文章编号: 1001-0920(2006)03-0285-04

多模态函数优化的多种群进化策略

王湘中[1,2], 喻寿益[1]
(1. 中南大学 信息科学与工程学院, 长沙 410083; 2. 株洲工学院 电气工程系, 湖南 株洲 412008)

摘 要: 在一种使用单基因变异 精英繁殖 递减型策略参数的改进进化策略基础上, 提出了一种求解多模态函数多个极值点的多种群协同进化策略, 并给出了子种群进化概率 停止条件的确定和收敛到极值点的判断条件. 在求多极值点的进化算法中, 判别两个极值点是同峰还是异峰极值点是一个困难而关键的问题, 为此引入了一种新的判别方法——山谷探索法, 从而避免了确定小生境半径或峰半径. 一组测试函数的仿真计算结果表明了所提出的算法能准确地找到全部极值点.

关键词: 进化策略; 多模态函数优化; 多种群; 收敛性; 极值点
中图分类号: TP18 文献标识码: A

Multi-population Evolution Strategies for Multi-modal Function Optimization

WANG Xiang-zhong[1,2], YU Shou-yi[1]
(1. College of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410083, China; 2. Department of Electrical Engineering, Zhuzhou Institute of Technology, Zhuzhou 412008, China. Correspondent: WANG Xiang-zhong, E-mail: wxzxya@tom.com)

Abstract: Based on improved evolution strategies with single-gene mutation, elitist reproduction, and descending strategy parameters, a cooperating multi-population evolution strategy is proposed for the optimization of multi-modal function. The subpopulation's probability of evolution, stopping condition, and criterion of convergence to local optima are presented. A new method named as valley searching to distinguish between same-peak optima and different-peak ones is proposed, and determining the radius of niche or peak is avoided which has been a hard problem for fitness sharing genetic algorithms. Simulation results on a set of benchmark functions show that the algorithm can properly find all the optima.

Key words: Evolution strategies; Multi-modal function optimization; Multi-population; Convergence; Optima

1 引 言

在大量实际优化问题中, 不仅存在全局最优解, 而且可能有多个全局最优解和局部最优解. 如何构造一种优化算法, 使之能求出全部全局最优解和尽可能多的局部最优解, 这类问题一般称为多峰函数优化问题或多模态函数优化问题(Multi-modal function optimization, MFO), 已成为进化算法的一个重要研究方向, 人们提出了多种求解MFO的基于小生境(Niche)和/或多群体(Multi-population)技术的遗传算法(GA)[1,2]. 进化策略(Evolution strategies, ES)是一类求解连续函数优化问题的具有较好性能的进化算法, 虽然也有研究者引入了小生境技术[3,4], 但仅用于改善其全局搜索性能, 对于求解MFO, 则少有文献报道, 为此作者在这方面作了一些探索.

在求解MFO的多群体算法中需要解决两个问题:

1) 判别子种群是否已收敛于一极值点, 适时地

收稿日期: 2005-01-26; 修回日期: 2005-04-19.
基金项目: 国家自然科学基金项目(50275150).
作者简介: 王湘中(1966—), 男, 湖南宁乡人, 博士生, 副教授, 从事进化计算、人工智能的研究; 喻寿益(1940—), 男, 江西南昌人, 教授, 博士生导师, 从事自适应控制、进化计算的理论与应用等研究.

停止该子种群的进化, 以防止因变异跳出该极值点而导致极值点丢失;

2) 判别新求出的极值点是否与已求出的极值点属于同一个峰, 本文称之为同峰极值点的判别.

对于问题 1), 人们提及的较少. 对于问题 2), 在基于适应值共享(Fitness sharing) 小生境技术的 GA 中, 通过确定小生境半径[1](或峰半径[2]) 计算群体的共享度, 调整个体的适应值[5], 以保持种群的多样性, 使每个子群体收敛于不同的极值点. 由于确定小生境半径的复杂性, 防止求出多余的极值点或极值点遗漏仍然是需要解决的问题.

