

面向多峰函数优化的 Lamarck 免疫网络算法^{*}

逢珊¹, 杨欣毅², 张小峰¹

(1. 鲁东大学信息科学与工程学院, 山东烟台 264025; 2. 海军航空工程学院飞行器工程系, 山东烟台 264001)

摘要: 为改善免疫网络算法在多峰函数优化方面存在局部收敛的不足, 提出一种 Lamarck 免疫网络算法(LM-aiNet)。依据 Lamarck 进化理论思想, 设计基于方向的局部搜索机制和自适应的网络抑制阈值, 提高了算法对于不同类型多峰函数优化的适应能力。对算法的复杂度和收敛性进行分析, 重点讨论了算法主要参数对求解性能的影响, 确定合适的参数取值范围。实验结果表明, 算法能够有效地解决经典算法的局部收敛问题, 其求解能力优于被比较的其他算法。

关键词: 免疫网络; 多峰函数; 进化; Lamarck 理论; 局部搜索

中图分类号: TP18; TP301.6

文献标志码: A

文章编号: 1001-3695(2012)03-0902-05

doi:10.3969/j.issn.1001-3695.2012.03.028

Lamarck immune network algorithm for multimodal function optimization

PANG Shan¹, YANG Xin-yi², ZHANG Xiao-feng¹

(1. College of Information Science & Engineering, Ludong University, Yantai Shandong 264025, China; 2. Dept. of Aircraft Engineering, Naval Aeronautical & Astronautical University, Yantai Shandong 264001, China)

Abstract: In order to solve the problem of local convergence in immune network algorithm, this paper presented a Lamarck immune network algorithm(LM-aiNet). According to Lamarck evolution theory, this paper designed a directional local search strategy, and added an adaptive network suppress threshold to the algorithm. As a result, new algorithm is more adaptable for different multimodal functions. This paper performed the computing complexity and convergence analysis. It studied the influence of important parameters on algorithm's performance and determined the suitable range of parameters. Results on benchmark functions show that LM-aiNet avoids the problem of local convergence effectively. And its searching performance is better than the other compared algorithms.

Key words: immune network; multimodal function; evolution; Lamarck theory; local search

0 引言

现实中的许多问题如工程设计、组合优化和决策等, 常存在多个最优解或者一个最优解和多个局部最优解, 它们均可归类为多峰优化问题^[1], 其全局最优解不一定是所需要的解。在工程实际中往往不仅需要定位全局最优解, 还需其他有价值的局部最优解, 以供决策者分析比较选出真正的满意解。

传统的数值优化方法如共轭梯度法、最速下降法等虽然具有收敛快、精度高的优点, 但难以获得很多局部最优解。鉴于仿生进化算法在复杂优化问题方面的特有优势, 近年来提出了一些用于多峰函数优化的进化算法, 如适应度分享法^[2]、序列小生境法^[3]、物种保留算法^[4]等, 但它们仍然存在适应能力不强, 对复杂问题求解能力有限等不足^[5]。基于免疫选择机制, Castro 等人^[6]提出一种免疫克隆选择算法 (CLONALG), 该算法有较好的全局收敛能力, 但算法寻优致力于向适应度更高的个体聚集, 牺牲了种群的多样性, 局部搜索的能力有限; Castro 等人^[7]又提出优化免疫网络算法 (opt-aiNet), 该算法具有自动调节种群数量的功能, 在保持较多的局部最优解方面表现十分突出, 但当目标函数的峰值过于密集时, 易发生早熟现象。为

了改善优化免疫网络的局部搜索性能, 很多研究者提出了不同的改进算法。薛文涛等人^[8]提出的基于双变异算子的免疫网络算法 (DMIN), 采用柯西和高斯两种变异算子提高算法的全局和局部搜索能力; Liu 等人^[9]提出的合作人工免疫网络 (CoAIN), 借鉴粒子群优化思想, 让抗体根据种群和自身的经验搜索解空间, 从而更为有效地求解; Xu 等人^[10]提出基于推理的免疫网络 (PiNet), 利用抗体当代和上一代的适应度信息, 指导抗体向较好的方向进行局部搜索, 设计一种适应度调节机制, 较好地平衡了局部和全局搜索的关系。总的来说, 上述改进算法是通过改进免疫网络的局部搜索方式来提高算法性能, 这也成为免疫网络算法一个非常重要的研究方向。

