

文章编号: 1001-0920(2004)03-0290-05

## 正交 Multi-agent 遗传算法及其性能分析

薛明志<sup>1,2</sup>, 钟伟才<sup>1</sup>, 刘 静<sup>1</sup>, 焦李成<sup>1</sup>

(1. 西安电子科技大学 雷达信号处理国家重点实验室, 陕西 西安 710071; 2 商丘师范学院 数学系, 河南 商丘 476000)

**摘 要:** 将 Multi-agent 系统、遗传算法与正交试验设计方法相结合, 提出一种新的遗传算法——正交 Multi-agent 遗传算法。其主要思想是: 利用正交设计的方法产生初始化种群; 用正交交叉算子代替传统的算术交叉算子; 利用 agent 间的竞争作用与每个 agent 所具有的知识 and 自学习能力进行启发式搜索, 以提高进化的速度。仿真试验和性能分析表明, 正交 Multi-agent 遗传算法不但具有很强的全局优化能力和较快的收敛速度, 而且具有很强的鲁棒性。

**关键词:** 遗传算法; 正交设计; 智能体

中图分类号: TP18

文献标识码: A

## Orthogonal multi-agent genetic algorithm and its performance analysis

XUE Ming-zhi<sup>1,2</sup>, ZHONG Wei-cai<sup>1</sup>, LIU Jing<sup>1</sup>, JIAO Li-cheng<sup>1</sup>

(1. Key Laboratory for Radar Signal Processing, Xidian University, Xi'an 710071, China; 2 Department of Mathematics, Shangqiu Teachers College, Shangqiu 476000, China Correspondent: XUE Ming-zhi, Email: mzhxue@163.com)

**Abstract** A new algorithm, called orthogonal multi-agent genetic algorithm (OMAGA), is proposed, which is based on multi-agent systems, genetic algorithm and orthogonal experimental design method. The initial population of points is generated by orthogonal experimental design. An orthogonal crossover operator instead of arithmetic crossover operator is adopted and heuristic search is implemented by using the competition between agents and the knowledge and self-learning ability of each agent to accelerate the convergent speed. The simulation results and performance analysis show that OMAGA has a stronger ability of global optimization and is more robust than genetic algorithm.

**Key words:** genetic algorithms; orthogonal design; multiagent system

### 1 引 言

遗传算法是模拟生物在自然环境中的遗传和进化过程而形成的一种自适应全局优化算法, 已广泛应用于数值优化、组合优化、分类器设计等领域<sup>[1]</sup>。针对标准遗传算法存在的缺陷, 人们提出了很多改进方法, 例如锦标赛选择和并行遗传算法<sup>[1]</sup>, 免疫算法<sup>[2]</sup>, 基于协调勘探和开采的遗传算法<sup>[3]</sup>等。这些方法都取得了较好的效果。

近年来, 许多学者将正交试验设计方法与遗传算法从不同的侧面进行结合, 例如 Leung 和 Wang 提出一种基于量化的正交遗传算法, 用于函数优化<sup>[4]</sup>; 文献[5]将正交设计技术引入家庭的子代培植, 以加强个体的行为改进; 史奎凡等<sup>[6]</sup>用正交设计确定区间水平。这些方法都取得了很好的结果。

Multi-agent 系统的研究引起了人们的广泛关注, HanJing 等<sup>[7]</sup>提出基于人工生命的多 agent 模型。

收稿日期: 2003-01-20; 修回日期: 2003-05-13

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60372045, 60133010); 河南省教委自然科学基金资助项目(2000110019)。

作者简介: 薛明志(1967—), 男, 河南商丘人, 副教授, 博士生, 从事小波分析、进化计算等研究; 焦李成(1959—), 男, 陕西白水人, 教授, 博士生导师, 从事智能信息处理、非线性电路与系统等研究。

求解  $N$ -皇后问题, 显示了 agent 求解实际问题的巨大潜力

本文从个体如何适应环境这个本质问题出发, 将 Multi-agent 系统 遗传算法与正交试验设计相结合, 把遗传算法中的个体当作 agent, 并用正交初始化取代原来的随机初始化, 用正交交叉算子取代原来的算术交叉算子, 提出了正交 Multi-agent 遗传算法 (OMAGA). 它通过 agent 群体与环境间的相互作用和 agent 群体内单个 agent 的局部目标的完成, 最终实现复杂系统的全局性目标(全局优化计算).