本文在一种基于单基因变异、精英繁殖、递减型策略参数的改进进化策略[6]基础上, 提出了多种群协同进化策略 $m \times (1+K)-$ ES, 论述了子种群收敛性的判别以及同峰极值点的判别, 提出了判别同峰极值点的山谷探索法, 并给出了一组典型测试函数的仿真计算结果.

2 解多模态问题的多种群进化策略

理论和仿真计算结果表明, 基于单基因变异、精英繁殖和递减型策略参数的改进进化策略[6] 具有良好的收敛性能, 较少的计算开销. $m \times (1+K)-$ ES 是在此基础上针对 MFO 提出的多种群进化策略, 它由 m 个子种群、极值点管理层、极值点集组成. 其基本思想是, 通过 m 个子种群实现全局搜索, 每个子种群同时搜索不同的局部极值点; 当某个子种群收敛到一个极值点而不再进化时, 将该极值点放入极值点集, 该子种群重新初始化; 在极值点管理层, 计算新加入的极值点与已有的极值点之间的距离, 如果该距离较小, 则判别它们是同峰极值点还是异峰极值点, 如果是同峰极值点则舍弃该新极值点, 否则将其加入到极值点集合中. 当连续若干次没有找到新的极值点时, 则认为已找出全部极值点, 而极值点集合中最优者即为全局最优解.

2.1 子种群停止条件

对于含 n 个变量的连续函数最大值优化问题

$$J = \max(f(X)),$$
$$X \in S = \{(x_1, x_2, \cdots, x_n): x_i \in [x_{i\min}, x_{i\max}]\},$$
$$i \in \{1, 2, \cdots, n\}, \tag{1}$$

其中 $f(X)$ 为适应值函数. 如果父代 X 产生的后代 X' 满足 $f(X') > f(X)$, 则称 X' 得到了进化. 设 $X^* = (x_1^*, x_2^*, \cdots, x_n^*)$ 是一个极大值点, 它可以是全局或局部的. 从工程实用的角度, 对于给定的误差 $E > 0$, 如果 $|x_i - x_i^*| < E$, 则称变量 x_i 已收敛. 如果对于 $P\, i \in \{1, 2, \cdots, n\}$, 有 $|x_i - x_i^*| < E$, 则称 $X = (x_1, x_2, \cdots, x_n)$ 已收敛到 X^*. 当某一子种群收敛到一个极值点时, 应及时停止, 减少不必要的计算, 也防止因变异跳出该极值点造成极值点丢失.

在子种群进化过程中, 如果若干代(设 g 代) 没有进化, 则缩减 R, 直到预先设定的最小值 $R_{\min}$. 当 $R = R_{\min}$ 时, 如果连续 k 代没有进化, 则可以认为该子种群已收敛到极值点. 需要确定合理的 k, 既保证子种群以足够的概率收敛到极值点, 而又不致于进行过多的冗余计算. 为此, 本文研究了$(1+K)-$ ES 的进化概率和停止条件, 得到如下结论:

结论 1 对于单基因 Gauss 变异算子 $z \to N(0, R)$, 当 $R = R_{\min} = E/2$, $v\, i \in \{1, 2, \cdots, n\}$, 满足 $|x_i - x_i^*| > E$ 时, $(1+K)-$ ES 一次变异产生进化的最小概率

$$p_e \approx \frac{1}{2n}. \tag{2}$$

证明 对于单基因变异算子 $z \to N(0, R)$, 当 n 个变量中 $n-1$ 个变量已收敛, 只有一个变量没有收敛时, $(1+K)-$ ES 经一次变异产生进化的概率最小, 不妨设 $|x_j - x_j^*| > E$, $x_i = x_i^*$, $i \neq j$, 如图 1 所示, 进化概率 $p_e = \frac{1}{n} P(0 < z < D)$.