近年来, 一些局部搜索方法如 Lamarck 机制和 Baldwin 效应被引入进化计算, 有效地提高了算法的搜索能力, 成为进化计算的新热点。遗传算法 + 局部搜索的混合式启发搜索算法称为 Memetic 算法, 研究表明^[11,12], Memetic 算法与基本遗传算法相比具有明显的优越性。Lamarck 机制和 Baldwin 效应都源于自然进化理论。早期遗传学家 Lamarck 认为, 个体生存的环境控制着遗传的变异过程。个体生存期间的学习直接影响其基因组成, 学习的内容能直接遗传给子代, 其主要观点已被证明在生物进化中是错误的。19 世纪末, 生物学家 Baldwin 提

收稿日期: 2011-08-13; 修回日期: 2011-09-21 基金项目: 航空科学基金和航空电子系统综合技术国防科技重点实验室联合资助项目 (20095584006); 山东省自然科学基金资助项目 (Y2008E11)

作者简介: 逢珊 (1981-), 女, 山东烟台人, 讲师, 硕士, CCF 会员, 主要研究方向为进化计算、智能优化算法 (pangshanpp@163.com); 杨欣毅 (1978-), 男, 讲师, 博士, 主要研究方向为航空发动机性能仿真计算; 张小峰 (1978-), 男, 讲师, 博士研究生, 主要研究方向为图像处理。

出了学习对进化的间接效应理论,后天学习并不改变个体的染色体,但经过后天学习,部分个体提高了对环境的适应度,从而获得更大的生存几率、繁殖更多后代。虽然 Lamarck 进化理论被证明在生物进化中是错误的,但是在文化进化(cultural evolution)中却是正确的。

尽管基于 Lamarck 机制或 Baldwin 效应的混合算法都能提高算法局部搜索能力,但是 Whitley 等人^[13]的研究表明,基于 Baldwin 效应的混合算法其效率低于采用 Lamarck 机制的算法。这是因为 Lamarck 机制直接修改个体的基因型,经过修改后的较好的个体得到选择被保留下来,而 Baldwin 效应无法直接改变个体的基因,它是改变个体的适应度从而提高个体生存几率,但不能保证个体一定会进化成更好个体。然而局部搜索是以牺牲计算时间为代价的,对于较为复杂的多峰优化函数来说,采用更为直接有效的局部搜索方法显然将更有利求解。

1 基于 Lamarck 机制的免疫网络算法

1.1 Opt-aiNet 算法的不足

Opt-aiNet 算法首先生成由抗体组成的免疫网络,然后每个抗体历经克隆、变异和选择组成新的网络。当网络稳定后,对亲和度小于预设抑制阈值的抗体进行抑制,随后引入新的抗体进行网络补充。重复以上过程,直至达到收敛条件。算法采用的是与适应度值有关的变异算子。

$$c' = c + \alpha N(0, 1), \alpha = \frac{1}{\beta} \exp(-f^*) \quad (1)$$

其中: c' 是抗体的克隆 c 经过变异后产生的新个体; $N(0, 1)$ 是均值为 0、标准差为 1 的 Gauss 随机变量; β 是用于控制指数函数衰减的变量; f^* 是经过规范化处理的克隆 c 的适应度值。Opt-aiNet 算法对于网络中每个抗体首先生成 N_c 个克隆之后,对于每个克隆按照式(1)进行变异,将变异后的 N_c 个个体与原来抗体的适应度值进行比较,选择最佳的进入下一代网络。然而这种变异方法还存在一定不足:

a) 从式(1)可以发现,克隆变异的幅度主要取决于 α , Castro 分析,在 β 取 100 时,随着 f^* 值从 0 到 1 的变化, α 变化范围为 $[0.00368, 0.01]$,即最好个体的变异程度大约是最差个体的 36.8%。然而对于不同的目标函数,其曲面形状和可行域范围是不同的。对于某些局部极值多分布密集的函数,变异幅度需要很小,使得粒子尽量在局部极值的邻域内精细搜索;而对于局部峰值相对较少的函数,变异的幅度可以适当放大,提高个体的搜索速度。显然, β 取固定值会影响算法的适应性。

b) 这种变异是基于 Gauss 随机变量的一种概率性变异,即使 α 取得合适的值,但是 $N(0, 1)$ 取值的随机性也会影响个体对局部极值的搜索。文献^[8]针对单一变异算子的不足,采用双变异算子分别加强算法的全局和局部搜索能力,在一定程度上改善了算法的搜索性能。

总的来说,基于概率搜索的效率还有待提高。如图 1 所示,在克隆体数目相同的情况下,基于方向的搜索要比概率搜索更能均匀、全面地搜索解空间。为了提高个体的局部搜索效率,尽快接近局部极值,本文借鉴 Lamarck 进化思想,提出一种考虑目标函数曲面形状和梯度信息的局部搜索机制。

