

文章编号: 1001-0920(2001)0S-0689-03

基于一种新的基因操作策略的改进遗传算法

王晓哲¹, 顾树生¹, 吴成东², 张伟宏¹

(1. 东北大学 信息科学与工程学院, 辽宁 沈阳 110004; 2. 沈阳建筑工程学院 自动控制系, 辽宁 沈阳 110015)

摘要: 提出一种新的基因操作策略, 该策略利用单纯形法思想产生新样本, 将遗传算法寻优的随机性与传统算法寻优的方向性有机地结合在一起。仿真结果表明, 将改进的遗传算法用于训练神经网络辨识器, 可提高收敛速度和模型拟合精度。

关键词: 遗传算法; 单纯形法; 神经网络; 参数优化

中图分类号: TP 18 文献标识码: A

Improved GA Based on a New Gene Operation Method

WANG Xiao-zhe¹, GU Shu-sheng¹, WU Cheng-dong², ZHANG Wei-hong¹

(1. School of Information Science and Engineering, Northeastern University, Shenyang 110004, China; 2. Department of Automatic Control, Shenyang Architectural and Civil Engineering Institute, Shenyang 110015, China)

Abstract: A new gene operation method based on simplex algorithm which can be used to create new samples in GA is presented. It has combined advantages of randomness and directionality in parameter optimization. Simulation results show that the improved GA has faster and more accurate convergence performance than normal GA and simplex algorithm do in the training of NN identifier.

Key words: GA; simplex; NN; parameter optimization

1 引言

遗传算法具有并行、随机、计算简单和鲁棒性强等优点, 已广泛应用于各个领域, 尤其是神经网络的训练^[1,2]。由于遗传算法对目标函数没有连续可微的要求, 而且能避免陷入局部极小, 因而适用于处理传统搜索方法无法解决的复杂和非线性问题。但遗传算法并非完美无缺, 目前在编码策略^[3]、基因操作策略、控制参数的选择^[4]、全局收敛性和搜索效率^[5]等问题上尚有待于进一步深入探讨和改进。

为了得到更好的收敛性能, 可将遗传算法与 BP 法相结合, 使其克服各自存在的缺点, 但优化过程仍

需分段进行, 每一个阶段使用一种算法。这是由于在 BP 算法的计算过程中需要对目标函数求导, 与遗传算法难以统一, 为其应用带来不便。

本文提出一种新的基因操作策略, 该策略利用单纯形法思想来产生后代样本。单纯形法是一种不需对目标函数求导的搜索方法, 与遗传算法不同的是, 它能够象梯度法一样, 根据样本的变化趋势沿着一定的方向进行搜索。单纯形法也存在陷入局部极小的缺点, 但遗传算法能克服局部极小, 只在产生后代样本时(除复制外)存在一定的盲目性和随机性, 这只能通过选择来进化。如果两者相结合, 则既能够克服局部极小, 又能加快搜索速度。

收稿日期: 2001-04-10

基金项目: 辽宁省自然科学基金项目(002011)

作者简介: 王晓哲(1971—), 女, 安徽宿县人, 博士生, 从事复杂系统的智能控制研究; 顾树生(1939—), 男, 黑龙江绥化人,

© 1994-2023 教授, 博士生导师, 从事复杂系统的智能控制和电力传动控制系统等研究。hts reserved. <http://www.cnki.net>

2 基于单纯形法的基因操作策略

遗传算法的基因操作策略包括复制、交叉和变异。在这3种算子中,复制能保留精英样本,而交叉和变异则随机产生后代样本,因而具有一定的盲目性。遗传算法的优化是通过对群体的选择来实现的,而不象梯度法那样实现个体的进化。如果能同时引入群体进化和个体进化机制,则进化过程将大大加快。