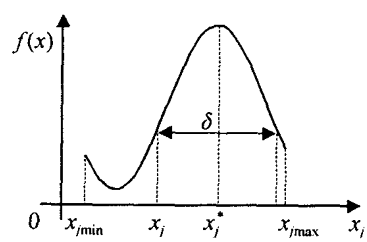

图 1 单基因变异的进化区间为$(x_j, x_j + D)$

考虑到进化过程中, 如果 g 代没有进化, 则 R 将不断减小, 直到 $R \leqslant R_{\min}$, 因而对于 $z \to N(0, R)$, 当 $R = R_{\min} = (1/2)E$, 如果 $|x_j - x_j^*| > E$, 则

$$0.5 \geqslant P(0 < z < D) \geqslant P(0 < z < 2E) = P(0 < z < 4R_{\min}).$$

对于 $N(0, R)$, 由正态分布表可知

$$P(-4R \leqslant z \leqslant 4R) = 0.999\,968\,3 \approx 1.0,$$

故 $p(0 \leqslant z \leqslant 4R_{\min}) \approx 0.5$, $P(0 < z < D) \approx 0.5$, 即一次变异产生进化的概率

$$p_c \approx \frac{1}{2n}. \qquad \square$$

结论 2 对于单基因 Gauss 变异算子 z, 当 $R = R_{\min} = E/2$ 时, $(1+K)-$ ES 如果连续

$$k \geqslant \frac{\ln(1 - p_g)}{K \ln \frac{2n-1}{2n}} \tag{3}$$

代没有进化, 则 $X = (x_1, x_2, \cdots, x_n)$ 已收敛到 X^* 的概率 $\geqslant p_g$.

证明　采用与产品成功试验相类似的方法[7], 将是否收敛看作产品是否合格, 一次变异当作产品的一次抽样试验, 发生进化则类同于该次抽样试验产品不合格, 进化概率等同于产品的不合格率, 收敛概率看作是接受产品的概率. 对于单基因变异 $(1+K)$-ES, 由结论 1, 当 $z \to N(0,R) = N(0,R_{min}) = N(0,\varepsilon/2)$, $\forall |x_i - x_i^*| > \varepsilon$, 经连续 k 代进化计算, 至少有一次产生进化的最小概率为

$$p_{ek} = 1 - \left(1 - \frac{1}{2n}\right)^{kK}.$$

令 $p_{ek} = 1 - \left(1 - \frac{1}{2n}\right)^{kK} \geqslant p_g$, 得

$$kK\ln\left(1 - \frac{1}{2n}\right) \leqslant \ln(1 - p_g).$$

考虑到 $1 - \frac{1}{2n} < 1$, $\ln\left(1 - \frac{1}{2n}\right) < 0$, 有

$$k \geqslant \frac{\ln(1 - p_g)}{K\ln\frac{2n-1}{2n}}.$$

即 $\forall |x_i - x_i^*| > \varepsilon$ 时, 经

$$k \geqslant \frac{\ln(1 - p_g)}{K\ln\frac{2n-1}{2n}}$$

代进化计算, 至少有一次进化的概率 $p_{ek} > p_g$. 换言之, 如果经

$$k \geqslant \frac{\ln(1 - p_g)}{K\ln\frac{2n-1}{2n}}$$

代计算没有进化, 则对 $\forall i \in \{1, 2, \cdots, n\}$, $P(|x_i - x_i^*| \leqslant \varepsilon) \geqslant p_g$. □

上述结论可以指导设计合适的子种群停止准则. 当 $R = R_{min} = \varepsilon/2$ 时, 按式(3)计算 k, 当连续没有进化代数大于 k 时, 则可以以概率 p_g 保证所有的 x_i 满足 $|x_i - x_i^*| \leqslant \varepsilon$ 例如对于含 $n = 50$ 个变量的优化问题, 如果子种群为 $(1+20)$-ES, 要求所有 x_i 满足 $P(|x_i - x_i^*| \leqslant 0.001) \geqslant 0.9999$, 则应在 $R_{min} = \frac{1}{2}\varepsilon = 0.0005$ 时, 连续

$$k \geqslant \frac{\ln(1 - p_g)}{K\ln\frac{2n-1}{2n}} = 45.8$$

代没有进化. 换言之, 如果连续 $k \geqslant 45.8$ 代没有进化, 则所有 x_i 满足 $|x_i - x_i^*| < \varepsilon$ 的概率大于 99.99%.