1.2 基于方向的局部搜索

局部搜索是个体在各邻域内移动,寻求更好个体的过程。以图 2 所示二维函数的情况,位于两个峰值之间的一点

p , 如果想迅速达到邻近的局部峰值,显然沿着轨迹 1 是最优路径;如果要使个体的局部搜索能够尽量接近最优路径搜索,则需要满足:a) 每一步搜索,个体都尽量沿着梯度最高的方向进行;b) 步长控制在合适范围内。

个体沿函数曲面移动的梯度可由式(2)的广义导数确定。

$$df_i = \frac{f(x + \Delta t \cos \theta_i, y + \Delta t \sin \theta_i) - f(x, y)}{\Delta t} \quad (2)$$

其中: θ_i 是第 i 个方向对应的角度,设有 N_d 个搜索方向,每个方向相差角度 $\frac{2\pi}{N_d}$, 则 $\theta_i = i \cdot \frac{2\pi}{N_d}$; Δt 表示步长,搜索后新个体坐标为 $(x + \Delta t \cos \theta_i, y + \Delta t \sin \theta_i)$ 。上式是关于函数 f 在 i 方向上的广义导数定义,并不要求函数是否显式。由上式可见,梯度最高的方向对应的新个体适应度也是最大的。

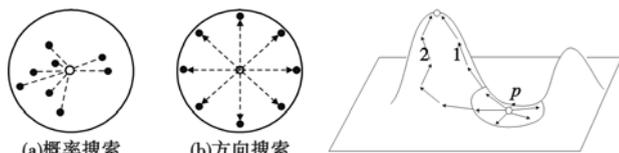


图1 两种搜索机制对解空间搜索的示意图

图2 个体对局部峰值的搜索过程

局部搜索的步长对搜索的精度和效率都有很大的影响,如图 2 所示。如果步长过大,有可能导致个体飞出局部极值的邻域,而过小则可能花费更多的搜索次数才能达到局部极值。因此,步长的选择与函数曲面的峰值分布情况有关,但是在曲面形状信息未知的情况下,难以直接给定步长。为此,可以利用种群中个体的分布和适应度信息确定合适的搜索步长。

$$\Delta t = \frac{\text{dist}_{\text{avg}}}{N_{\text{gen}}} \exp(-f^*) \quad (3)$$

其中: f^* 是经过规范化处理的抗体适应度; dist_{avg} 为网络中抗体的平均距离(本文采用欧式距离计算); N_{gen} 是总的迭代代数。该步长公式基于以下几点考虑:式(3)的分子是抗体的平均距离,该距离主要取决于可行域范围大小和抗体数目;迭代一开始网络中抗体较少、平均距离大、步长较长,有利于加快搜索速度,而后期个体数目增加、平均距离减少、步长随之减小,有利于提高搜索精度;此外,步长还与抗体的适应度有关,适应度越高,说明抗体可能距离局部极值越近。因此,缩短步长有利于提高搜索精度。相比之下,opt-aiNet 算法中变异步长 $\alpha = \frac{1}{\beta}$, 而 β 取固定值,无法根据抗体的空间分布和可行域范围的大小作出相应调整,适应性不强。

综上,基于方向的局部搜索步骤如下:a) 计算网络中抗体的适应度和平均距离 dist_{avg} ; b) 根据式(2)确定搜索步长;c) 每个抗体生成 N_d 个克隆;d) 每个克隆沿着相应方向和步长进行搜索,得到新的个体;e) 计算 N_d 个新个体的适应度,加上原来的抗体,选择适应度最优的进入下一代网络。

1.3 网络抑制和网络补充

网络抑制的目的是保持种群多样性,减少相似抗体在下一代的生存几率。Opt-aiNet 算法是通过预先设定的抑制阈值 σ_s , 保留网络中相似度小且适应度大的抗体。然而实际运行中发现,opt-aiNet 算法对于像 schubert(图 6)这样的极值点过多、过密的函数,常常出现早熟现象,其平均适应度曲线在增加到一定程度后就保持不变,如图 3(a)所示。造成这一现象的原因是因为抑制阈值 σ_s 取固定值($\sigma_s = 0.2$)。对于 schbert 函数,其可行域为 $[-10, 10]$, 初始 20 个抗体距离都大于 0.2, 然

