

文章编号: 1001-0920(2008)06-0613-06

## 变异协同进化的免疫克隆算法

刘丽珏, 蔡自兴

(中南大学 信息科学与工程学院, 长沙 410075)

**摘要:** 利用免疫系统的克隆选择机制, 提出一种用于函数优化的算法. 算法的主要特点是: 在迭代过程中, 不仅抗体得到进化, 同时建立变异向量集, 令变异向量同步进化, 协同工作, 达到优化的目的. 仿真实验表明, 所提出的算法能以较快的速度完成给定范围的搜索和全局优化任务.

**关键词:** 免疫; 协同进化; 克隆; 变异; 马尔可夫链

**中图分类号:** TP18

**文献标识码:** A

### Immunity clone algorithm with mutation co-evolution

LIU Li-jue, CAI Zi-xing

(School of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410075, China. Correspondent: LIU Li-jue, E-mail: jade\_llj@hotmail.com)

**Abstract:** By using the clonal selection mechanism of the immune system, a method for function optimizing is proposed. The character of this algorithm is not only the antibodies evolution, but also a mutation vectors set is built for cooperative co-evolution to breed and reproduce successful mutation steps. The simulation results show that this algorithm can converge to the global optimum at quicker rate in a given range.

**Key words:** Immunity; Co-evolution; Clone; Mutation; Markov chain

### 1 引言

实参数的函数优化问题在工程实际中具有重要意义, 对于大多工程实际问题, 人们都需对某些实数向量进行优化. 解决这类问题的方法很多, 包括传统的基于梯度的算法, 以及一些迭代算法. 而对于高维、非凸且有多个局部极值点的函数优化问题, 其理想解往往很难获得. 免疫系统作为一种分布式自学系统, 能自适应地维持群体多样性且具有自我调节功能, 从而基于免疫机制的算法具有整体、局部搜索能力强的特点, 使得这类算法在函数优化、组合优化、模式识别、数据挖掘及机器学习等方面得到了有效应用.

基于免疫学原理发展起来的新兴智能——人工免疫系统已应用于处理计算机安全等多种工程和科学问题<sup>[1]</sup>. 克隆选择算法<sup>[2]</sup> (Clonal Selection Algorithm, CLONALG) 是由 De Castro 等于 2000 年提出的一种算法, 其灵感来自于生物获得性免疫的克隆选择原理<sup>[3]</sup>. 在生物免疫系统中, 一旦病原体侵入肌体, 便被分解为抗原片段, B 淋巴细胞能产生

相应的抗体, 与抗原结合, 同时活化、增殖和分化, 产生浆细胞, 通过中和、溶解和调理等作用, 最终使抗原从体内清除. 另有一些 B 细胞变成了长期存活的记忆细胞, 它通过血液、淋巴和组织液循环, 为下一次快速、高效消除相同或类似抗原引起的感染奠定了基础.

克隆选择的实质是在一代进化中, 在候选解的附近, 根据亲和度的大小产生一个新的子群体, 从而扩大搜索范围; 并通过抛弃亲和度低的抗体重新初始化, 保持种群的多样性. 抗体的进化通过各自的变异进行, 使得变异算子在进化过程中显得尤为重要.

正是由于克隆选择机制中存在着克隆、超变异、抗体与抗原特异性结合, 未被激发的细胞消亡及记忆细胞的产生等过程, 使得抗体在保证收敛速度的同时能维持多样性. 但是, 由于抗体的进化主要依靠变异完成, 这使得采用何种变异策略成为算法成败的关键. 通常的做法是定义某个变异算子, 一般而言都采用高斯变异. 由于高斯变异虽具有很强的局部

收稿日期: 2007-04-20; 修回日期: 2007-08-13.

基金项目: 国家基础研究项目 (A1420060159).