2.2　同峰极值点的判别

当新发现的极值点与已发现的某个极值点距离比较近时, 判断这两个极值点是同峰还是异峰一直是求多极值点优化问题的难点. 在适应值共享遗传算法中, 通过比较两极值点间的距离与预先设定的小生境半径或峰半径来确定相距较近的极值点是否同峰, 当极值点分布不均匀时容易出现判断错误. 本文提出山谷探索法判别同峰极值点, 原理如下:

图 2 所示为一个二维适应值函数的等高线, A 和 B 是两个不同峰的极值点, 在它们所界定的区域内必然包含山谷, 而 C 和 D 是同峰的, 在它们界定的区域则不包含山谷. 山谷探索法的基本原理就是探索两极值点之间是否存在山谷. 为此, 以这两个极值点的变量值为边界域, 在这个小区域内用 $(1+1)$-ES 进行求最小值(相对于求最大值的优化问题而言) 的进化计算. 经过若干代(如 100 代), 如果能找到比这两个极值点小的函数适应值, 则说明这两极值点之间存在"山谷", 它们是异峰极值点, 否则它们是同峰极值点. 这种小种群的进化计算成本是很小的, 因为搜索空间很小, 而且并不需要找出最低的谷点, 只要判定是否存在山谷即可.

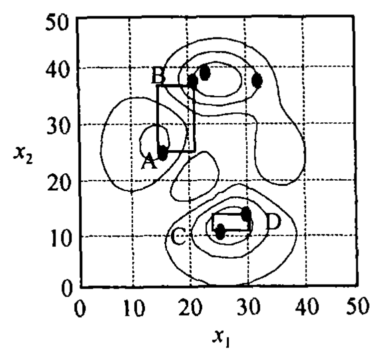

图 2　山谷探索法判别同峰极值点原理

3　算　　例

为了验证 $m \times (1+K)$-ES, 选择一组典型的测试函数进行仿真计算. 在计算过程中, 所有计算参数为 $5 \times (1+5)$-ES, 每次计算如果连续找到 50 个极值点都不是新极值点, 则停止计算. 每个函数重复计算 50 次.

函数 1　Himmelbau 函数[1]

$$f_1(x, y) = 660 - (x^2 + y - 11)^2 - (x + y^2 - 7),\ x, y \in [-6, 6].$$

此函数为线性不可分的等高、不等距多峰函数, 有 4 个极大值点, 理论极值为 660.0.

函数 2　Shekel's Foxholes 函数[1]

$$\min \frac{1}{f_2(x_1, x_2)} = 0.02 + \sum_{j=1}^{25} \frac{1}{c_j + \sum_{i=1}^{2}(x_i - a_{ij})^2},$$

$$x_1, x_2 \in [-65.536, 65.536],$$

$$a_{ij} = (a_{ij}^0\ a_{ij}^1\ a_{ij}^2\ a_{ij}^3\ a_{ij}^4),$$

$$a_{ij}^{k}=\begin{bmatrix}-32 & -16 & 0 & 16 & 32\\ -32+16k & -32+16k & -32+16k & -32+16k & -32+16k\end{bmatrix},$$

$$i=1,2,\ j=1,2,\cdots,25,\ k=1,2,3,4.$$

它是典型的非等高多峰函数,共有 25 个极值点.

以上函数的计算结果分别如表 1 和表 2 所示,每次都准确找到了全部极值点. 与文献[1] 比较,解的质量得到了提高,而且没有多余和遗漏极值点. 在 Pentium Ⅲ 上进行仿真计算,函数 1 平均计算时间为 10.3 s,函数 2 平均计算时间为 27.5 s.

表 1 函数 1 计算结果

序号	变量		函数值
	x	y	
1	-2.805 116 02	3.131 279 53	659.999 999 96
2	3.584 426 82	-1.848 071 22	659.999 999 96
3	-3.779 329 09	-3.283 158 95	659.999 999 93
4	2.999 950 64	2.000 018 94	659.999 999 92