单纯形法是一种传统的优化策略,它不但与梯度法一样按照一定的方向进行寻优,而且与遗传算法一样,不需对目标函数求导,因此不要求目标函数连续可微,计算简单。但与梯度法不同的是,单纯形法的初始点不是一个,而是多个(具体个数与参数个数有关)。如果被优化的参数为 n 个,则初始点为 $n+1$ 个,而且为避免优化过程陷入低维子空间,应将其中的 n 个点张成一个 n 维空间。由于遗传算法是多点寻优策略,刚好与单纯形法的多初始点条件相符,因此可以非常方便地将两者结合在一起。另一方面,遗传算法本身的优化机制可以避免寻优过程陷入局部子空间,克服了单纯形法在这方面存在的缺点。因此,在遗传算法中,引入单纯形法来产生新样本,使二者相互取长补短,可得到更好的收敛性能。

下面给出产生新样本的实现方法。首先在产生初始种群后,计算各样本的目标函数及相应的适配值(也称适应度函数值);然后对适配值较低的样本(“坏”样本)进行基因操作,以得到适配值较高的新样本,并用其代替原来的样本参与选择和淘汰。

假设选中的“坏”样本为 α_H ,则代替 α_H 的新样本为 α_R ,且

$$\alpha_R = 2\alpha_C - \alpha_H \quad (1a)$$

$$\alpha_C = \frac{1}{n} \left(\sum_{i=1}^n \alpha_i - \alpha_H \right) \quad (1b)$$

其中, α_C 为中心点, α_R 为 α_H 的反射点; α_i 则从适配值较高的样本中随机选择; $\alpha_H, \alpha_R, \alpha_C$ 和 α_i 均为样本的向量表示,对应于该样本的基因序列,即如果基因序列长度为 n ,则 $\alpha_H = (\alpha_{H1}, \alpha_{H2}, \dots, \alpha_{Hp}, \dots, \alpha_{Hn})^T$, α_{Hp} 是样本 α_H 中的一个基因;同理, α_R, α_C 和 α_i 也可以表示成上述形式。

3 改进的遗传算法

为了将新的基因操作策略有效地引入遗传算法,必须对原算法中的一些步骤做相应处理。

1) 种群大小的确定:为了保证样本张成一个 n

维空间,种群大小 N 取 $n < N < 2n_0$ 。

2) 新的遗传算子:定义新的基因操作为反射,它与复制、交叉和变异并列存在,则相应地有新的遗传算子 P_r ,称为反射概率。那么个体 α 参与新的基因操作的概率可取为

$$P_r(\alpha) = 1 - \frac{F(\alpha)}{\sum_{q=1}^N F(\alpha_q)} \quad (2)$$

其中, $F(\alpha_i)$ 是样本 α_i 的适配值, $F(\alpha) \setminus \sum_{q=1}^N F(\alpha_q)$ 实际上是复制概率,即 $P_i(\alpha)$ 。这种取法是轮盘赌选择方法,当然还有其它选取方法,比如由适配值从低到高的顺序按比例截取一定的样本数。

3) α 的选取:每个样本在产生其反射点时,都以种群 N 中的 n 个其它样本构成的单纯形为参照,那么这 n 个样本 $\alpha_i (i=1, 2, \dots, n)$ 则可以按如下原则选取:将 N 个样本按适配值高低排序。因此,对于被操作样本 α_H ,存在

$$F(\alpha_j) > F(\alpha_H) \quad (3a)$$

$$F(\alpha_k) < F(\alpha_H) \quad (3b)$$

其中, $j=1, 2, \dots, m; k=1, 2, \dots, N-m-1$ 。

如果 $F(\alpha_H)$ 是最大或最小的,则式3(a)和(3b)只有一个成立。当 $m > n$ 时, α 从 m 个样本中随机选取。当 $m < n$ 时, m 个样本均被选中,其余 $n-m$ 个样本从另外 $N-m-1$ 个样本中随机选取。

4 采用改进的遗传算法训练神经网络辨识器

由上述分析,可得到神经网络辨识器的训练算法如下:

Step1: 选定网络结构,确定基因串长 n ;确定种群大小 N ,复制算子 P_l ,交叉算子 P_c ,变异算子 P_m 和反射算子 P_r ,其中 P_c 和 P_m 根据经验确定, P_l 和 P_r 则由上述公式定义;给出停止准则;

Step2: 采用实值编码方式,随机产生初始种群并计算各样本对应的适配值,适配值的计算公式可根据具体要求选取不同的形式^[6];