作者简介: 刘丽珏 (1973—), 女, 长沙人, 副教授, 博士生, 从事人工智能、智能计算等研究; 蔡自兴 (1938—), 男, 福建莆田人, 教授, 博士生导师, 纽约科学院院士, 从事人工智能、智能控制、机器人学等研究.

搜索能力,但局部极值的逃逸能力较差,算法易陷入局部最优.柯西变异是另一种选择,与高斯分布相比,柯西分布更易产生远离中心的采样点,因此其跳出局部极值的能力较强,但到算法后期,收敛速度却受到很大影响.

一些文献对克隆选择算法的变异机制进行了研究.文献[4]提出一种改进免疫克隆多样性算法,采用实数编码,其变异算子产生的新抗体服从均匀分布,解决了高斯分布易陷入局部极值的问题;[5]结合小生境技术,提出一种新的免疫算法,但该算法没有克隆操作,虽提高了收敛速度,但却限制了搜索空间;[6]讨论了线性、循环和高斯变异对算法的影响;[7]则采用一种混合反比例超变异算子,令变异概率与亲和力成反比,以提高收敛的精度.

在进化计算中<sup>[8,9]</sup>,每个个体都有一个对应的变异步长.在进化过程中变异步长自适应地变化,达到进化的目的.针对克隆选择存在的不足,受进化算法的启发,本文提出一种新的免疫进化算法.该算法中除抗体集外,同时建立了变异向量集,与进化算法中每个变异步长仅属于一个个体不同,变异向量集中的变异向量为所有抗体共享.每个抗体通过亲和力评价优劣,同时每个变异向量同样也用一适应度评价函数,评价其变异的有效性,保留成功的变异,淘汰失败的变异,抗体集和变异集协同进化,最终达到优化的目的.

## 2 算法描述

变异协同进化的免疫算法 (Mutation Co-evolution Immunity Clone Algorithm, MCCLONAL G) 中,参与进化的有两个种群,也就是由候选解构成的抗体群,以及由变异步长向量构成的变异体群.第  $j$  代的抗体种群表示为

$$X^{(j)} = [x_1^{(j)}, x_2^{(j)}, \dots, x_{N_x}^{(j)}],$$

其中  $x_i^{(j)}$  为  $d$  维行向量.抗体依据其与抗原的亲和力进化,其亲和力表示为  $f(X^{(j)})$ ;变异体群由那些变异后能得到更优的抗体,即能进行成功变异的变异向量组成,第  $j$  代变异体种群表示为  $I^{(j)} = [i_1^{(j)}, i_2^{(j)}, \dots, i_{N_c}^{(j)}]$ ,其中  $i_i^{(j)}$  为  $d$  维行向量;同时将变异体的适应度存储在矩阵  $f^{(j)} = [f_i^{(j)}]$  中.

### 2.1 算法简述

变异在免疫进化中起着决定性的作用,因此,如何选择以及选择什么样的变异算子便成为关键.每个用于变异的采样函数都有其优点和缺陷,因此,在 MCCLONAL G 中,通过建立变异向量集构成的变异体种群与抗体群一起协同进化,每次将能导致成功变异的向量记录下来,并淘汰失败的向量,通过衡量其适应度使其不断进化,从而达到加快收敛速度

的目的.算法步骤如下:

Step 1: 初始化抗体群和变异体群;

Step 2: 计算抗体的亲和力;

Step 3: 选择亲和力高的一部分抗体进行克隆,形成克隆抗体集  $X_c$ ,并对应地建立变异体集;

Step 4: 对克隆抗体进行变异,形成变异抗体集  $X_m$ ;

Step 5: 评价克隆抗体集和变异体集;

Step 6: 选择好的抗体和变异体继续生存,替代差的个体,并形成记忆抗体集  $X_b$ ;

Step 7: 在没有进行克隆的抗体中选择最差的部分抗体重新初始化;

Step 8: 如果终止条件未达到,则返回 Step 3.

简而言之,算法由初始化、克隆、变异、更新、重选择、消亡这几个主要部分构成.下面对这几个部分分别进行说明.