表 2 函数 2 计算结果

序号	x_1	x_2	函数值
1	-31.978 333 69	-31.978 334 77	0.998 003 84
2	-15.986 388 72	-31.970 336 80	1.992 030 90
3	0.013 217 60	-31.965 089 34	2.982 105 16
4	15.981 589 93	-31.960 835 86	3.968 250 11
5	31.958 687 15	-31.958 688 62	4.950 491 23
6	-31.953 919 87	-15.977 936 95	5.928 845 13
7	-15.975 318 16	-15.975 331 81	6.903 335 69
8	-0.021 793 24	-15.973 585 84	7.873 992 98
9	15.972 427 90	-15.972 428 28	8.840 835 96
10	31.943 432 84	-15.972 247 89	9.803 897 94
11	-31.941 210 32	0.025 350 00	10.763 180 67
12	-15.968 387 01	-0.026 706 63	11.718 699 56
13	-0.027 774 94	-0.027 806 87	12.670 505 81
14	15.966 147 90	0.028 845 96	13.618 608 92
15	31.933 411 64	0.029 601 12	14.563 054 16
16	-31.931 686 35	15.965 638 07	15.503 816 80
17	-15.963 355 72	15.963 356 58	16.440 907 31
18	0.032 696 35	15.962 105 14	17.374 406 50
19	15.961 467 20	15.961 468 60	18.304 309 52
20	31.925 276 55	15.961 933 16	19.230 678 13
21	-31.926 445 53	31.926 444 75	20.153 486 96
22	-15.960 226 50	31.922 358 29	21.072 687 51
23	-0.036 664 17	31.920 935 14	21.988 407 55
24	15.958 601 34	31.919 594 28	22.900 634 08
25	31.921 096 12	31.921 096 05	23.809 434 47

4 结 论

以单基因变异、精英繁殖、递减型策略参数的改进进化策略为基础,建立多种群协同进化策略 $m\times(1+K)$-ES 具有能够准确地寻找所有极值点的能力. 用山谷探索法判别同峰极值点,不需要适应值函数和有关峰半径或小生境半径的先验知识,适用性强,可应用于其他多模态函数优化算法. 子种群使用 $(1+K)$-ES 时,文中给出的停止条件确定方法可以以给定的精度和可信度收敛于极值点.

在多极值点搜索过程中,如何尽量避免极值点的重复搜索而不丢失极值点,是需要进一步研究和解决的问题.

参考文献(References)

[1] 李敏强,寇纪淞. 多模态函数优化的协同多群体遗传算法[J]. 自动化学报, 2002, 28(4): 497-504.
(Li M Q, Kou J S. Coordinate Multi-population Genetic Algorithm for Multi-modal Function Optimization [J]. Acta Automatic Sinica, 2002, 28(4): 497-504.)

[2] 于歆杰,王赞基. 自适应调整峰半径的适应值共享遗传算法[J]. 自动化学报, 2002, 28(5): 816-820.
(Yu X J, Wang Z J. The Fitness Sharing Genetic Algorithm with Self-adaptive Control of Peaks Radii[J]. Acta Automatic Sinica, 2002, 28(5): 816-820.)

[3] Izumi K, Hashem M M A, Watanabe K. An Evolution Strategy with Competing Subpopulations [A]. 1997 IEEE Int Symposium on Computational Intelligence in Robotics and Automation[C]. California: IEEE Press, 1997: 306-311.

[4] Porter F, Xue B. Niche Evolution Strategy for Global Optimization[A]. Proc of the 2001 Congress on Evolutionary Computation [C]. New Jersey: IEEE Press, 2001, 2: 1086-1092.

[5] 刘洪杰,王秀峰. 多峰搜索的自适应遗传算法[J]. 控制理论与应用, 2004, 21(2): 302-305.
(Liu H J, Wang X F. Adpative Genetic Algorithm for Multi-peak Searching[J]. Control Theory and Applications, 2004, 21(2): 302-305.)

[6] 郭观七. 进化计算的遗传漂移分析与抑制技术[D]. 长沙: 中南大学, 2003.
(Guo G Q. Analysis and Suppressing Methods of Genetic Drift in Evolutionary Computation[D]. Changsha: Central South University, 2003.)

[7] 黄克中,毛善培. 随机方法与模糊数学应用[M]. 上海: 同济大学出版社, 1987: 171-175.
(Huang K Z, Mao S P. Stochastic Method and Fuzzy Mathematic Application[M]. Shanghai: Tongji University Press, 1987: 171-175.)