后抗体逐渐趋向于不同的局部极值。在迭代过程中抗体间的距离始终大于抑制阈值,网络一直得不到抑制,也不会被补充,导致算法陷入局部收敛,最终的解的数目等于初始抗体数。而对于 schaffer 的函数,其全局极值周围分布着无数的局部极值,此时 σ_s 取 0.2 又显得过大,导致距离近的局部解被抑制,最终获得的解又很少。为提高算法的适应性,提出一种自适应的抑制阈值:

$$\delta_s = \gamma \cdot \text{dist}_{\text{avg}} \quad (4)$$

即抑制阈值等于抑制系数 γ 和抗体平均距离的乘积。该阈值利用网络的空间信息,针对不同的可行域范围可以自适应地调整(γ 的取值分析见第 5 章)。

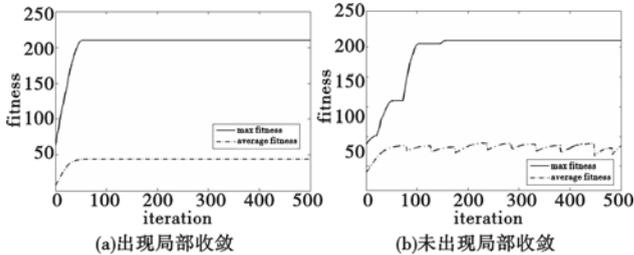


图3 正常情况和局部收敛情况下平均和最大适应度曲线

网络抑制会减少种群中抗体的数量,但只要网络抑制后的抗体数与上次网络抑制不同,就说明还有峰值点没有搜索到,因而需要产生当前种群数目 $d\%$ 的新的抗体补充种群,以扩大搜索空间。这样网络抑制和网络补充机制共同作用,动态地调节种群的规模,保证算法能搜索到尽可能多的峰值点。为了避免出现局部收敛,如果网络抑制后抗体数量与上次相同,并不终止算法,而只是计数一次,继续引入随机个体进入种群进行迭代。当计数三次后,如果抗体数量还是不变,可认为算法已经搜索到目标函数的所有峰值,则终止算法。

1.4 算法步骤

- a) 随机产生初始群体 $Ab(0)$ 。
- b) 计算种群中所有抗体的适应度,并规范化处理。
- c) 按照 1.2 节的方法,抗体进行方向局部搜索,并根据适应度值组成新的网络。
- d) 计算新的网络的平均适应度。如果新网络平均适应度与上一代相比没有明显差异,则继续,否则返回到步骤 b)。
- e) 对种群进行网络抑制,根据自适应抑制阈值剔除相似个体。将抑制后的网络数目与上一次抑制后的数目比较,若数目不同,则说明找到新的极值点;若数目相同,则 $\text{count} + 1$, 当 $\text{count} = 3$ 或迭代次数达到最大迭代次数,结束算法。
- f) 引入数目为占当前群体 $d\%$ 的随机个体进行网络补充,组成下一代种群 $Ab(t+1)$,返回步骤 b)。

2 算法收敛性分析

参考文献[14]的方法,对算法的收敛性进行分析。设迭代过程中每代群体组成的序列为 $\{Ab_N(t)\}$,其中 t 为迭代次数。由于算法不断对种群进行变步长的方向搜索、网络抑制和补充,该序列是一个随机过程。利用状态转移概率和极限理论对算法进行收敛性分析,有如下定理。

定理 1 以迭代次数 t 为时刻坐标,则序列 $\{Ab_N(t)\}$ 构成了一个有限状态的齐次 Markov 链。

证明 严格的证明需要涉及到许多概率和随机过程方面的论证,这里仅就定理进行分析。

每代群体 $Ab_N(t)$ 由 N 个二维抗体组成,每个抗体在各维度的取值是有限的。群体的数目由于算法迭代过程中的网络抑制和补充,种群数目是在不断增长的。假设在极限情况下,每次迭代都进行网络抑制和补充,则 t 时刻的种群数量为 $N_0(1+d)^t(1-\sigma_s)^t$, N_0 为初始种群数目。在正常情况下,种群数目均小于该极限值,因此在 t 时刻网络序列 $\{Ab_N(t)\}$ 的状态是有限的,所有 N 个抗体构成了序列 $\{Ab_N(t)\}$ 的状态空间,记为 Ω^N (状态有限性)。

每代群体 $Ab_N(t)$ 中的抗体通过局部搜索、网络抑制和补充机制进行更新。本代中抗体的分布可以完全决定下一代抗体的分布概率,而与本代之前的分布情况无关(Markov 性)。

更新过程中,各操作都与迭代的次数无关,故状态之间的转移只与构成状态的个体有关,与迭代次数 t 无关(齐次性)。

因此,序列 $\{Ab_N(t)\}$ 构成了一个有限状态的齐次 Markov 链。证毕。

所以,其状态转移概率可以用状态转移矩阵来表示。若将种群中抗体状态按适应度从大到小进行排序,则改进算法的有限状态 Markov 链一步转移概率矩阵可表示为

$$P = \{P_{ij}\}_{i,j \in \Omega} = \begin{bmatrix} P_{11} & & & \\ P_{21} & P_{22} & & \\ \dots & \dots & \dots & \\ P_{1|\Omega|1} & P_{1|\Omega|2} & \dots & P_{1|\Omega||\Omega|} \end{bmatrix} \quad (5)$$