## 2.2 算法组成

### 2.2.1 初始化

第 0 代抗体群  $X^{(0)}$  对应于问题的初始候选解,初始化过程在搜索空间中随机生成  $N_x$  个  $d$  维向量,以此构成  $X^{(0)}$ .  $I^{(0)}$  对应于最初的变异向量集,被初始化为  $N_c$  个  $d$  维 0 向量.由于变异向量在使用之前都经过预处理,进化过程中不会出现 0 向量.

### 2.2.2 克隆

克隆是将抗体复制一定的数量,以扩大搜索空间.每个抗体克隆的数量与其亲和力成正比,亲和力越高,克隆的数量越多.若用  $c$  表示克隆算子,则

$$c(X) = [c(x_1), c(x_2), \dots, c(x_n)]. \quad (1)$$

其中:  $c(x_i) = I_i \times x_i$ ,  $I_i$  是  $N_c i$  维行向量,一般

$$N_c i = \left\lceil \frac{N_x}{i} \right\rceil, \quad i = 1, 2, \dots \quad (2)$$

(0, 1) 为克隆常数,  $N_x$  为种群规模,将要克隆的抗体按亲和力排序,  $i$  是其序号.于是亲和力越高的抗体,克隆的数量越多.

### 2.2.3 变异

变异是使得进化得以实现的关键操作. MCCLONAL G 算法将克隆产生的新抗体进行不同的变异,同时记录变异向量,对其进行评价,以使得变异向量本身不断进化.若用  $m$  表示变异算子,则

$$m(X) = [m(x_1), m(x_2), \dots, m(x_n)], \quad (3)$$

$m(x_i)$  对第  $i$  个抗体  $X_i$  的克隆集  $\{X_{ij}\} (j = 1, 2, \dots, N_c i)$  进行变异.其中  $X_{i1}$  是  $X_i$  与全局最佳抗体  $X_{\text{best}}$  进行交叉的结果,即

$$X_{i1} = X_i + r_1 (X_{\text{best}} - X_i), \quad (4)$$

$r_1$  为 0 到 1 之间的随机量.

其余的抗体则由  $X_i$  加上变异体群 中的变异向量和一个高斯扰动得到,即

$$X_{ij} = X_i + r_2 \cdot i, j = 2, 3, \dots, Nc_i. \quad (5)$$

$i$  为 中随机选择的一个变异向量.  $r_2$  为随机量,该随机量针对克隆产生的多个抗体,分别服从柯西分布、高斯分布和均匀分布. 克隆可产生多个原抗体的副本,因此可对这些副本运用不同的变异算子,利用柯西分布产生少量远离中心的采样点来提高抗体的多样性,利用高斯分布提高局部搜索能力,利用均匀分布以期获得更多的采样点. 这样,在变异体群中的变异向量会根据各自的适应度大小进行选择,将适应度高的变异体留在种群中. 为变异参数,用来调整变异步长,令其等于关于进化代数的线性递减函数,从而在进化初期,可用较快的速度集中到可能解周围,后期则在可能解周围细细搜索,避免在最优解周围振荡,其定义如下:

$$= \frac{c \cdot \sqrt{\text{upbound} - \text{lowbound}}}{\text{it} + \text{gen}}. \quad (6)$$

其中  $c$  为一常量,与具体问题相关; $\text{gen}$  为进化的最大代数; $\text{it}$  为当前进化代数; $\text{upbound}$  和  $\text{lowbound}$  分别为搜索区域的上限和下限.

### 2.2.4 更新

更新包括抗体群和变异体群的更新. 对于抗体  $X_i$ ,若经克隆变异后的抗体集中存在亲和度比它更高的抗体,则用该抗体替换  $X_i$ ,更新抗体的记忆集. 如求解  $f(X)$  的最小值问题,若用  $u$  表示变异算子,则

$$u(X_i) = X_i = \begin{cases} X_i, f(x_i) < f(x_{ij}); \\ X_{ij}, f(x_i) > f(x_{ij}). \end{cases} \quad (7)$$

新一代抗体群  $X^{(j+1)} = [X^{(j)}]$ .

