

文章编号: 1001-0920(2004)01-0044-05

## 广义交叉的遗传漂移分析

郭观七<sup>1,2</sup>, 喻寿益<sup>1</sup>

(1. 中南大学 信息科学与工程学院, 湖南 长沙 410083; 2. 岳阳师范学院 机电工程系, 湖南 岳阳 414000)

**摘要:** 以广义交叉算子为对象, 研究重组的遗传漂移现象. 通过基因频率分析, 证明了对角交叉和均匀扫描交叉不会引起遗传漂移, 但基于基因频率的扫描交叉可导致遗传漂移, 其程度随重组规模的增加而加剧. 广义交叉算子的遗传优化实验表明, 重组的遗传漂移只会产生不利于收敛速度和收敛可靠性的纯消极效果.

**关键词:** 进化算法; 广义交叉; 遗传漂移

**中图分类号:** TP301      **文献标识码:** A

## Genetic drift analysis of generalized crossover

GUO Guan-qi<sup>1,2</sup>, YU Shou-yi<sup>1</sup>

(1. College of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410083, China;

2. Department of Electromechanical Engineering, Yueyang Normal University, Yueyang 414000, China

Correspondent: GUO Guan-qi, E-mail: guanqi-guo@hotmail.com)

**Abstract:** Genetic drift from conventional crossover and recombination operators, is analyzed theoretically. By analyzing the frequency of dominant allele, it is proved that diagonal crossover and uniform scanning crossover do not cause genetic drift, but occurrence-based scanning crossover induces strong genetic drift that deteriorates with the number of parents increasing. The simulation of genetic optimizations shows that genetic drift induced by occurrence-based scanning crossover reduces both convergence rate and population diversity, thus produces inevitable performance degeneration of evolutionary search.

**Key words:** evolutionary algorithm; generalized crossover; genetic drift

### 1 引言

进化算法使用重组(交叉)算子组合父代个体的基因生成优良个体, 取决于目标问题的特性和候选解的表示方法. 一些学者提出了大量的重组算子, 例如一点交叉、两点或多点交叉、均匀交叉、离散重组、中间重组等. 近年来, 组合多个父代个体的遗传信息已成为一种常用的重组技术.

在重组算子的理论研究方面, Rechenberg<sup>[1]</sup>和 Beyer<sup>[2]</sup>针对球函数分析了全局重组算子的收敛速度; 章珂等<sup>[3]</sup>针对二进制编码的遗传算法分析了交叉位置的选取对搜索性能的影响; 张文修等<sup>[4]</sup>分析

了遗传算法交叉算子的几何性质. 迄今为止, 重组算子的作用机制和理论分析仍是进化算法理论研究的薄弱环节之一.

遗传漂移<sup>[5,6]</sup>指种群不受变异的影响而均匀地收敛于单一个体的趋势, 其起因来自于选择压、采样误差和基因重组等因素的影响. 近年来, 进化计算中存在的遗传漂移现象受到人们的关注. 本文以广义交叉算子为对象, 应用基因频率分析研究不同重组算子的遗传漂移现象, 采用仿真优化验证了重组的基因漂移不但导致种群多样性下降, 而且降低遗传算法的收敛速度.

收稿日期: 2002-10-15; 修回日期: 2003-01-10

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(59835170).

作者简介: 郭观七(1963—), 男, 湖南岳阳人, 副教授, 博士生, 从事进化算法、自适应控制等研究; 喻寿益(1940—), 男, 江西南昌人, 教授, 博士生导师, 从事自适应控制、智能控制等研究.

## 2 广义交叉算子

Eiben<sup>[7]</sup>将常用交叉或重组算子推广为下述多父代广义交叉算子:

**对角交叉** 将  $r$  个父代个体中每个个体以完全相同的方式分割成  $r$  个子段, 沿对角线方向从各个体中选取一个子段构造一个子代个体,  $r \times r$  个子段共可构造  $r$  个子代个体. 这种交叉称为对称对角交叉 (SDC). 如果  $r$  个父代个体仅构造一个子代, 则称为非对称对角交叉 (ADC). 这里,  $r$  称为重组规模. 显然,  $r = 2$  的 SDC 等价于标准的一点交叉. 从某种意义上说, 它也是二父代多点交叉的广义化.