其中: P 为下三角随机矩阵, $P_{ij} > 0, i \geq j, P_{11} = 1$ 。

于是可以定义算法的收敛性如下:

定义 1 设 $Z_t = \max\{f(Ab_N(t))\}$ 是一个随机变量序列,该变量代表时间步 t 状态种群中最佳适应度。若

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{Z_t = f^*\} = 1 \quad (6)$$

成立(其中 $f^* = \max\{f(b) | b \in \Omega\}$),即为全局最优值),则该算法以概率收敛到全局最优。

定理 2 设 P 为可归约随机矩阵,其中 $C_{m \times n}$ 是一个基本随机矩阵, R 和 T 不为 0,则

$$P^\infty = \lim_{k \rightarrow \infty} P^k = \lim_{\lambda \rightarrow \infty} \begin{bmatrix} C^\lambda & 0 \\ \sum_{i=0}^{\lambda-1} T^i R C^{k-1} & T^k \end{bmatrix} \quad (7)$$

是一个稳定的随机矩阵。其中: $P^\infty = 1, P^\infty, P^\infty = P^0, P^\infty$ 是唯一的,与初始分布无关,且满足 $P_i^\infty > 0, 1 \leq i \leq m; P_i^\infty = 0, m \leq i \leq \Omega$ 。

定理 3 LM-aiNet 算法以概率 1 收敛到全局最优解。

设 P_{ij} 为从状态 E_i 到 E_j 的转移概率,从保留最优个体的角度来考虑。若 $f(E_j) > f(E_i)$,则 P_{ij} 由正态分布的概率密度函数来确定。若满足 $f(E_j) > f(E_i)$ 的所有形成的空间 E_j 为 C ,则 $P_{ij} = 1 - \sum_{E_j \in C} P_{ij}$;若满足 $f(E_j) < f(E_i)$,则 $P_{ij} = 0$ 。根据以上定理,所有包含在非全局最优状态中的概率收敛于 0,而所有包含在全局最优状态中的概率收敛于 1。因此,采用该算法所得解收敛于全局最优解。

上述分析表明,LM-aiNet 算法是全局收敛的,并且算法对于初始种群规模和分布情况有很好的免疫性,对于保证算法的稳定性具有重要意义。

3 仿真实验及结果分析

3.1 测试函数和算法参数设置

本文选择四个典型的多峰函数作为优化测试实例,通过搜

索到的极值个数、平均迭代次数和适应度作为评价依据,分别比较 CLONALG、opt-aiNet、PiNet^[10]和本文提出的 LM-aiNet 算法。

1) Multi function

$$f_1(x,y) = x \sin(4\pi x) - y \sin(4\pi y + \pi) + 1$$
$$-2 \leq x, y \leq 2$$

该函数为非均匀分布多峰函数,有 4 个全局最优,100 个局部最优(64 个山峰,36 个边界峰值)。

2) Schubert function

$$f_2(x,y) = \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x + i] \cdot \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)y + i]$$
$$-10 \leq x, y \leq 10$$

该函数有 9 个全局最优,760 个局部最优。由于局部极值众多,对算法的局部搜索能力要求较高。

3) Schaffer function

$$f_3(x,y) = 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{x^2+y^2}) - 0.5}{1 + 0.001(x^2+y^2)} \quad -10 \leq x, y \leq 10$$

该函数只有一个全局极值 $f(0,0) = 1$,在全局极值周围环绕着无数个局部极值,一般算法很难搜索到全局极值。

4) Rastrigin function

$$f_4(x,y) = \cos(18x) + \cos(18y) - x^2 - y^2 \quad -2 \leq x, y \leq 2$$

该函数有一个全局极值 $f(0,0) = 2$,在全局极值周围分布有 169 个局部极值。

算法的参数设置如下:CLONALG 采用二进制编码,编码长度 $l = 22$,克隆比例系数 $\beta = 0.1$,替换个数 $d = 0$ (即不替换差的个体);opt-aiNet 算法中抗体克隆数 $N_c = 20$,指数衰减控制变量 β 对所有测试函数取固定值 $\beta = 100$,网络补充系数 $d\% = 40\%$,抑制阈值 $\sigma_s = 0.2$,收敛误差 $\varepsilon = 0.001$;PiNet 算法中抗体克隆数 $N_c = 20$,抑制阈值 $\sigma_s = 0.2$,网络补充系数 $d\% = 40\%$,适应度调节阈值 $\lambda_f = 0.1$;LM-aiNet 算法的搜索方向 $N_d = 20$,抑制比例系数 $\gamma = 0.15$,网络补充系数和收敛误差同 opt-aiNet。四种算法的初始种群规模均设置为 20,最大迭代次数均为 $T_{max} = 500$ 。