此外,对于能进行成功变异的变异向量也应存储和评价,若变异后得到比原抗体  $X_i$  亲和度更高的个体  $X_{ij}$ ,则记下这个变异向量

$$i = X_{ij} - X_i. \quad (8)$$

同时计算  $i$  的适应度

$$f_i = f(X_i) - f(X_{ij}). \quad (9)$$

这样,对于最小值问题,适应度越大说明变异越成功. 对变异向量集和变异向量的适应度集进行如下更新:

$$= i, \quad (10)$$

$$f_i = f_i - f_i. \quad (11)$$

### 2.2.5 重选择

经更新后的变异向量集扩大了,重选择过程选择新的变异向量集中适应度最大的  $N$  个变异向量构成下一代变异体群;同时变异向量的适应度矩阵

也进行相应变化. 若用  $s$  表示重选择算子,则

$$^{(j+1)} = s(, N), \quad (12)$$

$$f_i^{(j+1)} = f_i(i_{\text{Best}}). \quad (13)$$

其中  $i_{\text{Best}}$  表示适应度最佳的变异体的索引值.

### 2.2.6 消亡

消亡过程将抗体重新初始化为定义域中的值. 在抗体的记忆集之外取得  $d_x$  个亲和度最低的抗体,运用消亡算子予以抛弃,将其重新初始化,可保持种群的多样性. 若用  $a$  表示变异算子,则

$$a(X) = \text{rand}() * (\text{up} - \text{low}) + \text{low}. \quad (14)$$

## 3 收敛性分析

定理 1 MCCLONAL G 算法的种群序列  $X^{(n)}$  是有限齐次马尔可夫链.

证明 与免疫算法一样,MCCLONAL G 算法的状态变化都是在有限空间中进行,但其矢量的分量是离散实数,因此种群是有限的. 由于

$$X^{(t+1)} = c \circ m \circ u \circ a(X^{(t)}), \quad (15)$$

$c, m, u$  和  $a$  都是独立进行的,  $X^{(t+1)}$  仅与  $X^{(t)}$  有关,而与  $X^{(t)}$  之前的各群体无关,满足后无效性,即  $\{X^{(t)}, 1 \leq i \leq n\}$  为有限齐次马尔可夫链.

定义 1 针对求最小值问题,令

$$M = \{x_j | \forall x_i \in X, f(x_j) < f(x_i)\}, \quad (16)$$

则称  $M$  为序列  $\{X^{(t)}, t = 0\}$  的全局最优解集,其中  $X$  为初始抗体群.

定义 2 若对于任意初始抗体群  $X$  均有

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{X^{(t)} \in M\} = 1, \quad (17)$$

则称算法以概率 1 收敛.

定理 2 设  $S_b$  是全体记忆集抗体组成的状态空间,则  $S_b = M$ .

证明 根据算法,  $S_b$  是由抗体中亲和度最优的若干抗体组成,则必  $\forall x_j \in S_b$ , 使得  $\forall x_i \in X, f(x_j) < f(x_i)$ , 即  $S_b = M$ .

定理 3 MCCLONAL G 算法是以概率 1 收敛的.