**扫描交叉** 设  $x^1, x^2, \dots, x^r$  表示父代个体,  $x$  表示子代个体, 个体的编码长度为  $L$ . 扫描交叉的算法可用下列伪代码描述:

```
A lgorithm SC
initialize position markers as  $i_1 = i_2 = \dots = i_r = 1$ ;
for  $i = 1$  to  $L$ 
    choose  $j$  from  $1, \dots, r$ ;
    let  $i$ th allele of  $x$  be the  $i_j$ th allele of parent  $j$ ;
update position markers
```

该算法仅定义了扫描交叉的一般框架, 其实现取决于  $j$  的选择方法和位置标记的更新方法.

采用不同的方法确定当前位基因的值, 便可形成不同的扫描交叉算子. 基于基因频率的扫描交叉 (OSC), 将当前基因的值设置为父代个体相应基因座上出现频率最高的基因值, 当基因频率相同时, 随机地取任意父代个体的基因值. 均匀扫描交叉 (USC) 随机地取任意父代个体的基因值, 因此  $r$  个父代个体以相同的概率捐献基因. 基于适应值的扫描交叉 (FSC), 按与父代个体的适应值成比例的方法确定子代个体的基因值. 可见,  $r = 2$  的 USC 等价于遗传算法的均匀交叉算子; 在实数编码下,  $r = \mu$  的 USC 等价于进化策略的全局离散重组<sup>[8]</sup>.

## 3 等位基因的漂移分析

重组可能引起基因的漂移, 即引起基因座上某等位基因出现频率的增加或减少. 一旦某基因从基因座上消失, 只能依赖于变异算子来恢复, 因此变异是基因漂移的反作用力. 选择将引起个体数量的变化, 个体数量的变化意味着基因频率的改变. 本文不考虑选择和变异算子的影响, 应用基因频率分析研究二进制编码下广义交叉的遗传漂移现象, 并研究重组规模  $r$  对漂移速度的影响.

**多数基因** 某基因座上出现次数最多的基因值, 其出现频率记为  $p$ ; 其他基因值则为少数基因, 其出现频率记为  $q = 1 - p$ .

**遗传漂移** 如果交叉算子引起子代种群中某基因座上的多数基因频率增加, 即  $p_{t+1} > p_t$ , 则称该交叉算子导致基因漂移或遗传漂移.

### 3.1 对称对角交叉

SDC 对随机选择的多个父代个体的基因段进行重组, 但子代个体的数量与父代个体的数量完全相同, 重组后, 每个父代个体的等位基因一定在某个子代的相同基因座上出现. 因此, SDC 不改变任何等位基因的频率, 不会导致基因漂移.

### 3.2 非对称对角交叉和均匀扫描交叉

ADC 重组多个父代个体的基因段创建一个子代个体, 但父代个体的选取是随机事件, 子代个体的基因段究竟取自哪一个父代也是随机事件. 就子代个体的单个基因座而言, 多数基因的出现频率完全等价于 USC 的情况, 因此可用相同的方法进行分析.

**定理 1** 应用 ADC 或 USC 时, 对任意基因座上的某个等位基因,  $t + 1$  时刻的基因频率  $p_{t+1}$  等于该基因  $t$  时刻的基因频率  $p_t$ , ADC 和 USC 不会引起遗传漂移.

**证明** 设重组规模为  $r$ ,  $C_r^i$  表示  $r$  个父代个体中某基因座上出现  $i$  个该基因的组合数,  $p^i(1 - p)^{r-i}$  表示一个组合中出现  $i$  个该基因的概率,  $i/r$  表示包含该基因的一个父代个体捐献该基因的概率. 则基因座上某等位基因  $t + 1$  时刻的基因频率

$$p_{t+1} = \sum_{i=0}^r \frac{1}{r} C_r^i p_t^i (1 - p_t)^{r-i} \quad (1)$$

对于  $i = 0, i/r = 0$ . 注意到  $i = 1$  时,  $\frac{1}{r} C_r^i = C_{r-1}^{i-1}$ , 因此式 (1) 可改写为

$$p_{t+1} = p_t \sum_{i=1}^r C_{r-1}^{i-1} p_t^{i-1} (1 - p_t)^{(r-1)-(i-1)} \quad (2)$$