3.2 结果分析

对四个测试函数分别优化 20 次,结果如表 1 所示。从表中的结果可以看出,LM-aiNet 算法无论是搜索到的全局极值还是局部极值,以及平均迭代次数都要优于其他三种算法。

表 1 四种算法优化结果比较

函数	算法	搜索到的全局峰值		搜索到的局部极值		平均迭代次数	平均适应度
		最好结果	平均结果	最好结果	平均结果		
f_1	CLONALG	2	1.2	23	15.3	500	2.570 9
	opt-aiNet	3	2.7	91	87.1	465.4	2.467 1
	PiNet	4	3.5	98	94.8	452.0	2.578 3
	LM-aiNet	4	3.8	100	97.2	387.2	2.590 6
f_2	CLONALG	4	2.4	46	28.9	500	33.786
	opt-aiNet	7	6.2	457	232.3	456.6	31.654
	PiNet	9	8.5	613	577.6	512.9	32.671
	LM-aiNet	9	8.8	760	756.3	455.7	31.903
f_3	CLONALG	1	0.2	39	28.5	500	0.939 4
	opt-aiNet	1	0.4	298	219.6	496.7	0.945 6
	PiNet	1	0.8	395	279.6	490.5	0.940 8
	LM-aiNet	1	0.9	1 169	927.8	477.3	0.943 3
f_4	CLONALG	0	0	51	32.2	500	-1.263 2
	opt-aiNet	1	0.1	134	110.0	418.0	-1.091 3
	PiNet	1	0.6	162	153.5	389.6	-1.067 8
	LM-aiNet	1	0.8	168	162.8	379.5	-0.997 9

为更深入系统地比较各算法性能,从以下三方面进行比较,比较结果如图 4~7 所示。

1) 局部搜索能力比较 对于局部极值的搜索能力,在四种算法中,LM-aiNet 无论是搜索的平均结果还是最好结果都是

最好的,特别是对于 schubert 和 schaffer 函数的局部极值的搜索要明显优于其他算法(如图 5 和 7 的函数曲面)。Schubert 函数在可行域有 760 个局部极值,LM-aiNet 算法的最好结果能够搜索到全部极值,而其他算法只能搜索到部分。对于 schaffer 函数,LM-aiNet 算法得到的局部极值则要远多于其他算法。这是因为 LM-aiNet 算法采用了自适应抑制阈值,算法在迭代过程能够更多次地实现网络抑制和补充(如图 4(b)和图 6(b)的平均适应度曲线),因此会产生更多新的个体,有利于深入地搜索解空间,得到更多的局部极值。

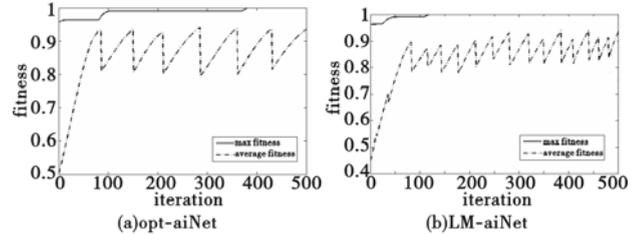


图 4 opt-aiNet、LM-aiNet对 f_3 (schaffer函数)优化过程最大和平均适应度变化

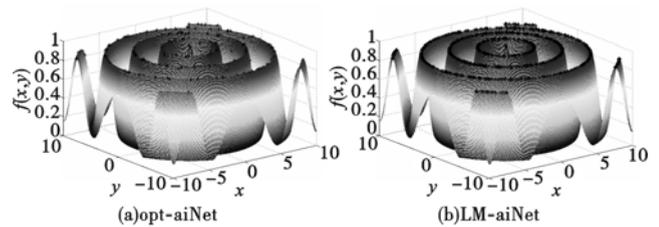


图 5 opt-aiNet、LM-aiNet对 f_3 (schaffer函数)优化结果比较

2) 全局搜索能力 对于所有测试函数全局极值的搜索,LM-aiNet 均取得了最好的结果。特别是 schubert 函数,在可行域范围内有 9 个极值,一般算法很难得到全部极值。由于算法设计的基于方向的 Lamarck 局部搜索机制,算法得以更有效率在可行域内搜索全局极值。其搜索全局极值平均结果为 8.8 个,高于其他算法。

