

文章编号: 1001-0920(2002)03-0343-03

# 基于免疫更新机制的遗传算法 及其在规划问题中的应用

韩生廉, 周文愚

(同济大学 电子与信息工程学院, 上海 200092)

**摘要:** 受生物体免疫系统抗体更新机制的启发, 将抗体更新机制引入遗传算法, 从而保证抗体遗传子的多样性, 有效地防止了遗传操作中的早期收敛。对遗传子进行分段编码以对应多值染色体, 进而克服了传统遗传算法只能对二值染色体进行操作的缺陷。应用实例证明了该方法的有效性。

**关键词:** 遗传算法; 免疫系统更新机制; 早期收敛

**中图分类号:** TP 18      **文献标识码:** A

## IRM-GA and its application in the scheduling problem

HAN Sheng-lian, ZHOU Wen-yu

(School of Electronic and Information Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China)

**Abstract:** Inspired by the recruitment mechanism of the immune system, the recruitment mechanism is introduced into GA. The varieties of the genes are assured and the premature convergence is prevented effectively in the process of the genetic operation. Meanwhile the method of coding subsection of the genes corresponds the multi-valued chromosome and overcomes the defect that the standard GA can only work on the two-valued chromosome. The application in a scheduling problem shows the effectiveness of the method.

**Key words:** genetic algorithm; recruitment mechanism of the immune system; premature convergence

## 1 引言

自 Holland 教授提出遗传算法(GA)以来, 遗传算法已在规划问题、生产调度问题和组合最优问题的求解过程中得到广泛应用, 充分显示出它在这些领域中独特的优越性。与传统方法相比, 遗传算法有许多优点, 但也存在一些缺陷, 如: 搜索前期容易出现“超级抗体”; 搜索后期出现停滞不前现象; 搜索容

易陷入局部最优解等。针对这些问题, 人们提出了许多改进方法<sup>[1-4]</sup>, 但遗传算法的早期收敛问题仍未得到根本解决。

本文在文献[2]的基础上, 在遗传算法中引进抗体更新机制, 可有效地防止搜索过程中的早期收敛。同时, 本文提出的遗传子编码分段方法能对应多值染色体, 对传统遗传算法中的二值染色体操作进行了有效的扩充。

收稿日期: 2000-12-14; 修回日期: 2001-05-24

基金项目: 国家自然科学基金项目(79970030, 60104004); 上海市高等学校科学技术发展基金项目(0820236017)

作者简介: 韩生廉(1947—), 男, 黑龙江哈尔滨人, 教授, 博士生导师, 博士, 从事模糊控制与模糊决策、模糊控制与免疫遗传算法综合技术等研究; 周文愚(1977—), 男, 四川人, 硕士生, 从事模糊控制与模糊决策, 模糊控制与遗传算法综合技术等研究。

## 2 遗传算法中免疫更新机制的引入

### 2.1 免疫更新机制的特征

生物体免疫系统必须适时更新,以保证免疫系统的有效功能。免疫系统在遭受抗原侵扰时,通过抗体的突然变异以及大量抗体基因的重新组合产生新的抗体,以对抗抗原直至排除抗原。免疫系统在对抗抗原的过程中新生成的抗体具有良好的多样性,这是免疫系统最显著的特征。而在抗体更新时,免疫系统必须按照一定的准则,从大量新产生的抗体中选出某些抗体替换掉系统中原有的一些抗体。这种选择主要基于整个系统的当前状态,即系统对潜在更新抗体的敏感性<sup>[5]</sup>。

### 2.2 遗传算法中免疫更新机制的引入

#### 2.2.1 几种参数的定义

1) 称抗体的集合为种群,从种群中选出  $N_b$  种最优抗体并计算其门限值

$$T = \left[ \sum_{i=1}^{N_b} f_i \right] / N_b \quad (1)$$

其中,  $f_i$  表示种群中第  $i$  种抗体的密度,门限值  $T$  表示  $N_b$  种最优抗体的平均密度。

2) 从种群中选出  $N_p$  个抗体计算潜在更新抗体  $X_j$  的亲密度。

为便于计算机计算,在海明空间(Hamming space)对遗传子进行编码。将代表每个抗体的二进制编码串分成一定长度的码段,每个码段包含一定的信息,代表抗体某一方面的型质,同时与生物体免疫系统的多值染色体相对应。