令  $j = i - 1$ , 可得

$$p_{t+1} = p_t \sum_{j=0}^{r-1} C_{r-1}^j p_t^j (1 - p_t)^{(r-1)-j} = p_t \quad (3)$$

于是定理 1 得证.

需要说明的是, 虽然 ADC 和 USC 均不导致遗传漂移, 但这并不意味着它们是完全等价的重组算子. 因为 ADC 重组父代个体的基因块, 似乎更符合模式定理和积木块假设. 关于二者对遗传算法性能的影响, 还有待于进一步研究.

### 3.3 基于基因频率的扫描交叉

在二进制编码下,多数基因频率的定义域为  $[0.5, 1)$ . 考虑到重组规模为偶数,定义域左边为闭区间;考虑到多数基因频率为 1 时漂移将停止,定义域右边为开区间. 令  $t$  时刻某基因座上多数基因频率为  $p_t = p \in [0.5, 1)$ , 则  $t + 1$  时刻的多数基因频率  $p_{t+1}$ , 可分为  $r$  为奇数和偶数两种情况进行计算.

当  $r$  为奇数时,为简便和直观起见,令  $r = 2m + 1$ , 此处  $m \geq 1$ . 于是

$$p_{t+1} = \sum_{i=m+1}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} \quad (4)$$

式(4)等号右边的求和符号表示  $r$  个父代个体中至少出现  $m + 1$  个多数基因的累计概率. 令

$$\Delta(m, p) = p_{t+1} - p_t = \sum_{i=m+1}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} - p, \quad (5)$$

可得如下定理:

**定理 2** 当重组规模为奇数,即  $r = 2m + 1$  时,对一切  $m \geq 1$  和  $p \in [0.5, 1)$ , 均有

$$\Delta(m, p) > 0 \quad (6)$$

当且仅当  $p = 0.5$  时,  $\Delta(m, p) = 0$  成立.

**证明** 当  $m = 1, p \in [0.5, 1)$  时, 有

$$\begin{aligned} \Delta(1, p) &= \sum_{i=2}^3 C_3^i (1-p)^{3-i} - p = \\ &= 2p^3 + 3p^2 - p = \\ &= 2p(1-p)(p - 0.5). \end{aligned}$$

显然,当  $p = 0.5$  时,  $\Delta(1, p) = 0$ ; 当  $p \in (0.5, 1)$  时,  $\Delta(1, p) > 0$ , 式(6)成立.

当  $m > 1$  时,假设式(6)成立. 当  $r = 2(m + 1) + 1$  时,先从  $2m + 1$  个基因中确定多数基因,再从另外两个基因中确定多数基因. 因此,从  $2m + 3$  个基因中确定多数基因频率等于计算下列概率之和:

- 1)  $2m + 1$  个基因中至少包含  $m + 2$  个多数基因的概率;
- 2)  $2m + 1$  个基因中仅包含  $m + 1$  个多数基因,另外两个基因中至少包含一个多数基因的概率;
- 3)  $2m + 1$  个基因中仅包含  $m$  个多数基因,另外两个基因均为多数基因的概率.