证明 设  $\{X^{(t)}, t = 0\}$  为 MCCLONAL G 算法在  $t$  时刻所对应的马尔可夫序列,令

$$p_i(t) = p\{X_i^{(t)}\}, \quad (18)$$

$$p_{ij}(t) = p\{X_j^{(t+1)} | X_i^{(t)}\} =$$

$$p\{X_j^{(t+1)} | X_i^{(t)} X_a^{(t)}\} p\{X_a^{(t)} | X_i^{(t)}\}, \quad (19)$$

其中  $S_c$  是由所有克隆抗体组成的状态空间. 则  $\forall x_i, x_j \in S_b, p_{ij}(t)$  的值分两种情况,讨论如下:

情况 1  $f(X_i) < f(X_j)$ , 即  $X_i$  的亲和度不如  $X_j$ . 根据 MCCLONAL G 算法,只有更优的抗体才能继续保持在记忆集中,即  $p\{X_j^{(t+1)} | X_i^{(t)} X_a^{(t)}\} = 0$ . 所以在该情况下  $p_{ij}(t) = 0$ .

情况2  $f(X_i) > f(X_j)$ , 即  $X_i$  的亲密度比  $X_j$  高. 根据 MCCLONALG 算法, 经更新后的记忆集总是将更优的抗体选入, 即  $p\{X_j^{(t+1)} | X_i^{(t)} X_a^{(t)}\} > 0$ . 又根据算法,  $p\{X_a^{(t)} | X_i^{(t)}\} > 0$ , 所以在该情况下  $p_{ij}(t) > 0$ .

综上所述, 在  $S_b$  中有

$$p_{ij}(t) = 0. \tag{20}$$

记  $p_t = \prod_{x_i \in S_b} p_i(t)$ , 则由马尔可夫链的性质可知

$$p_{t+1} = \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t) = \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t) + \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t). \tag{21}$$

又

$$\prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t) + \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t) = \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) = p_t. \tag{22}$$

将式(22)代入(21), 得

$$p_{t+1} = \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t) + p_t - \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t). \tag{23}$$

又根据式(20), 得

$$p_{t+1} = p_t - \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) p_{ij}(t) = p_t, \tag{24}$$

所以

$$\lim_t p_t = 0, \tag{25}$$

则

$$1 - \lim_t P\{X^{(t)} \in M\} = \lim_t P\{X^{(t)} \in S_b\} \\ \lim_t \prod_{x_i \in S_b} p_i(t) = 1 - \lim_t p_t = 1.$$

#### 4 仿真实验

为测试算法性能, 给出以下几个典型测试函数:

$$f_1(X) = \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2x_i) + 10), \\ - 5.12 \leq x_i \leq 5.12; \\ f_2(X) = \sum_{i=1}^n x_i^2 / 4000 - \sum_{i=1}^n \cos(x_i / \sqrt{i}) + 1, \\ - 600 \leq x_i \leq 600; \\ f_3(X) = \sum_{i=1}^n (100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (1 - x_i)^2), \\ - 30 \leq x_i \leq 30;$$

$$f_4(X) = \sum_{i=1}^D (10^6)^{\frac{i-1}{D-1}} x_i^2, \quad -100 \leq x_i \leq 100;$$

$$f_5(X) = \sum_{i=1}^D \left( \sum_{k=0}^{k_{\max}} [a^k \cos(2^k b^k (x_i + 0.5))] \right) - \sum_{k=0}^{k_{\max}} [a^k \cos(2^k b^k * 0.5)], \\ a = 0.5, b = 3, k_{\max} = 20, \quad -100 \leq x_i \leq 100;$$

$$f_6(X) = \sum_{i=1}^n \left( \sum_{j=1}^i x_j \right)^2, \quad -100 \leq x_i \leq 100;$$

$$f_7(X) = 1 - \frac{\sin\left(5 \sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2}\right)}{5 \sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2}}, \quad -10 \leq x_i \leq 10;$$

$$f_8(X) = n - \left( \sum_{i=1}^n \sin(x_i) / x_i \right), \quad -10 \leq x_i \leq 10.$$

$f_1 \sim f_8$  分别为 Rastrigin, Griewank, Rosenbrock, Elliptic, Weierstrass, Schwefel, Ripples, Peaks 函数. 其中  $f_1, f_2, f_3, f_5, f_7, f_8$  是多峰值函数, 对于这些函数的说明详见文献[10, 11].