针对正交初始化需较大内存的缺点, 本文提出子空间分割方法, 以减少正交初始化所需要的大量内存; 利用平均函数值计算次数、平均时间、平均成功率来评价 OMAGA 算法的性能 仿真实验和性能分析表明, 正交 Multi-agent 遗传算法适合于函数优化, 并且其性能优于其他几类常见的遗传算法

## 2 正交 Multi-agent 遗传算法及其实现

本文提出的正交 Multi-agent 遗传算法的基本思想是:

1) 首先给出 agent 的生存环境, 即为  $L \times L$  的方形网格 把每个个体看作一个 agent, 个体的适应度定义为 agent 的能量 这里的 agent 都具有下列特性: 每个 agent 具有局部性; 每个 agent 具有交配和突变的能力; agent 之间存在激烈的竞争, 满足适者生存的规律; 每个 agent 具有知识, 它可以利用知识进行启发式搜索, 以提高自身的能量和对环境的适应能力

2) 利用子空间分割方法产生正交初始化 agent 种群, 并将每个 agent 一对一地对应到网格的格点上, 每个 agent 具有固定的邻域(同类群).

3) 每个 agent 与其邻域(局部环境)内其他 agent 相互作用, 通过交配、突变、死亡、再生、自学习等过程完成种群的更替, 实现每一代的进化

### 算法1 正交 Multi-agent 遗传算法(OMAGA)

Step 1: 正交初始化: 用子空间分割法产生正交初始化 agent 种群, 并将 agent 一对一地对应到网格的格点上, 计算每个  $agent_{(m,n)}$  的能量值;

Step 2: 停机判断: 进行停机条件判断, 如果停机条件满足, 则停止运行并输出结果; 否则继续;

Step 3: 正交交配: 每个网格上的  $agent_{(m,n)}$  与其邻域内能量最大的 agent 以概率  $P_c$  进行正交交叉操作;

Step 4: 突变: 对每个  $agent_{(m,n)}$  以  $P_m$  的概率进行变异;

Step 5: 死亡: 如果  $agent_{(m,n)}$  的能量大于其邻域内任一 agent 的能量, 则  $agent_{(m,n)}$  被保留, 否则死亡;

Step 6: 再生: 由  $agent_{(m,n)}$  死亡而空余出来的格点按如下方式产生新的  $agent_{(m,n)}$ , 即

$$agent_{(m,n)} = \begin{cases} Clone(agent_{\max}), & \eta > p_{\tau} \\ agent_{\text{random}}, & \eta < p_{\tau} \end{cases} \quad (1)$$

其中:  $agent_{\max}$  为  $agent_{(m,n)}$  及其邻域内能量值最大的 agent,  $agent_{\text{random}}$  为随机产生的任一合法 agent,  $Clone(\cdot)$  表示克隆算子,  $Clone(agent)$  表示对 agent 进行小范围的扰动,  $\eta$  为  $[0, 1]$  区间均匀分布的随机数,  $p_{\tau} \in [0, 1]$  为某一阈值

Step 7: 自学习: agent 利用已有的知识进行启发式搜索以提高自身的能量, 转 Step 2

可以证明, 保留最优策略的 OMAGA 以概率 1 收敛

下面给出该算法的具体实现过程 本文仅讨论种群规模保持不变的遗传算法 考虑如下全局优化问题:

$$\min f(x), \text{ s.t. } l \leq x \leq u \quad (2)$$

这里:  $x = (x_1, x_2, \dots, x_N)$  为空间  $R^N$  的一个变量,  $f(x)$  为目标函数,  $l = (l_1, l_2, \dots, l_N)$  和  $u = (u_1, u_2, \dots, u_N)$  定义了可行解空间

编码方式: 把每个 agent 编码为向量  $x = (x_1, x_2, \dots, x_N)$ , 其中  $N$  为待寻优函数的维数

初始种群的产生: 应用正交设计产生初始种群, 具体构造方法见文献[4] 当可行解空间很大时, 文献[4]方法需要产生较大规模的采样点, 因此所用的内存开销很大 为了减少内存开销, 本文提出如下子空间分割法来产生正交初始化种群

### 算法2 子空间分割法产生正交初始化种群

Step 1: 将可行解空间  $[l, u]$  分割成  $S$  个子空间  $[l(1), u(1)], \dots, [l(S), u(S)]$ ;