于是可得

$$\begin{aligned} \Delta(m+1, p) &= \sum_{i=(m+1)+1}^{2(m+1)+1} C_{2(m+1)+1}^i p^i (1-p)^{2(m+1)+1-i} - p = \\ &= \sum_{i=m+2}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} + \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} &C_{2m+1}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^m [p^2 + 2p(1-p)] + \\ &C_{2m+1}^m p^m (1-p)^{m+1} p^2 - p. \end{aligned}$$

由于  $C_{2m+1}^m = C_{2m+1}^{m+1}, p^m (1-p)^{m+1} p^2 = p^{m+1} (1-p)^m p (1-p)$ , 合并中间两项之和,可得

$$\begin{aligned} \Delta(m+1, p) &= \sum_{i=m+2}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} + \\ &C_{2m+1}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^m [p^2 + \\ &2p(1-p) + p(1-p)] - p. \end{aligned}$$

因为  $p \in [0.5, 1), p^2 + 2p(1-p) + p(1-p) = p^2 + 2p(1-p) + (1-p)^2 = [p + (1-p)]^2 = 1$ , 所以

$$\begin{aligned} \Delta(m+1, p) &= \sum_{i=m+2}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} + \\ &C_{2m+1}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^m - p = \\ &\sum_{i=m+1}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} - p = \\ &\Delta(m, p). \end{aligned}$$

由归纳法,式(6)成立.

当  $r$  为偶数时,令  $r = 2m, m \geq 1$ . 考虑到  $2m$  个父代基因中两种基因出现次数可能相同,则式(4)和(5)的定义变为

$$p_{t+1} = \frac{1}{2} C_{2m}^m p^m (1-p)^m + \sum_{i=m+1}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i}, \quad (7)$$

$$\Delta(m, p) = \frac{1}{2} C_{2m}^m p^m (1-p)^m + \sum_{i=m+1}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} - p. \quad (8)$$

同理,可得如下定理:

**定理 3** 当重组规模为偶数,即  $r = 2m$  时,对一切  $m \geq 1$  和  $p \in [0.5, 1)$ , 均有  $\Delta(m, p) > 0$ , 当且仅当  $m = 1$  或  $p = 0.5$  时,  $\Delta(m, p) = 0$  成立.

**证明** 当  $m = 1$  时,  $\Delta(m, p) = p(1-p) + p^2 - p = 0$ , 式(6)成立. 当  $m = 2$  时, 有

$$\begin{aligned} \Delta(2, p) &= \frac{1}{2} C_4^2 p^2 (1-p)^2 + \\ &\sum_{i=3}^4 C_4^i p^i (1-p)^{4-i} - p = \\ &= 2p^3 + 3p^2 - p = \\ &= 2p(1-p)(p - 0.5). \end{aligned}$$

显然,当  $p = 0.5$  时,  $\Delta(2, p) = 0$ ; 当  $p \in (0.5, 1)$

时,  $\Delta(2, p) > 0$ , 式(6) 成立

当  $m > 2$  时, 假设式(6) 成立 当  $r = 2(m + 1)$  时, 按照定理 2 的证明方法, 可得

$$\begin{aligned} \Delta(m + 1, p) = & \frac{1}{2} C_{2(m+1)}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m+1} + \\ & \sum_{i=m+2}^{2(m+1)} C_{2(m+1)}^i p^i (1-p)^{2(m+1)-i} - p = \\ & \frac{1}{2} C_{2(m+1)}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m+1} + \\ & \sum_{i=m+2}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} + \\ & C_{2m}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m-1} [p^2 + 2p(1-p)] + \\ & C_{2m}^m p^m (1-p)^m p^2 - p > \\ & \sum_{i=m+2}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} + C_{2m}^{m+1} p^{m+1} (1- \\ & p)^{m-1} [p^2 + 2p(1-p) + p(1-p)] - p > \\ & \sum_{i=m+2}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} + \\ & C_{2m}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m-1} - p = \\ & \Delta(m, p). \end{aligned}$$

由归纳法, 式(6) 成立

综合定理 2 和定理 3, 可得出下列推论:

**推论 1** 当重组规模为 2 时, OSC 不会引起遗传漂移

**推论 2** 当重组规模大于 2 且  $p \in (0.5, 1)$  时, OSC 将导致遗传漂移

证明 当  $p \in (0.5, 1)$  时, 对于一切  $r = 3(m-1)$  的奇数或  $r = 4(m-2)$  的偶数, 均有

$$\begin{aligned} \Delta(m, p) &> 0 \Rightarrow \\ p_{t+1} - p_t &> 0 \Rightarrow \\ p_{t+1} &> p_t, \end{aligned}$$