对于 10 维的  $f_1$  和 20 维的  $f_2$ , 与文献[4]提供的数据进行了比较. 算法中各参数设置见表 1, 连续 30 次实验的平均解与文献[4]数据的比较结果如表 2 所示.

表 1 实验参数

参 数	值
抗体种群规模	$N_x = 20$
变异体种群规模	$N = N_x + 20$
克隆常数	$= 1$
变异概率	$P_m = 0.1$

表 2 与文献[4]数据比较结果

函数	算 法	最优解	平均解
$f_1$	文献[4]算法	0.006 35	0.064 4
	MCCLONALG	0.004 78	0.024 1
$f_2$	文献[4]算法	0.036 7	0.040 7
	MCCLONALG	0.007 36	0.028 5

从比较结果看, 在 10 维的  $f_1$  和 20 维的  $f_2$  上, 经 400 代进化, 无论从最佳解和平均解上, 本文算法均优于文献[4]算法.

此外, 算法在  $f_1$  到  $f_8$  这 8 个函数上连续执行 30 次, 最大截止代数 100, 实验结果与克隆选择算法以及文献[7]算法 opt-IMMALG 的比较结果如表 3 所示.

从表 3 可看出, 本文算法在  $f_5$  和  $f_7$  上的表现与 CLONALG 相比, 相对其他 6 个函数而言优势不是

表 3 实验结果比较

函数	算 法	最优解	最差解	第 15 次的解	平均解
$f_1$	CLONAL G	5.321 377	18.227 61	5.890 937	9.165 772
	opt-IMMAL G	0.285 326	2.257 543	0.843 264	1.363 863
	MCCLONAL G	0.360 216	3.405 037	1.553 354	1.785 021
$f_2$	CLONAL G	17.210 625	26.715 041	18.517 624	23.256 304
	opt-IMMAL G	0.368 321 9	1.833 226 4	1.575 391 2	0.985 317
	MCCLONAL G	0.116 159	0.734 982	0.456 376	0.360 647
$f_3$	CLONAL G	1 922 456.118	7 838 245.647	5 370 738.72	6 310 264.824
	opt-IMMAL G	31.743 8	2 743.588 42	92.250 16	743.178 3
	MCCLONAL G	30.424 6	2 574.250 21	73.247 63	450.433 2
$f_4$	CLONAL G	470 354.473	99 702 578.17	52 823 535.55	61 826 573.43
	opt-IMMAL G	742.106 7	510 637.19	2 853.683	8 305.195
	MCCLONAL G	312.346 2	38 230.83	1 400.547	6 744.364
$f_5$	CLONAL G	1.212 284	3.057 831	1.652 935 47	2.147 561
	opt-IMMAL G	1.174 283	2.906 417	1.728 542 6	1.742 552
	MCCLONAL G	1.088 714	2.465 635	1.595 525 2	1.488 612
$f_6$	CLONAL G	473.941 2	5 214.347 2	2 066.647 1	2 644.573 8
	opt-IMMAL G	20.731 74	276.638 5	207.372 7	185.263 4
	MCCLONAL G	18.025 15	91.715 16	34.998 837	50.809 37
$f_7$	CLONAL G	0.980 704	0.951 014	0.962 535	0.969 711
	opt-IMMAL G	0.026 153	0.352 672	0.089 356	0.126 437
	MCCLONAL G	0.871 643	0.962 573	0.929 137	0.935 413
$f_8$	CLONAL G	0.945 114	3.489 822	2.615 435	2.204 917
	opt-IMMAL G	0.025 298	1.363 365	0.053 646	0.472 661
	MCCLONAL G	0.000 5	0.983 314	0.003 358	0.199 867