Step 2: 对每个子空间进行量化, 并应用正交表  $L_{M_1}(Q_1^N)$  产生  $M_1$  个染色体; 然后从  $M_1$  个染色体中选择出适应度最小的  $G$  个染色体;

Step 3: 对  $S$  个子空间选择出的  $S \cdot G$  个染色体进行排序, 选择出较优的  $G$  个染色体作为初始种群

算法2中正交表  $L_{M_1}(Q_1^N)$  的构造方法见文献[4] 由算法2可知, 子空间分割法只需存储  $M_1$  个染色体, 因此它所需要的内存仅为原算法的  $1/S$ , 更适用于高维函数的计算

交叉操作: 用正交交叉算子代替常见的算术交叉算子, 正交交叉算子的设计过程见文献[4]

变异操作: 设变异概率为  $p_m$ , 对个体  $x = (x_1,$

$x_2, \dots, x_N$ ) 的变异操作过程如下: 首先随机产生一个整数  $j \in [1, N]$  和一个实数  $z \in [l_j, u_j]$ ; 然后用  $z$  代替个体  $x$  的第  $j$  个分量便得到了新个体

选择策略: 根据 agent 能量值的高低进行选择

### 3 算法的性能分析

对算法的评估应建立在统计规律上. 本文采用平均成功率  $R_{as}$ , 平均函数值计算次数  $C_{ave}$  和平均时间  $T_{ave}$  对算法进行评估. 运行环境为 PIII-533, 64 M 内存, 时间单位为秒. 平均成功率  $R_{as}$  和平均函数值计算次数  $C_{ave}$  的定义见文献[3]. 下面给出平均时间  $T_{ave}$  的定义

定义 1 设一次试验所需的 CPU 时间为  $T$ , 则平均时间  $T_{ave}$  是在多次试验中  $T$  的算术平均值

#### 3.1 平均成功率、平均时间、平均函数值计算次数与精度 $\epsilon$ 的关系

为了测试正交 Multi-agent 遗传算法的性能, 本文采用如下测试函数  $R(x)$ , 即 Rastrigin 函数

$$R(x) = NA + \sum_{i=1}^N (x_i^2 - A \cos(2\pi x_i)). \quad (3)$$

其中:  $x_i \in [-5.12, 5.12 + 0.1]$ ,  $i = 1, 2, \dots, N$ ;  $A$  是一个固定的常数. 区间加上一个扰动是为了防止利用正交初始化产生初始种群时采样到全局极小值点.  $R(x)$  在  $x_i = 0 (i = 1, 2, \dots, N)$  时达到全局极小值, 而在整个定义域上大约有  $10^N$  个局部极小值点.

显然, 在正交 Multi-agent 遗传算法中, 平均成功率  $R_{as}$ , 平均时间  $T_{ave}$  和平均函数值计算次数  $C_{ave}$  都是精度  $\epsilon$  的函数. 为了考察它们随精度  $\epsilon$  的变化关系, 选定:  $A = 1.0$ , 自变量维数  $N = 20$ , 最大运行代数  $Iter_{max} = 300$ ,  $p_{\tau} = 0.1$ ,  $F = 4$  ( $F$  表示实行正交交叉操作时对变量的分组数目),  $Q = 3$  ( $Q$  表示正交设计的水平数), 交叉概率 0.1, 变异概率 0.02. 让精度  $\epsilon$  从 0.1 开始以 1/10 为比例单位进行等比例缩小, 在每一组参数下进行 100 次独立试验, 以获得在该组参数下  $R_{as}$ ,  $T_{ave}$  和  $C_{ave}$ . 这样便可得到平均成功率  $R_{as}$ , 平均时间  $T_{ave}$ , 平均函数值计算次数  $C_{ave}$  与精度  $\epsilon$  的相互关系. 根据平均成功率  $R_{as}$  取值的不同, 把精度  $\epsilon$  的取值分为成功区、部分成功区和失败区 3 部分, 其定义可仿照文献[3]的相关定义类似给出.

图 1 给出了  $R_{as}$  和  $C_{ave}$  随精度  $\epsilon$  的变化关系. 从图 1 可以看出, 当精度  $\epsilon \in [10^{-7}, 1]$  时, 算法的平均成功率都是 1, 这显示了算法的成功区域非常大; 其次是部分成功区域; 而失败区域则很小. 这说明本文算法具有较小的风险性和较强的鲁棒性.

