.

5 结论(Conclusion)

本文根据大自然生物进化过程的变异概率存在着周期性规律的自然进化现象提出了一种新的基于周期变异概率的免疫克隆算法. 该算法具有更高的收敛速度, 能够更有效地克服早熟现象, 更好地解决类似高维函数优化等复杂问题, 并且适合用于控制系统中控制策略的优化. 对比计算测试结果表明: 本文所设计的CMIA算法在寻优空间的局部搜索能力和全局搜索能力以及算法的稳定性与计算速率都要强于简单免疫克隆算法和自适应遗传算法等优化算法.

参考文献(References):

- [1] CUTELLO V, NICOSIA G, PAVONE M, et al. An immune algorithm for protein structure prediction on lattice models[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2007, 11(1): 101–117.
- [2] LAU H Y K, WONG V W K. An immunity-based distributed multiagent-control framework[J]. *IEEE Transaction on Systems, Man, and Cybernetics-Part A: Systems and Humans*, 2006, 36(1): 91–108.
- [3] ZHONG Y F, ZHANG L P, HUANG B, et al. An unsupervised artificial immune classifier for multi/hyperspectral remote sensing imagery[J]. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 2006, 44(2): 420–431.
- [4] HSIAO P Y, CHEN C H, WEN H, et al. Real-time realisation of noise-immune gradient-based edge detector[J]. *IEE Proceeding Computer Digital Technology*, 2006, 153 (4): 261–269.
- [5] 戎嘉余, 詹仁斌. 论大灭绝后的幸存类型、复活效应与避难所[J]. 地学前缘, 2006, 13(6): 187–198.
(RONG Jiayu, ZHAN Renbin. Re-evaluation of survivors, Lazarus taxa, and refugia from mass extinction[J]. *Earth Science Frontiers*, 2006, 13(6): 187–198.)
- [6] 庄健, 王孙安. 自调节基因移民遗传算法的研究[J]. 西安交通大学学报, 2002, 36(11): 1170–1172.
(ZHUANG Jian, WANG Sun'an. Study on self-adjusting of gene migration genetic algorithm[J]. *Journal of Xi'an JiaoTong University*, 2002, 36(11): 1170–1172.)
- [7] 刘若辰, 杜海峰, 焦李成. 基于柯西变异的免疫单克隆策略[J]. 西安电子科技大学学报, 2004, 31(4): 551–556.

(LIU Ruochen, DU Haifeng, JIAO Licheng. Immune monoclonal strategy based on the Gauthy mutation[J]. *Journal of Xidian University*, 2004, 31(4): 551–556.)

附录1 测试函数与停止条件(Test functions and termination conditions of appendix)

函数1(F1): $\max f(x, y) = -[20 + x^2 - 10 \cos(2\pi x) + y^2 - 10 \cos(2\pi y)]$, $x, y \in [-5.0, 5.0]$,

测试停止条件: -0.0010;

函数2(F2): $\max f(x, y) = -[100 * (x^2 - y)^2 + (1 - x)^2]$, $x, y \in [-8, 8]$,

测试停止条件: -0.0010;

函数3(F3): $\max f(x) = 20 \exp[-0.2 \sqrt{\frac{1}{2}(x^2 + y^2)}] + \exp \frac{1}{2} [\cos(2\pi x) + \cos(2\pi y)] - 20 - e$, $-10 \leq x_i \leq 10$,

测试停止条件: -0.0010;

函数4(F4): $\max f(x, y) = -(x^2 + y^2)^{0.25} ((\sin^2 50 (x^2 + y^2))^{0.1} + 1.0)$, $x, y \in [-1, 1]$,

测试停止条件: -0.0010;

函数5(F5): $\max f(x, y) = -(|x| + |y| + |x||y|)$, $x, y \in [-10, 10]$,

测试停止条件: -0.0010;

函数6(F6): $\max f(x, y) = -x \sin \sqrt{|(y+1-x)|} \cos \sqrt{|(y+1+x)|}$, $x, y \in [-512, 512]$,

测试停止条件: 511.70.

作者简介:

何钦象 (1957—), 男, 博士研究生, 西安理工大学理学院教授, 主要研究方向为磁悬浮转子稳定性控制和工程结构健康监测等, E-mail: heqx@mail.xaut.edu.cn;

柯芬蓉 (1979—), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为结构动力学分析与控制, E-mail: kefenrong@163.com;

杨智春 (1964—), 男, 教授, 主要研究方向为结构动力学分析与控制, E-mail: yangzc@nwpu.edu.cn.