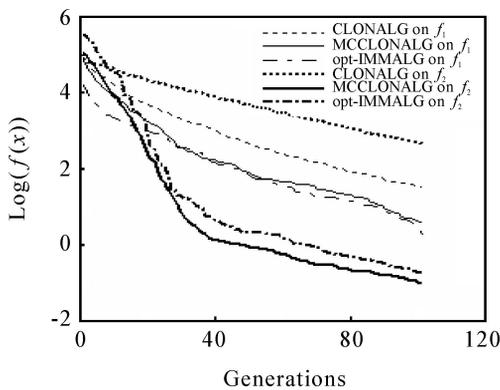


图 1 算法在  $f_1$  和  $f_2$  上的比较

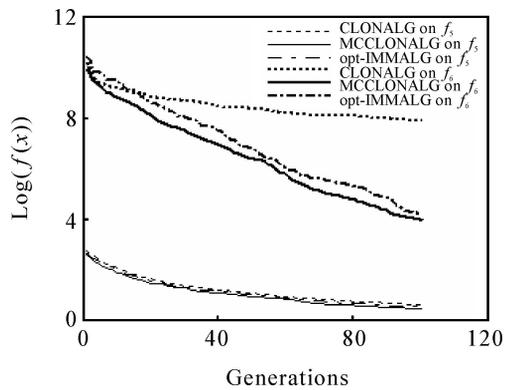


图 3 算法在  $f_5$  和  $f_6$  上的比较

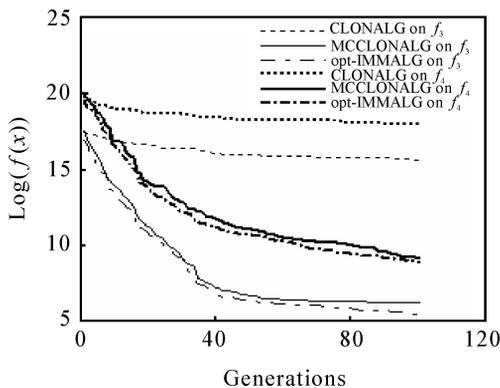


图 2 算法在  $f_3$  和  $f_4$  上的比较

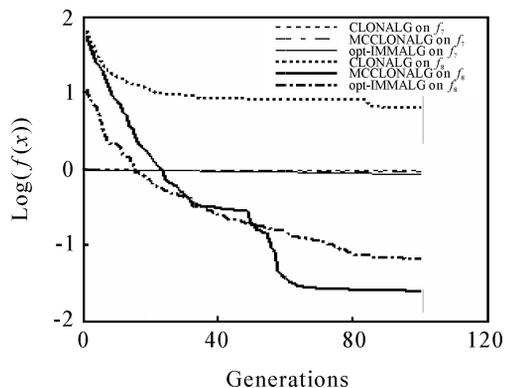


图 4 算法在  $f_7$  和  $f_8$  上的比较

特别明显,但仍好于 CLONAL G;而在其余 6 个函数上的表现均明显优于克隆选择算法,收敛的速度和精度都得到了显著提高.与文献[7]的算法相比,算法在  $f_1$  和  $f_7$  上的表现不如文献[7],但在其余 6

个函数上均优于它.

图 1 ~ 图 4 是  $f_1$  到  $f_8$  函数上两种算法 30 次实验的平均结果比较,横坐标是进化代数,纵坐标是 30 次每代最优解平均值的对数.

从结果看,相比采用单一变异算子的两种算法,本文算法在前期采用服从柯西分布的变异向量产生更好的多样性,使算法更快地跳出局部最优;算法后期则通过服从高斯分布的变异向量来提高解的精度,使算法性能得到提高。

## 5 结 论

本文分析了克隆选择的基本原理,针对变异的无方向性导致收敛速度和精度不高的问题,除建立抗体集外,同时建立了变异向量集合,在抗体进化的同时,对变异行为本身进行进化,从而保证算法能记忆和维持好的变异方向.该算法的主要步骤包括亲和度计算、变异体的适应度计算、选择、克隆、超变异、更新变异体集和消亡等,属随机优化算法,具有显示的并行性.通过8个典型测试函数对算法进行了仿真实验,与文献[4,7]以及CLONAL G算法的结果进行了比较.结果表明,本文算法具有很好的效果,在多数函数上的结果均优于其他算法。