设将每个抗体的二进制码串分成  $N_c$  个码段,定义亲密度函数为

$$m_{i,j}^{(k)} = 1 - dh_{i,j}^{(k)} / L_k \quad (2)$$

其中,  $m_{i,j}^{(k)}$  为抗体  $X_i$  和抗体  $X_j$  第  $k$  个对应码段间的亲密度( $k = 1, 2, \dots, N_c; i = 1, 2, \dots, N_p; j = 1, 2, \dots, n, n$  为抗体长度),  $dh_{i,j}^{(k)}$  为抗体  $X_i$  和抗体  $X_j$  第  $k$  个对应码段间的海明距离,  $L_k$  为抗体第  $k$  个码段的长度。

每个潜在更新抗体要进入种群,必须满足如下两种测试条件:

#### 3) 抗体亲密度测试

$$T_j = \frac{\sum_{i=1}^{N_p} \left[ \frac{\sum_{k=1}^{N_c} m_{i,j}^{(k)}}{N_c} \right] \times f_i}{\sum_{i=1}^{N_p} \left[ \frac{\sum_{k=1}^{N_c} m_{i,j}^{(k)}}{N_c} \right]} T \quad (3)$$

子进行分段编码,按式(2)计算出两遗传子各个对应码段间的亲密度,然后求和取平均。该方法是对传统遗传算法用二值染色体计算抗体亲和度的有效扩充。传统遗传算法的亲密度计算方法是本方法中当码段长度  $L_k = 1$  时的特例。

#### 2.2.2 遗传操作系统的构成

根据免疫更新机制设计出如图1所示的遗传操作系统。

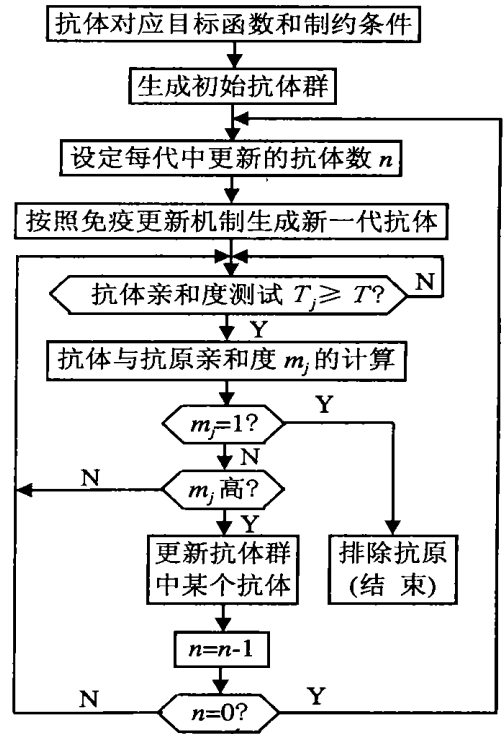


图1 遗传操作框图

通常的遗传算法在从问题空间映射到GA空间的过程中,难以解决如何把问题空间解集中的解与GA空间的染色体一一对应的问题,而我们在遗传操作过程中,模拟生物体免疫系统抗体更新机制中抗体对抗原的反应,把目的函数和约束条件作为抗原,让遗传算法与目的函数和约束条件直接对应起来,使问题空间与GA空间融为一体,从而提高了遗传操作的效率。抗体与抗原亲密度  $m_j$  由下式计算

$$m_j = 1 / (1 + f_j) \quad (4)$$

其中,  $m_j$  为第  $j$  个抗体与抗原的亲密度,  $f_j$  是求解问题的目的函数或约束条件。当  $m_j = 1$  时,表示抗体和抗原相同,抗原被排除,即求得了最优解。

### 2.3 基于免疫更新机制的遗传算法(IRM-GA)与传统遗传算法(GA)的比较

1) IRM-GA 按照免疫更新机制,随机地从前代抗体群中选取任意多个抗体,并取出这些抗体的某

段染色体进行随机组合,生成新的抗体。因而新生成的抗体没有名义上的父母,具有很好的多样性,有效地解决了传统 GA 由于只对两个染色体进行交叉操作而出现的早期收敛问题。