根据遗传漂移的定义, 推论 2 成立

当  $p = 0.5$  时, 从理论上讲, OSC 不会改变基因频率, 但由于实际的种群规模和重组规模都有限, 随机采样误差将破坏  $p = 0.5$  的平衡态, 从而导致不确定的漂移方向

**推论 3** 当  $p \in (0.5, 1)$  时, 重组规模越大, 遗传漂移速度越快

证明 由定理 2 和定理 3 的证明过程可知, 当  $p \in (0.5, 1)$  时, 对于一切  $r = 3(m-1)$  的奇数或  $r = 4(m-2)$  的偶数, 都有  $\Delta(m+1, p) > \Delta(m, p)$  成立 根据  $\Delta(m, p)$  的定义和物理意义, 推论 3 成立

当种群规模为 100 时, 应用 OSC 实测的多数基因频率动态曲线(运行 20 次的平均值), 与按式(4) 和(7) 计算的曲线几乎完全吻合, 实验验证了理论分析的正确性 限于篇幅, 其具体数据表和曲线图在此略去

#### 4 基因漂移的负面影响

本节通过仿真优化实例说明 OSC 的遗传漂移对遗传算法性能的影响 选择下列典型人工函数作为测试平台

$$\begin{aligned} f_1(x) &= \sum_{i=1}^{10} x_i^2, \quad -40 \leq x_i \leq 60, \quad (9) \\ f_2(x) &= 1 + \sum_{i=1}^2 \frac{x_i^2}{800} - \sum_{i=1}^2 \cos \frac{x_i}{\sqrt{i}}, \\ &\quad -512 \leq x_1, x_2 \leq 511. \quad (10) \end{aligned}$$

其中:  $f_1$  称为球模型, 为单峰函数的典型代表;  $f_2$  称为广义 Griewangk 函数, 其全局单峰结构受余弦函数的调制, 为非线性不可分多峰函数

对于上述测试函数, 分别应用两点交叉和 OSC 的遗传算法进行优化 为便于观察重组规模的取值对种群多样度的影响, 实验算法采用  $\eta = 1.05$  的线性排序选择, 以降低选择的遗传漂移 其他参数的设置为: 种群规模等于 100, 目标变量的编码长度等于  $10 \times$  维数, 变异概率取编码长度的倒数, 两点交叉的概率等于 1 种群多样性定义为

$$d = \frac{n_i - 1}{N - 1} \quad (11)$$

其中:  $N$  表示种群规模,  $n_i$  表示个体  $i$  在种群中的样本数

对于每个函数, 每种算法各进行 10 次独立的优化, 每次优化完成 100 000 次函数评估 10 次运行后, 总的最佳目标函数值  $f_{best}$ , 平均最佳目标函数值  $f_{avg}$  和平均种群多样性  $d$  如表 1 所示

表 1 两点交叉和 OSC 应用效果比较

Algorithm	$f_1$			$f_2$		
	$f_{avg}$	$f_{best}$	$d$	$f_{avg}$	$f_{best}$	$d$
两点交叉	51	9	1.00	1	1	1.00
OSC	3	215	57	9	5	1.00
重组	5	1 969	1 154	54	26	0.60
规模	7	2 546	1 669	65	34	0.55

表 1 的数据表明, OSC 遗传算法的优化效果明显不如两点交叉的遗传算法 随着重组规模的增加, OSC 引起的基因漂移导致种群多样性下降 平均种群多样性变化的动态数据表明, 对于重组规模大于 3 的 OSC, 大约仅需 1 代的时间, 种群多样性即降至

表中数据的水平,但由于变异的作用,进一步下降的趋势被抑制。另一方面,由于OSC独立地重组各基因座上的等位基因,在一定程度上破坏了优良积木块的作用,从而难以产生有效的搜索。

## 5 结 论

本文分析了广义交叉算子的遗传漂移现象,证明了SDC,ADC,USC等算子不会导致基因级的遗传漂移,但OSC可引起强烈的遗传漂移,其程度随重组规模的增加而加剧。仿真优化实验表明,OSC的遗传漂移不能提高局部搜索速度,仅产生降低种群多样性的消极效果。