对于本文提出的算法,其特点在于变异体集的建立和进化,对这个问题还需进一步研究.为了改进算法的性能,下一步拟开展的研究包括:

1) 在建立变异体集时,所采用的柯西分布函数和高斯分布函数在波形上比较类似,虽然柯西分布的多样性优于高斯分布,但本质上差别不大.利用更多的变异算子来建立和更新变异体集,实验不同算子对算法在收敛性和多样性上的影响,以期进一步提高算法的性能。

2) 变异体种群的规模对算法性能有何影响。

## 参考文献(References)

- [1] 莫宏伟. 人工免疫系统原理与应用[M]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学出版社, 2002.  
(Mo H W. The principles and applications of artificial immune systems [M]. Harbin: Harbin Institution of Technology Publishing Company, 2002.)
- [2] Leandro N de Castro, Fernando J Von Zuben. Learning and optimization using the clonal selection principle[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation Special Issue on Artificial Immune Systems, 2002, 6(3): 239-251.
- [3] Burnet F M. The clonal selection theory of acquired immunity[M]. London: Cambridge University Press, 1959.
- [4] 莫宏伟, 金鸿章. 用于函数优化的改进免疫克隆多样性算法[J]. 哈尔滨工程大学学报, 2004, 25(1): 76-79.  
(Mo H W, Jin H Z. The modified immune diversity algorithm used in function optimization[J]. J of Harbin Engineering University, 2004, 25(1): 76-79.)
- [5] 张著洪, 黄席樾. 一种新的免疫算法及其在多模态函数优化中的应用[J]. 控制理论与应用, 2004, 21(1): 17-21.  
(Zhang Z H, Huang X Y. Novel immune algorithm and its application to multi-modal function optimization[J]. Control Theory & Applications, 2004, 21(1): 17-21.)
- [6] Fabricio Olivetti de Franca, Fernando J Von Zuben, Leandro Nunes de Castro. An artificial immune network for multimodal function optimization on dynamic environments[C]. GECCO '05. Washington: GECCO, 2005: 289-296.
- [7] Vincenzo Cutello, Giuseppe Nicosia, Mario Pavone. Real coded clonal selection algorithm for unconstrained global optimization using a hybrid inversely proportional hypermutation operator [C]. SAC '06. France: SAC, 2006: 950-954.
- [8] Hansen N, Ostermeier A. Completely derandomized self-adaptation in evolution strategies[J]. Evolutionary Computation, 2001, 9(2): 159-195.
- [9] Petr Posik. Real-parameter optimization using the mutation step co-evolution [C]. IEEE Congress on Evolutionary Computation. Edinburgh: IEEE, 2005: 872-879.
- [10] Suganthan P N, Hansen N, Liang J J, et al. Problem definitions and evaluation criteria for the CEC 2005 special session on real-parameter optimization [R]. Singapore: Nanyang Technological University, 2005.
- [11] Simon M Garrett. Parameter-free, adaptive clonal selection [C]. IEEE Congress on Evolutionary Computation. Portland: IEEE, 2004: 1052-1058.

## 下 期 要 目

- 双目立体匹配算法的研究与进展 ..... 白明, 等
- 群决策中多阶段多元判断偏好的集结方法研究 ..... 朱建军, 等
- 决策树支持向量机多分类器设计的向量投影法 ..... 历小润, 等
- 二维混合模型与改进型重复控制器设计 ..... 吴敏, 等
- 一种精英退火微粒群算法 ..... 李军军, 等
- 基于核最优变换与聚类中心的雷达高分辨距离像识别 ..... 赵峰, 等
- 一种新的求解 TSP 解的 ACO & SS 算法设计 ..... 张晓霞, 唐立新