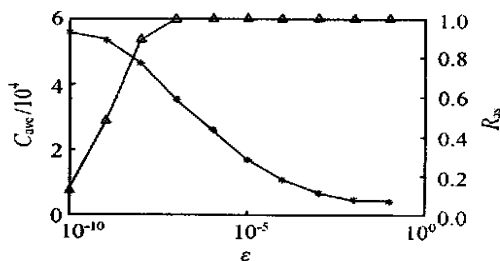
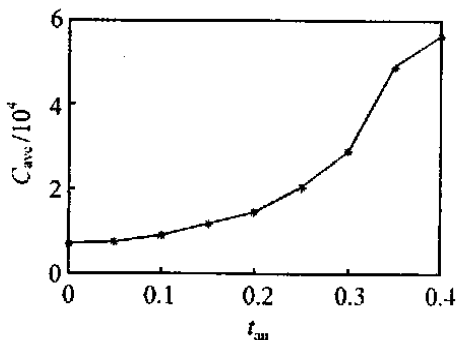


图 1  $R_{as}$  和  $C_{ave}$  与精度  $\epsilon$  的关系

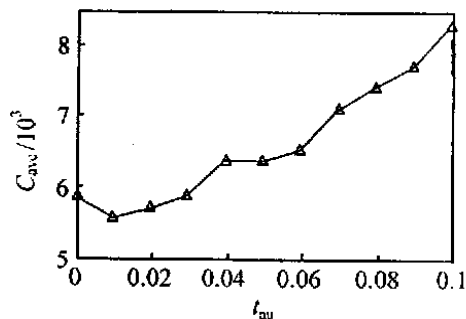
从图 1 还可以看出, 平均函数值计算次数  $C_{ave}$  随精度  $\epsilon$  的增高而逐渐增大, 这符合一般算法的运行规律. 平均时间  $T_{ave}$  和精度  $\epsilon$  也有类似关系. 在精度  $\epsilon$  不超过  $10^{-3}$  时, 平均函数值计算次数  $C_{ave}$  和平均时间  $T_{ave}$  差别不大, 它们处于同一个级别, 这说明本文算法具有很强的通用性和有效性. 当精度要求超过  $10^{-4}$  时, 精度每提高一位, 平均时间只增加近 0.1 s, 平均函数值计算次数增加不到 1 万次, 这从另一个侧面说明了算法具有较高的运算效率.

#### 3.2 平均函数值计算次数 $C_{ave}$ 与参数 $p_{\tau}$ 的关系

正交 Multi-agent 遗传算法与参数  $p_{\tau}$  有非常密切的关系, 参数  $p_{\tau}$  在区间  $[0, 1]$  内的不同取值反映



(a)  $C_{ave}$  与  $p_{\tau}$  的相互关系



(b) 平均函数值计算次数的变化趋势

图 2 平均函数值计算次数  $C_{ave}$  与参数  $p_{\tau}$  的关系

了 agent 在其生存环境中的再生方式和再生能力。具体到算法中, 参数  $p_{\tau}$  的变化反映了算法在运行过程中对搜索空间开发和探测能力的协调。

为了考察平均函数值计算次数  $C_{ave}$  随参数  $p_{\tau}$  的变化关系, 本文选定变异概率 0.05, 精度  $\epsilon = 0.001$ , 其他参数同 3.1 节。在算法的运行过程中, 假定没有自学习, 在每一组参数下进行 100 次独立试验以获得在该组参数下  $C_{ave}$ , 这样得到的  $C_{ave}$  与参数  $p_{\tau}$  的相互关系如图 2(a) 所示。从图 2(a) 可以看出, 平均函数值计算次数  $C_{ave}$  随着参数  $p_{\tau}$  的增大基本上是逐渐增大的。这符合算法的运行规律, 因为当参数  $p_{\tau}$  增大时, agent 的再生方式便越来越接近于随机产生, 在这种情况下, 算法对搜索空间的开发和探测能力减弱, 因而使得平均函数值计算次数增大。如果对参数  $p_{\tau}$  进行局部分析, 即考察  $0 < p_{\tau} < 0.1$  时, 平均函数值计算次数的变化趋势见图 2(b)。从图 2(b) 可以看出,  $p_{\tau} = 0.01$  时平均函数值计算次数最少, 因为此时 agent 的再生方式由克隆和随机两种方式共同作用来完成。这说明算法在其运行过程中, 对搜索空间的开发和探测能力实施了有效的平衡。