2) IRM-GA 把目的函数与约束条件作为抗原,使生成的抗体直接与方法相关联,收敛方向能得以控制,从而克服了 GA 收敛方向无法控制的缺陷。

3) IRM-GA 对遗传子进行分段编码,能保证型质遗传,并使抗体遗传子能对应多值染色体,从而扩大了 GA 的应用范围。

4) IRM-GA 中的潜在更新个体必须经过两次亲和度测试才能进入种群,使遗传操作对个体的选择更具针对性。

### 3 应用实例

以立体空间管道铺设的最优规划为例。如图 2 所示的立体空间,要求从 A 点到 B 点铺设管道。最优路径应满足 3 个条件: 1) 尽量避开障碍物; 2) 配管长度尽量短,转弯次数尽量少; 3) 现场操作性良好。

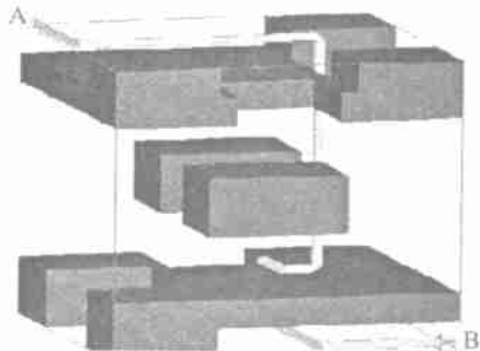


图 2 三维空间管道铺设的最优路径

抗体有 6 个前进方向,为此将遗传子编码三位为一段进行分段( $L_k = 3$ ),并设 000, 001, 010, 011, 100, 101 分别表示前后左右上下这 6 个方向(本例中每个码段代表一个方向,因此在用式(2)计算亲和度时,凡有一位编码不同,则  $dh_{i,j}^{(k)} = 3$ ,  $mi_{i,j}^{(3)} = 0$ )。每个抗体表示一条路径,抗体中每段编码表示路径的一步前进方向。

第  $j$  个抗体与抗原的亲和度为

$$m_j = 1/(1 + f_j) \quad (5)$$

$$f_j = 1/(a * W_j + b * T_j + c * I_j) \quad (6)$$

其中,  $W_j$ ,  $T_j$  和  $I_j$  分别表示第  $j$  个抗体所代表的路

径穿越障碍的个数、转弯的次数和路径长度;  $a$ ,  $b$ ,  $c$  分别表示这三者在规划中的重要程度。

计算机模拟结果如图 3 所示,染色体长度为  $3 * 64$ ,适应度为 0.010 4,初期个体数为 100,变异率为 0.01。

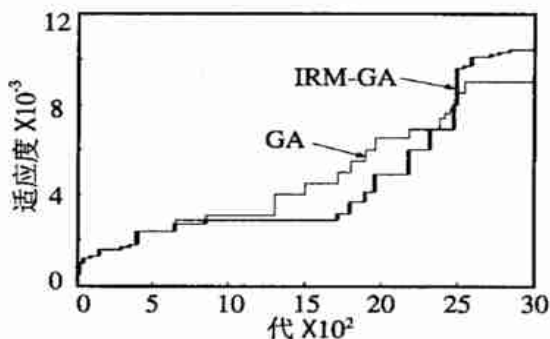


图 3 各代平均适应度模拟结果

### 4 结 语

本文在遗传算法中引入生物免疫系统抗体更新机制,使抗体具有良好的多样性,有效地防止了遗传操作中的早期收敛。而所提出的遗传子编码分段方法能对应多值染色体,克服了传统 GA 只能对二值染色体进行操作的缺陷,从而扩大了 GA 的应用范围。计算机模拟结果表明了该方法的有效性。本文方法适用于复杂寻优问题的求解。

#### 参考文献(References):

- [1] 胡国四, 韩生廉. 遗传算法适值函数定义方法的研究[J]. 控制与决策(Control and Decision), 1998, 14(6): 694-697.
- [2] 韩生廉, 倪萌, 葛万成. 遗传算法所面临的课题及免疫功能引入的必要性[A]. Proc of 3rd World Congress on Intelligent Control and Automation[C]. Hefei, 2000. 542-544.
- [3] 黄昱, 韩生廉. 遗传算法非效率操作的改进方法[J]. 控制与决策(Control and Decision), 2000, 15(2): 251-253.
- [4] 前川, 王置, 等. 遗传アルリズムによる巡回アルスマン问题的解法[A]. 日本计测自动制御学会论文集[C]. 1995, 31(5): 598-605.
- [5] Roitt I, Brostoff J, D Male. Immunology[M]. London: Grover Medical Publishing Ltd, 1989. 15-40.