提高优良个体的选择概率有可能抵消OSC所引起的基因漂移,但增加了选择自身的遗传漂移。OSC对独立的基因座进行重组,不同基因座的多数基因频率相互独立,对每个基因座采用不同的变异概率并自适应调整变异概率,可能是克服基因漂移的有效方法,但这种措施并不能减少OSC对优良积木块的破坏性。因此,OSC所引起的遗传漂移和破坏力对进化搜索的不利影响是难以克服的。

## 参考文献(References):

- [1] Rechenberg I. *Evolutionsstrategie 94* [M]. Stuttgart: Frommann-Holzboog, 1994.

- [2] Beyer H G. Toward a theory of evolution strategies: On the benefits of sex — The  $(\mu/\mu, \lambda)$  theory [J]. *Evolutionary Computation*, 1995, 3(1): 81-111.
- [3] 章珂, 刘贵忠. 交叉位置非等概率选取的遗传算法[J]. *信息与控制*, 1997, 26(1): 53-60.  
(Zhang Ke, Liu Gui-zhong. Selecting crossover site with unequal probability in genetic algorithms [J]. *Information and Control*, 1997, 26(1): 53-60.)
- [4] 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.
- [5] Mahfoud S W. Genetic drift in sharing methods [A]. *Proc of the First IEEE Conf on Evolutionary Computation* [C]. Piscataway: IEEE Service Center, 1994: 67-72.
- [6] Schmitt L M. Theory of genetic algorithms [J]. *Theoretical Computer Science*, 2001, 259(1-2): 1-61.
- [7] Eiben A E. Multiparent recombination [A]. *Evolutionary Computation 1: Basic Algorithms and Operators* [C]. New York: Institute of Physics Publishing, 2000: 289-307.
- [8] Back T. *Evolutionary Algorithms in Theory and Practice* [M]. New York: Oxford University Press, 1996.

(上接第39页)

## 参考文献(References):

- [1] He Xin-gui, Liang Jiu-zhen. Process neural network [A]. *Proc of Conf on Intelligent Information Processing* [C]. Beijing, 2000: 143-146.
- [2] 何新贵, 梁久祯, 许少华. 过程神经网络的训练及其应用[J]. *中国工程科学*, 2001, 3(4): 31-35.  
(He X G, Liang J Z, Xu S H. Learning for process neural networks and its applications [J]. *Engineering*

*Science*, 2001, 3(4): 31-35.)

- [3] McCulloch W S, Pitts W H. A logical calculus of the ideas immanent in neuron activity [J]. *Bulletin Mathematical Biophysics*, 1943, 5(1): 115-133.
- [4] 柳重堪. *正交函数及其应用* [M]. 北京: 国防工业出版社, 1982: 7-16.
- [5] 韩捷, 张瑞林. *旋转机械故障机理及诊断技术* [M]. 北京: 机械工业出版社, 1997: 91-114.

(上接第43页)

为在减少计算量的同时,保证机器人实际行走过程中障碍检测的准确性,根据地面坐标系与摄像机坐标系之间相对位姿的不断变化,系统加入了在线实时校正映射变换矩阵模块和空间障碍物投影图模块,减少了外部参数和系统内部参数变化对障碍检测的影响,增加了系统运行的可靠性。

## 参考文献(References):

- [1] Chow Y H, Ronald C. Obstacle avoidance of legged robot without 3D reconstruction of the surroundings [R]. Hong Kong: The Chinese University of Hong

Kong, 1999.

- [2] Zheng Y, Jones D G, Billings S A, et al. SW ITCJER: A stereo algorithm for ground plane obstacle detection [J]. *Image and Vision Computing*, 1990, 28(8): 57-62.
- [3] Badal S, Ravela S. A practical obstacle detection and avoidance system [A]. *Proc of the Second IEEE Workshop* [C]. 1994: 97-104.
- [4] 高文, 陈熙霖. *计算机视觉* [M]. 北京: 清华大学出版社, 1999.