### 3.3 平均函数值计算次数 $C_{ave}$ 与 $Q, F$ 的相互关系

正交试验设计在正交 Multi-agent 遗传算法中起着重要作用, 一个试验的因子数和每个因子所具有的水平数对正交试验设计有重要影响, 从而影响算法 1 的计算复杂性和运行效率。下面讨论试验的因子数和水平数对算法 1 的影响。

为了研究平均函数值计算次数  $C_{ave}$  与  $Q, F$  的相互关系, 选定变异概率为 0.05, 精度  $\epsilon = 0.001$ , 其他参数同 3.1 节。在每一组参数下进行 100 次独立试验, 便可得到平均函数值计算次数  $C_{ave}$  与  $Q, F$  的相互关系。在构造正交表时, 因子数  $F$  和水平数  $Q$  越大, 计算量越大。反映到本算法上, 因子数和水平数越大, 算法的运算量越大。图 3 给出了当  $F$  固定时, 平均函数值计算次数随  $Q$  的变化关系。图 3 表明, 当  $F$  固定时, 平均函数值计算次数随着  $Q$  的增大而增大。类似地, 当  $Q$  固定时, 平均函数值计算次数随着

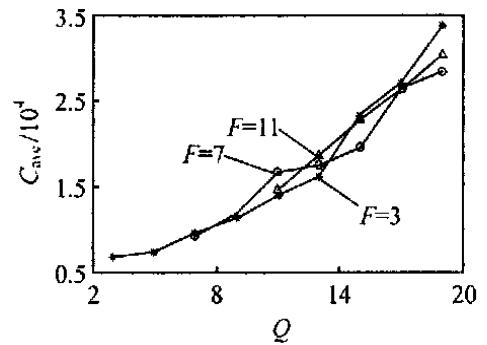


图 3  $F$  固定时  $C_{ave}$  随  $Q$  的变化关系

$F$  的增大, 虽有振荡, 但总的趋势还是增大的。所以在设计算法时, 为提高算法的运行效率,  $Q$  和  $F$  不能选得太大, 但同时也不能选得太小。如果选得太小, 会使得种群的多样性减少, 同样会影响算法的运行效率。一般情况下, 取  $F = 4, Q = 3$ 。

### 3.4 OMA GA 与其他类型遗传算法的对比

下面将 OMA GA 与其他几种遗传算法在对 Rastrigin 函数寻优时所表现出的性能进行对比。这些算法包括基本遗传算法 (CGA)<sup>[1]</sup>, 最优保持遗传算法 (EGA)<sup>[1]</sup>, 稳态遗传算法 (SGA)<sup>[1]</sup> 以及协调勘探和开采的遗传算法 (N GA)<sup>[3]</sup>。

对于每一种算法, 求出其平均成功率  $R_{as}$ , 平均函数值计算次数  $C_{ave}$  和平均时间  $T_{ave}$  (仅对算法 OMA GA 使用)。本文对精度  $\epsilon = 0.01, \epsilon = 0.001$  以及  $\epsilon = 10^{-5}$  (仅算法 OMA GA 采用) 进行试验, 统计数据如表 1 所示。表中 OMA GA \* 表示当精度  $\epsilon = 10^{-5}$  时, 算法 OMA GA 的试验结果。

从表 1 可以看出: CGA 在每一进化代都用新产生的个体替换掉整个种群, 这使得某些优秀父代个体所具有的优良基因保存不到子代个体中去, 所以 CGA 很难找到全局最优解; EGA 保持了最优个体, 具有全局收敛性, 但平均函数值计算次数太多; SGA 对搜索空间的探测和开发进行了简单地折衷, 其性能好于 EGA; N GA 充分考虑了探测和开发之间的协调关系, 性能较好。而本文算法 OMA GA 不

表 1 精度  $\epsilon = 0.01$  和精度  $\epsilon = 0.001$

算 法	$R_{as}$		$C_{ave}$		$T_{ave}$	
	$\epsilon = 0.01$	$\epsilon = 0.001$	$\epsilon = 0.01$	$\epsilon = 0.001$	$\epsilon = 0.01$	$\epsilon = 0.001$
CGA	0.00	0.00	N/A	N/A		
EGA	1.00	1.00	228 446	1 220 580		
SGA	1.00	1.00	18 027	75 320		
N GA	1.00	1.00	8 684	21 118		
OMA GA	1.00	1.00	4 889	6 717	0.068	0.089
OMA GA *	1.00		16 913		0.204	