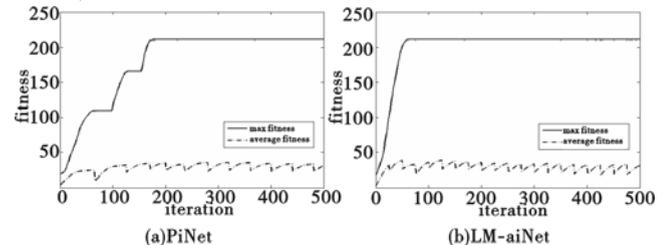


图 6 PiNet、LM-aiNet对 f_2 (schubert函数)优化过程最大和平均适应度变化

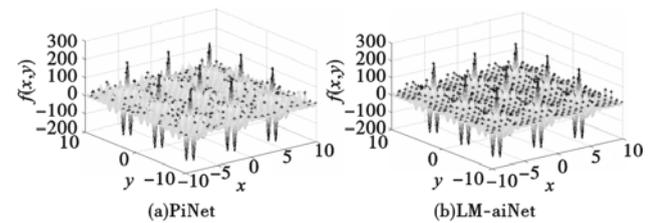


图 7 PiNet、LM-aiNet对 f_2 (schubert函数)优化结果比较

3) 搜索效率 由于算法采用自适应抑制阈值和 Lamarck 局部搜索机制,算法的搜索效率得到提高。从图 4 和 6 可以看出,LM-aiNet 的最大适应度曲线在较少的迭代次数内能够迅速达到全局极值,而算法的平均迭代次数也少于其他算法。

4 计算复杂度分析

LM-aiNet 算法主要包括了适应度计算、局部搜索和网络抑制三个部分。适应度计算的计算量为 $O(N)$,其中 N 为当前种

群的大小(每一代的 N 值仅为线性增加);对 N 个抗体进行局部搜索所需的计算量为 $O(N \cdot N_d \cdot l)$, 其中 l 为个体编码长度, N_d 为个体的搜索方向数;网络抑制所需的计算量为 $O(N^2)$ 。因此算法总的复杂度为 $O(N + N \cdot N_d \cdot l + N^2)$, 这表明局部搜索的方向数和种群规模对算法的收敛速度有直接影响。由此式也可推出 LM-aiNet 的复杂度最高级为 $O(N^2)$ 。

CLONALG 算法中种群需要克隆变异, 它的计算复杂度级别为 $O(\beta \cdot N_i \cdot l)$ 。其中, N_i 为初始设定值, 不随代数增加而变化。Opt-aiNet 算法采用克隆选择和网络抑制策略, 每代的种群规模同 LM-aiNet 算法一样线性增加, 因此它的计算复杂度级别也为 $O(N^2)$ 。PiNet 算法的复杂度级别根据文献 [10] 也为 $O(N^2)$ 。除了 CLONALG 外, 其他三种算法计算复杂度都处于同一级别。

5 算法的参数分析

LM-aiNet 算法的参数有初始种群规模 N_0 、搜索方向 N_d 、抑制比例系数 γ 、网络补充系数和最大迭代次数等。其中, 搜索方向 N_d 、抑制比例系数 γ 对算法的影响较大, 下面对这两个参数对算法的影响进行分析。

1) 搜索方向 N_d 的影响

取初始种群规模 $N_0 = 20$, 抑制比例系数 $\gamma = 0.15$, 收敛误差 $\varepsilon = 0.001$, $d\% = 40\%$, 搜索方向 N_d 分别取 5、10、20、30、40, 对测试函数 f_1 分别进行 20 次优化, 得到的收敛代数和搜索到的峰值数的最大值、最小值和平均值如图 8 所示。从图中可以看出, 随着搜索方向数目的增加, 算法所需的收敛代数逐渐减少, 而峰值数目增加。这是因为方向数增加使得算法搜索到峰值的概率增加, 所以算法能够在较少的代数内满足收敛条件。但是当搜索方向大于 20 之后, 得到峰值数无明显变化, 而收敛代数的减少比较缓慢。可见搜索方向数取 20 左右, 算法的性能较好。

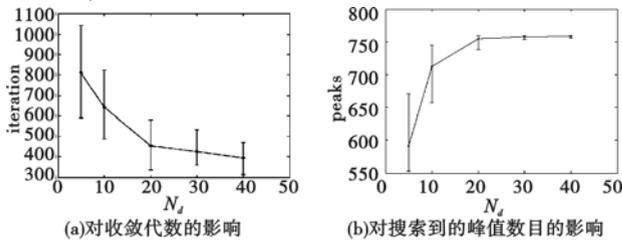


图8 搜索方向 N_d 对函数 f_1 优化性能的影响

2) 抑制比例系数 γ 的影响

其余参数取值不变, 抑制比例系数 γ 分别取 0.1、0.15、0.2、0.25 和 0.3, 对测试函数 f_1 分别进行 20 次优化, 得到的收敛代数和搜索到的峰值数的最大值、最小值和平均值如图 9 所示。从图中可以发现, 随着 γ 的增加, 迭代次数不断增加, 而搜索到的峰值数不断减少。当 γ 取 0.3 时, 算法搜索能力下降很快, 这是由于当 γ 和网络补充系数 d 比较接近时, 网络增加的个体数目比较少(必须保证 $\gamma < d$, 如果 $\gamma = d$, 则网络数目不会增加), 影响算法的搜索性能; 当 γ 取 0.1~0.2 时, 算法迭代的次数较少而搜索到的峰值数目较多。