Step3: 由 P_l 的公式计算出各样本的复制概率,根据复制概率进行相应的复制操作;

Step4: 根据 P_c 和 P_m 进行交叉和变异操作;

Step5: 根据 P_r 和上述步骤进行取反射点的操作;

Step6: 计算产生的新样本的适配值,在总体样本中选择产生新种群;

Step7: 新种群中若存在满足停止准则的样本, 则对该样本解码并输出它所代表的网络参数, 否则转 Step3。

5 仿真研究

为比较新方法与未改进的遗传算法的性能, 采用相同的初始权值和控制参数训练神经网络辨识器。设待辨识对象为

$$\begin{cases} y_1(k) = \frac{-0.8y_1(k-1)}{1+y_1^2(k-1)} + u_1(k-1) - \\ \quad 0.3u_2(k-2) \\ y_2(k) = \frac{-0.9y_2(k-1)}{1+y_2^2(k-1)} - 2u_1(k-1) + \\ \quad u_2(k-1) - 2.6u_2(k-2) \end{cases} \quad (4)$$

选择辨识器为 3 层前向神经网络, 网络结构为 $5 \times 6 \times 2$, 则 $n = 60$ 。输入分别为 $y_1(k-1)$, $y_2(k-1)$, $u_1(k-1)$, $u_2(k-1)$, $u_2(k-2)$; 输出为 $y_1(k)$ 和 $y_2(k)$; $u_1(k)$ 和 $u_2(k)$ 取 $[0, 1]$ 之间均匀分布的点; 取 $N = 80$, $P_c = 0.4$, $P_m = 0.05$ 。

以相同的初始权值和控制参数, 并分别用改进

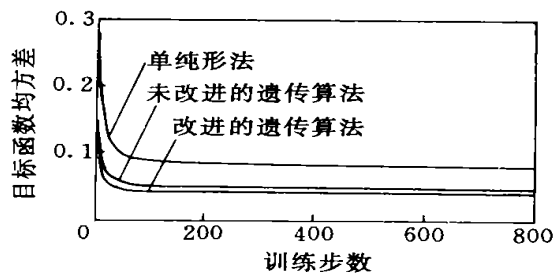


图 1 3 种方法训练结果的误差曲线

的遗传算法和未改进的遗传算法来训练神经网络辨识器, 以得到各步的目标函数误差值。改变初始权值, 再分别进行训练, 并对 5 次的训练结果取平均值, 得到的误差曲线如图 1 所示。

由图 1 可以看出, 改进的遗传算法比另外两种算法具有更快的收敛速度和更高的拟合精度。

6 结 论

本文提出的基于新的基因操作策略的改进遗传算法, 计算简单, 收敛速度快, 拟合精度高, 适合于训练神经网络参数。不仅适合于前向神经网络辨识器, 也适合于其它神经网络结构的辨识器或控制器, 同时对于多变量非线性系统的设计也很有意义。另一方面, 算法中的许多细节, 如控制参数和适配值函数的选择, 还可以进一步分析和改进; 新的基因操作策略也可以进一步完善, 比如引进单纯形的扩张、收缩和压缩操作, 以取得更好的效果。

参考文献:

- [1] D J Montana, L Davis. Training feedforward network using genetic algorithms[A]. Proc of 11th IJCAI[C]. CA: Morgan Kaufmann, 1989. 762-767.
- [2] X Yao. A Review of evolutionary artificial neural networks[J]. Int J of Intelligent Systems, 1993, 8(4): 539-567.
- [3] 张晓绩, 方浩, 戴冠中. 遗传算法的编码机制研究[J]. 信息与控制, 1997, 26(2): 134-139.
- [4] J J Grefenstette. Optimization of control parameters for genetic algorithm[J]. IEEE Trans on System, Man and Cybe, 1986, 16(1): 122-128.
- [5] 恽为民, 席裕庚. 遗传算法的全局收敛性和计算效率分析[J]. 控制理论与应用, 1996, (13) 4: 455-460.
- [6] 俞金寿, 刘爱伦, 张克进. 软测量技术及其在石油化工中的应用[M]. 北京: 化学工业出版社, 2000.