仅考虑了对搜索空间进行探测和开发的能力,而且充分应用了 agent 与其局部环境的相互作用能力、极强的再生能力以及有效的自学习能力,所以本文算法在对高维函数优化时表现出了优良的性能,所需的平均 CPU 时间很短

#### 4 结 论

本文提出了一种新型的遗传算法——正交 Multi-agent 遗传算法。该算法将 Multi-agent 系统、遗传算法结构以及正交试验设计相结合,充分运用 agent 的局部感知能力以及它对周围环境的开发和探测能力,使得算法具有较好的性能。通过对算法在试验中的平均成功率、平均函数值计算次数和平均时间等统计数据进行分析,可以看出,该算法具有较大的灵活性,且其性能优于其他几种常见的遗传算法。具体地说,本文算法具有如下特点:并行性、经济性、高效性、鲁棒性

#### 参考文献(References):

- [1] 王正志,薄涛. 进化计算[M]. 长沙:国防科技大学出版社,2000
- [2] Jiao L icheng, Wang Lei. A novel genetic algorithm based on immune[J]. *IEEE Trans on Systems, Man, and Cybernetics*, 2000, 30(5): 552-561.
- [3] 江瑞,罗予频,胡东成,等. 一种协调勘探和开采的遗传

- 算法:收敛性及性能分析[J]. *计算机学报*, 2001, 24(12): 1233-1241.
- (Jiang R, Luo Y P, Hu D C, et al. A genetic algorithm by coordinating exploration and exploitation: Convergence properties and performance analysis[J]. *Chinese J Computers*, 2001, 24(12): 1233-1241.)
- [4] Leung Y W, Wang Y. An orthogonal genetic algorithm with quantization for global numerical optimization[J]. *IEEE Trans on Evolutionary Computation*, 2001, 5(1): 41-53.
- [5] 吴少岩,张青富,陈火旺. 基于家族优生学的进化算法[J]. *软件学报*, 1997, 8(2): 137-143.
- (Wu S Y, Zhang Q F, Chen H W. A new evolutionary algorithm based on family eugenics[J]. *J of Software*, 1997, 8(2): 137-143.)
- [6] 史奎凡,董吉文,李金屏,等. 正交遗传算法[J]. *电子学报*, 2002, 30(10): 1501-1504.
- (Shi K F, Dong J W, Li J P, et al. Orthogonal genetic algorithm[J]. *Acta Electronica Sinica*, 2002, 30(10): 1501-1504.)
- [7] Han Jing, Liu J iming, Cai Q ingsheng. From ALIFE agents to a kingdom of N Queens[A]. *Intelligent Agent Technology: Systems, Methodologies, and Tools* [C]. Hong Kong: The World Scientific Publishing Co Pte L td, 1999. 110-120.

## 关于组织编写《全国高等学校自动化专业系列教材》的启事

根据高等学校自动化专业发展与教学改革的需要,为构建紧密配合、有机联系的自动化专业课程体系,创建符合自动化专业培养目标和教学改革要求的自动化专业系列教材,教育部高等学校自动化专业教学指导分委员会联合中国自动化学会教育工作委员会等单位,决定在全国范围内以招标方式组织编写《全国高等学校自动化专业系列教材》。这套系列教材的整体实施方案如下:

- 1) 2003年9月成立系列教材编审委员会;
- 2) 系列教材的整体规模控制在50册左右;
- 3) 考虑专业多层次、多模式的需求,同种、同类教材可能出版多种版本;
- 4) 2003年底确定第1批出版的教材书目;

5) 2004年3月5日公布第1批教材的编写要求,在全国范围内征集主编作者;

6) 2004年5~6月确定相应教材编写的应标人选,并组织教材大纲论证,以招标投标机制确定教材编写的中标作者。

系列教材编审委员会为该项目设立了专项资金,用于支持本系列教材的编写工作。资助金额由系列教材编审委员会通过评审确定。

准备应标的单位和个人请注意3月5日发到各学校教务处、院系的招标公告,也可直接与清华大学自动化系萧德云教授联系。

E-mail: xiaody@mails.tsinghua.edu.cn