6 结束语

鉴于 Lamarck 机制在改善遗传算法性能方面的优异表现, 本文将该机制引入免疫网络算法中, 设计一种基于方向的局部搜索机制, 用于改善其优化多峰函数的寻优性能; 同时针对

opt-aiNet 的局部收敛问题, 提出一种自适应的网络抑制阈值, 从而提高算法的适应性。通过对不同多峰函数的测试仿真, 结果表明所提出的改进算法能够改善对多峰函数的优化结果, 其搜索性能优于 CLONALG、opt-aiNet 和 PiNet 算法。将来的工作主要集中于以下两点: a) 扩大算法的测试范围, 并将算法应用于实际的工程问题, 以检验算法性能; b) 研究其他形式的局部搜索机制, 进一步提高算法的性能。

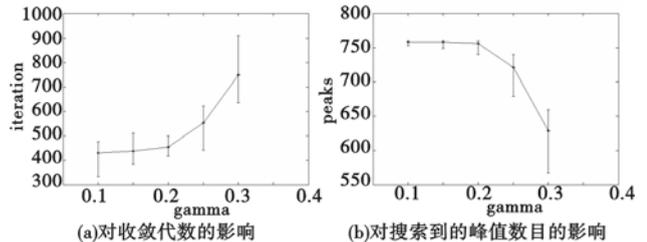


图9 抑制比例系数 γ 对函数 f_1 优化性能的影响

参考文献:

- [1] 薛文涛, 吴晓蓓, 徐志良. 用于多峰函数优化的免疫粒子群网络算法[J]. 系统工程与电子技术, 2009, 31(3): 705-708.
- [2] GOLDBERG D E, RICHARDSON J. Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization [C]//Proc of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms and Their Application. Hillsdale, NJ: L. Erlbaum Associates Inc., 1987: 41-49.
- [3] BEASLEY D, BULL D R, MARTIN R R. A sequential niche technique for multimodal function optimization [J]. Evolution Computation, 1993, 1(2): 101-125.
- [4] LI J P, BALAZS M E, PARKS G T, et al. A species conserving genetic algorithm for multimodal function optimization [J]. Evolutionary Computation, 2002, 10(3): 207-234.
- [5] 肖人彬, 刘勇, 宾刚. 面向多峰函数优化的人工免疫网络算法特性分析[J]. 模式识别与人工智能, 2005, 18(2): 17-24.
- [6] De CASTRO L N, Von ZUBEN F J. Learning and optimization using the clonal selection principle [J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(3): 239-251.
- [7] De CASTRO L N, TIMMIS J. An artificial immune network for multimodal function optimization [C]//Proc of IEEE Conference on Evolutionary Computation. 2002: 699-704.
- [8] 薛文涛, 吴晓蓓, 徐志良. 一种基于双变异算子的免疫网络算法[J]. 控制与决策, 2008, 23(12): 1417-1422.
- [9] LIU Li, XU Wen-bo. A cooperative artificial immune network with particle swarm behavior for multimodal function optimization [C]//Proc of IEEE Congress on Evolutionary Computation. 2008: 1550-1555.
- [10] XU Qing-zheng, WANG Lei, SI Jing. Prediction based immune network for multimodal function optimization [J]. Engineering Applications of Artificial Intelligence, 2010, 23(2): 495-504.
- [11] NGUYEN Q C, ONG Y S, LIM M H. A probabilistic memetic framework [J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2009, 13(3): 604-623.
- [12] ONG Y S, LIM M H, CHEN Xian-shun. Research frontier: memetic computation-past, present & future [J]. IEEE Computational Intelligence Magazine, 2010, 5(2): 24-31.
- [13] WHITLEY D, GORDON V S, MATHIAS K. Lamarckian evolution, the Baldwin effect and function optimization [C]//Lecture Notes in Computer Science, vol 866. Berlin: Springer-Verlag, 1994: 5-15.
- [14] 郭鹏飞, 王嘉, 赵云丰. 人工免疫网络算法的改进及免疫优化应用[J]. 中南大学学报: 自然科学版, 2009, 40(5): 1345-1357.